

**GEN *CYTOCHROME B* SEBAGAI PENANDA MOLEKULER IKAN
HIU DI TPI WEDUNG, KABUPATEN DEMAK**

TUGAS AKHIR

Diajukan untuk Memenuhi Sebagian Syarat Guna Memperoleh
Gelara Sarjana Sains (S.Si)
dalam Ilmu Biologi



Disusun oleh:

Abdullah Azam

NIM: 2008016054

**PROGRAM STUDI BIOLOGI
FAKULTAS SAINS DAN TEKNOLOGI
UNIVERSITAS ISLAM NEGERI WALISONGO
SEMARANG
2024**

**GEN *CYTOCHROME B* SEBAGAI PENANDA MOLEKULER IKAN
HIU di TPI WEDUNG, KABUPATEN DEMAK**

TUGAS AKHIR

**Diajukan untuk Memenuhi Sebagian Syarat Guna Memperoleh
Gelar Sarjana Sains (S.Si)
dalam Ilmu Biologi**



Disusun oleh:

Abdullah Azam

NIM: 2008016054

**PROGRAM STUDI BIOLOGI
FAKULTAS SAINS DAN TEKNOLOGI
UNIVERSITAS ISLAM NEGERI WALISONGO
SEMARANG
2024**

PERNYATAAN KEASLIAN

PERNYATAAN KEASLIAN

Yang bertanda tangan di bawah ini:

Nama : Abdullah Azam

NIM : 2008016054

Program Studi : Biologi

Menyatakan bahwa skripsi yang berjudul:

"Gen *Cytochrome b* Sebagai Penanda Molekuler Ikan Hiu Di TPI Wedung, Kabupaten Demak" Secara keseluruhan adalah penelitian/karya saya sendiri, kecuali bagian tertentu yang dirujuk sumbernya.

Semarang, 24 Juni 2024

Pembuat Pernyataan



Abdullah Azam

LEMBAR PENGESAHAN



KEMENTERIAN AGAMA REPUBLIK INDONESIA
UNIVERSITAS ISLAM NEGERI WALISONGO SEMARANG
FAKULTAS SAINS DAN TEKNOLOGI

Alamat: Jl.Prof. Dr. Hamka Semarang Telp. (024) 76433366

PENGESAHAN

Naskah skripsi berikut ini:

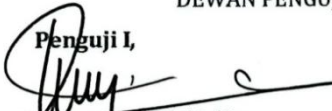
Judul Skripsi : "Gen *Cytochrome B* Sebagai Penanda
Molekuler Ikan Hiu Di Tpi Wedung,
Kabupaten Demak"
Penulis : Abdullah Azam
NIM : 2008016054
Program Studi : Biologi

Telah diujikan dalam sidang tugas akhir oleh Dewan Penguji Fakultas Sains dan Teknologi UIN Walisongo dan dapat diterima sebagai salah satu syarat memperoleh gelar sarjana dalam Ilmu Biologi.

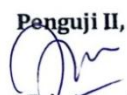
Semarang, 3 Juli 2024

DEWAN PENGUJI

Penguji I,


Dr. Hj. Nur Khasanah, S. Pd. M. Kes.
NIP. 1975111732005012001

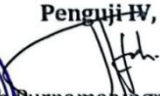
Penguji II,


Asri Febriana, M. Si
NIP. 198902012019032015

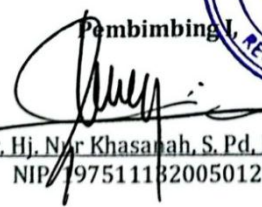
Penguji III,


Dr. Dian Ayu Ningsih, S. Pd. M. Biologi
NIP. 198412182014012004

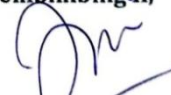
Penguji IV,


Apifah Purnamaningrum, M. Sc
NIP. 198905222019032010

Pembimbing I,


Dr. Hj. Nur Khasanah, S. Pd. M. Kes.
NIP. 1975111732005012001

Pembimbing II,


Asri Febriana, M. Si
NIP. 198902012019032015



NOTA DINAS

NOTA DINAS

Semarang, 24 Juni 2024

Yth. Ketua Program Studi Biologi
Fakultas Sains dan Teknologi
UIN Walisongo Semarang

Assalamu'alaikum Warohmatullahi Wabarokaatuh

Dengan ini diberitahukan bahwa saya telah melakukan bimbingan, arahan, dan koreksi naskah skripsi dengan:

Judul Skripsi : "Gen *Cytochrome B* Sebagai Penanda Molekuler Ikan Hiu Di Tpi Wedung, Kabupaten Demak"
Penulis : Abdullah Azam
NIM : 2008016054
Program Studi : Biologi

Saya memandang bahwa naskah skripsi tersebut sudah dapat diajukan kepada Fakultas Sains dan Teknologi UIN Walisongo Semarang untuk diujikan dalam sidang munaqosah.

Wassalamu'alaikum Warohmatullahi Wabarokaatuh

Pembimbing I



Dr. Hj. Nur Khasanah, S. Pd, M. Kes.
NIP. 197511132005012001

NOTA DINAS

NOTA DINAS

Semarang, 24 Juni 2024

Yth. Ketua Program Studi Biologi
Fakultas Sains dan Teknologi
UIN Walisongo Semarang

Assalamu'alaikum Warohmatullahi Wabarokaatuh

Dengan ini diberitahukan bahwa saya telah melakukan bimbingan, arahan, dan koreksi naskah skripsi dengan:

Judul Skripsi : "Gen *Cytochrome B* Sebagai Penanda Molekuler Ikan Hiu Di Tpi Wedung, Kabupaten Demak"
Penulis : Abdullah Azam
NIM : 2008016054
Program Studi : Biologi

Saya memandang bahwa naskah skripsi tersebut sudah dapat diajukan kepada Fakultas Sains dan Teknologi UIN Walisongo Semarang untuk diujikan dalam sidang munaqosah.

Wassalamu'alaikum Warohmatullahi Wabarokaatuh

Pembimbing II



Asri Febriana, M. Si

NIP. 198902012019032015

ABSTRAK

Indonesia merupakan salah satu negara dengan tingkat penangkapan hiu tertinggi di dunia. Penurunan populasi hiu sebesar 10% dalam sepuluh tahun akibat penangkapan berlebihan telah mengganggu keseimbangan trofik di ekosistem laut. Banyak hiu di Indonesia yang terancam punah dan belum diketahui spesies dan status konservasinya. Gen *Cytochrome b* merupakan salah satu gen di mitokondria yang dapat digunakan untuk mengidentifikasi hewan karena telah terstandarisasi dan efisien untuk identifikasi ikan. Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui efisiensi gen *Cyt b* dalam mengidentifikasi spesies hiu yang diperdagangkan di Tempat Pelelangan Ikan (TPI) Wedung, kabupaten Demak dan mengetahui variasi genetik hiu yang dibandingkan dengan data *Genbank*. Metode identifikasi spesies hiu dilakukan menggunakan metode morfologi dan molekuler dengan menganalisis gen *Cyt b*. Hasil *sampling*, diperoleh tiga ekor hiu dengan karakteristik morfologi yang sama dengan kode H1, H2, dan H3. Di antara ketiga sampel, hanya sampel H2 dan H3 yang dilanjutkan ke tahap analisis gen *Cyt b*, karena hasil ekstraksi DNA sampel H1 menunjukkan adanya kontaminan (*smear*). Hasil amplifikasi DNA menunjukkan hanya sampel H3 yang memenuhi kriteria untuk sekuensing, karena memiliki panjang yang sesuai target, yaitu 780 bp. Berdasarkan data elektroferogram dan BLAST menunjukkan sampel H3 teridentifikasi sebagai *Rhizoprionodon terraenovae* dengan *percent identity* sebesar 89%. Hasil ini didukung dengan data perbandingan morfologi dengan spesies *Carcharhinus leucas* dan *Carcharhinus falciformis* yang memiliki kemiripan dengan *R. terraenovae*. Hasil penelitian ini menunjukkan bahwa sampel H3 dapat diidentifikasi dengan menggunakan gen *Cyt b* dan memiliki variasi genetik yang tinggi dibandingkan dengan *R. terraenovae* dari *GenBank*.

Kata Kunci: Hiu, *Cytochrome b*, Tempat Pelelangan Ikan (TPI) Wedung

ABSTRACT

*Indonesia has one of the highest shark fishing rates in the world. A 10% decline in shark populations in ten years due to overfishing has disrupted the trophic balance in marine ecosystems. Many shark species in Indonesia are threatened with extinction, and their conservation status remains largely unknown. Cytochrome b gene is one of the genes in mitochondria that can be used to identify animals because it has been standardized and efficient for fish identification. This study aims to determine the efficiency of the Cyt b gene in identifying shark species traded at the Wedung Fish Auction Site (TPI), Demak district and to determine the genetic variation of sharks compared with Genbank data. Shark species identification was conducted using both morphological and molecular methods, with a focus on analyzing the Cyt b gene. The sampling results obtained three sharks with the same morphological characteristics with codes H1, H2, and H3. Among the three samples, only samples H2 and H3 were continued to the Cyt b gene analysis stage, because the DNA extraction results of sample H1 showed the presence of contaminants (smears). The DNA amplification results showed that only sample H3 had a target length of 780 bp. Based on electroferogram and BLAST data, sample H3 was identified as *Rhizoprionodon terraenovae* with a percent identity of 89%. This result is supported by morphological comparison data with the species *Carcharhinus leucas* and *Carcharhinus falciformis* which have similarities with *R. terraenovae*. The results of this study indicate that sample H3 can be identified using the Cyt b gene and has high genetic variation compared to *R. terraenovae* from GenBank.*

Keywords: *Shark, Cytochrome b, Wedung Fish Auction Place (TPI)*

TRANSLITERASI ARAB-LATIN

Penulisan transliterasi huruf-huruf Arab Latin dalam skripsi ini berpedoman pada SKB Menteri Agama dan Menteri Pendidikan dan Kebudayaan R.I. Nomor : 158/1987 dan Nomor : 0543b/U/1987. Penyimpangan penulisan kata sandang (al-) disengaja secara konsisten supaya sesuai teks Arabnya.

ا	A	ط	t}
ب	B	ظ	z}
ت	T	ع	'
ث	s\	غ	G
ج	J	ف	F
ح	h}	ق	Q
خ	Kh	ك	K
د	D	ل	L
ذ	z\	م	M
ر	R	ن	N
ز	Z	و	W
س	S	ه	H
ش	Sy	ء	'
ص	s}	ي	Y
ض	d}		

KATA PENGANTAR

Alhamdulillahirabbil'alamin, penulis panjatkan puji syukur kehadirat Allah SWT yang telah melimpahkan Rahmat dan nikmat kepada hamba-Nya, sehingga kita masih dalam ketetapan iman dan islam. Shalawat dan salam semoga selalu tercurahkan kepada junjungan kita nabi Muhammad Sholallahu 'alaihi Wasallam pembawa Rahmat bagi makhluk semesta alam yang senantiasa kita nantikan syafaatnya.

Terselesainya tugas akhir ini, penulis menyadari bahwa keberhasilan ini tidak lepas dari bantuan, bimbingan, dorongan, serta doa dari berbagai pihak. Oleh karena itu, penulis ingin menyampaikan ucapan terima kasih yang sebesar-besarnya kepada:

1. Bapak Prof. Dr. Nizar, M. Ag. selaku Rektor UIN Walisongo Semarang.
2. Bapak Prof Dr. H. Musahadi, M. Ag. selaku Dekan Fakultas Sains dan Teknologi UIN Walisongo Semarang.
3. Ibu Dr. Dian Ayuning Tyas, M. Biotech. selaku Ketua Program Studi Biologi UIN Walisongo Semarang.
4. Ibu Galih Kholifatun Nisa', M. Sc. selaku Sekretaris Program Studi Biologi UIN Walisongo Semarang.
5. Ibu Dr. Hj. Nur Khasanah, S.Pd, M.Kes. selaku dosen pembimbing I dan Ibu Asri Febriana M. Si. selaku dosen pembimbing II yang telah banyak membantu, meluangkan

waktu dan tenaganya untuk mengarahkan dan membimbing penulis selama proses pengerjaan tugas akhir ini.

6. Ibu Noor Amalia Chusna, M.Ling. selaku Dosen Wali yang senantiasa membimbing dan memberikan pengarahan dari semester pertama hingga sekarang ini.
7. Bapak dan Ibu Dosen, Pegawai, dan Staf akademik UIN Walisongo Semarang yang telah membagi ilmunya selama perkuliahan.
8. Orang Tua penulis, Bapak Sobirin dan Ibu Zubdatun yang senantiasa mencurahkan kasih sayang, perhatian, kesabaran dan do'a yang tulus serta memberi semangat dan dukungan baik moral maupun materil selama kegiatan perkuliahan.
9. Keluarga Besar Pondok Pesantren Al-Qur'an Al-Masthuriyah Semarang, Abah Zaenal, M. Ag. dan Ibu Nyai Ismah, M.pd selaku Pengasuh, serta pengurus dan santri yang kebersamaan dan menjadi tempat bertanya sekaligus bertukar ilmu.
10. Para Ustadz yang mengajar TPQ Al-Masthuriyah.
11. Teman-teman seperjuangan Biologi angkatan 2020 (*Bio sternum*) dan KKN Mandiri Misi Khusus Biologi yang kebersamaan dan menjadi tempat bertanya sekaligus bertukar ilmu.

12. Keluarga Besar HMJ Biologi dan UKM Risalah yang telah menemani dan mewarnai kehidupan perkuliahan dengan ilmu-ilmu yang beragam.
13. Sahabat dan teman yang telah meluangkan waktunya untuk membantu, Alfina, Dina Fatimah Pramusinta, Nazhifa Fairuz, Syariif Ahmad Ja'far Shodiq, Ayu Lailatun, Fauzi Akbar, Aptaarkhan Aurell Is Haque, Fitri Puji Astuti, Febri, Iwid, Elly, Lia, Faiza, Ahmad, Cahyono, Irfan, Indah, Diffa, Billa, Inna, dan yang lainnya.

Penulis mengucapkan terimakasih dan semoga keberkahan dari Allah SWT selalu tercurah, serta Allah SWT senantiasa meridhoi setiap langkah dan mengabulkan do'a-do'a mereka. Aamiin ya rabbal alamin.

Penulis menyadari bahwa dalam penulisan tugas akhir masih banyak kekurangan baik dalam sistematika penulisan, pemilihan diksi dan beberapa aspek di dalamnya. Penulis mengharapkan kritik dan saran konstruktif guna penyempurnaan tugas akhir ini. Semoga karya ini dapat memberikan manfaat bagi penulis dan pembaca. Aamiin ya rabbal alamin.

Semarang, 24 Juni 2024



Abdullah Azam
NIM. 2008016054

DAFTAR ISI

PERNYATAAN KEASLIAN	iii
LEMBAR PENGESAHAN.....	iv
NOTA DINAS.....	v
ABSTRAK.....	vii
TRANSLITERASI ARAB-LATIN.....	ix
KATA PENGANTAR.....	x
DAFTAR ISI	xiii
DAFTAR TABEL	xvi
DAFTAR GAMBAR.....	xvii
BAB I PENDAHULUAN.....	1
A. Latar Belakang.....	1
B. Rumusan Masalah.....	6
C. Tujuan.....	6
D. Manfaat.....	6
BAB II TINJAUAN PUSTAKA	9
A. Ikan Hiu	9
1. Definisi ikan hiu.....	9
2. Zoogeografi habitat hiu di Indonesia.....	14
3. Status konservasi.....	15
B. Hiu di TPI Wedung.....	16
C. Penanda Molekuler Gen <i>Cytochrome B</i>	17
D. Identifikasi Molekuler	20

1. Isolasi DNA	20
2. <i>Polymerase Chain Reaction</i> (PCR)	21
3. Elektroforesis	25
4. Sekuensing (Perunutan DNA).....	26
E. <i>Unity of Science</i>	28
F. Kajian Penelitian yang Relevan	31
G. Kerangka Berpikir.....	36
BAB III METODE PENELITIAN	37
A. Tempat dan Waktu Penelitian	37
B. Alat dan Bahan	37
C. Cara Kerja	38
1. <i>Sampling</i>	38
2. Isolasi DNA	39
3. Amplifikasi gen <i>Cytochrome b</i>	41
4. Visualisasi Hasil Amplifikasi dan Sekuensing	42
5. Analisis Data	43
BAB IV HASIL dan PEMBAHASAN	45
A. Deskripsi Hasil Penelitian.....	45
1. Lokasi sampling hiu	45
2. Identifikasi Morfologi.....	47
3. Identifikasi Molekuler.....	48
4. Zoogeografi <i>R. terraenovae</i>	58
B. Pembahasan	60
1. Lokasi <i>sampling</i>	60

2. Identifikasi Morfologi.....	62
3. Identifikasi Molekuler.....	65
4. Zoogeografi.....	72
BAB V PENUTUP	75
A. Kesimpulan.....	75
B. Saran.....	76
DAFTAR PUSTAKA	77
LAMPIRAN-LAMPIRAN	93

DAFTAR TABEL

Tabel 2.1. Kajian penelitian terdahulu yang relevan.....	31
Tabel 4.1. Hasil sampling	46
Tabel 4.2 Perbandingan Morfologi	47
Tabel 4.3. Hasil BLASTn H3 Indonesia	53

DAFTAR GAMBAR

Gambar 2.1. Bagian-bagian ikan hiu	12
Gambar 2.2. Gen Mitokondria	18
Gambar 2.3. Gen target <i>Cytochrome b</i>	19
Gambar 2.4. Kerangka Berpikir.....	36
Gambar 4.1. Peta Lokasi sampling	45
Gambar 4.2. <i>Sampling</i> ikan hiu	46
Gambar 4.3. Ikan hiu sampel H3.....	47
Gambar 4.4. Elektroforesis DNA hiu	48
Gambar 4.5. Hasil amplifikasi DNA hiu dengan penanda <i>Cyt b</i>	49
Gambar 4.6. Hasil sekuensing berupa peak elektroferogram yang baik pada sampel H3.....	51
Gambar 4.7. Hasil sekuensing berupa peak elektroferogram yang kurang baik pada ujung 5' <i>reverse</i>	51
Gambar 4.8. Hasil rekonstruksi H3 menggunakan <i>Neighbour-Joining</i> , Kimura-2-Parameter, dengan <i>bootstrap</i> 1000 kali pengulangan	57
Gambar 4.9. Jalur distribusi ikan hiu <i>R. Terraenovae</i> di garis pantai Meksiko	58
Gambar 4.10. Pergerakan arus hangat dan dingin di perairan dunia.....	59
Gambar 4.11. <i>Atlantic Sharose shark</i>	64

BAB I

PENDAHULUAN

A. Latar Belakang

Indonesia menyumbang lebih dari 10% tangkapan hiu global dan merupakan salah satu dari 40 negara penangkap hiu terbesar dengan total tangkapan sekitar 100 ton selama lebih dari satu dekade, berdasarkan data statistik *Food and Agriculture Organization* (FAO) tahun 2013 (Yulianto, 2018). Nelayan di Indonesia fokus menangkap hiu untuk mendapatkan keuntungan utama (*main catch*) dan tangkapan sampingan (*bycatch*). Perairan Indonesia kaya akan sumber daya perikanan, salah satunya adalah ikan hiu dan hiu merupakan konsumen tingkat teratas pada ekosistem laut yang terancam keberadaannya, karena nilai ekonominya yang cukup tinggi (Prasetyo *et al*, 2021). Hiu adalah *apex predator* (hiu sebagai puncak rantai makanan) di ekosistem laut, namun jumlah populasinya per tahun menurun drastis sebab penangkapan berlebih yang tidak terkendali dan permintaan tinggi untuk produk hiu di pasar internasional.

Penurunan populasi hiu berdampak negatif terhadap keseimbangan ekosistem laut, karena hiu berperan penting dalam mengontrol populasi mangsanya dan menjaga terumbu karang. Penurunan jumlah *apex predator* dapat memicu peningkatan populasi ikan mangsanya. Hal ini dapat

mengakibatkan penguasaan spesies tertentu atas sumber daya dalam suatu komunitas. Melonjaknya populasi ikan herbivora menyebabkan berkurangnya vegetasi laut, yang merupakan habitat ikan muda (*juvenil*) dan biota bentik lainnya (Permana, 2022). Penurunan vegetasi laut berdampak negatif terhadap ketersediaan makanan dan tempat tinggal bagi hiu muda, yang akhirnya menyebabkan penurunan populasi hiu.

Hiu tersebar di seluruh perairan Indonesia dan memiliki keragaman jenis yang tinggi (Alaydrus, 2014). Di Indonesia, tercatat 117 spesies hiu, delapan diantaranya terancam punah, yaitu: *Rhincodon typus*, *Sphyrna lewini*, *Sphyrna mokarran*, *Sphyrna zygaena*, *Carcharhinus longimanus*, *Carcharhinus falciformis*, *Alopias pelagicus*, *Alopias superciliosus* (Dharmadi, 2013). Menurut *International Union for Conservation of Nature* (IUCN) tahun 2020, spesies-spesies hiu ini masuk dalam kategori kritis (*Critically Endangered*) dan sangat berisiko punah di alam liar.

Perdagangan hiu internasional telah menjadi perhatian khusus bagi para konservasionis. *Convention on International Trade in Endangered Species of Wild Fauna and Flora* (CITES) adalah sebuah perjanjian internasional yang bertujuan untuk melindungi berbagai jenis tumbuhan dan hewan liar dari ancaman kepunahan akibat perdagangan yang tidak terkendali. CITES memiliki tiga *Appendix* yang mengklasifikasikan spesies berdasarkan tingkat ancaman kepunahannya akibat

perdagangan internasional. Klasifikasinya sebagai berikut: *Appendix I* mencakup spesies yang terancam punah; *Appendix II* mencakup spesies yang tidak terancam punah tetapi mungkin terancam punah jika tidak diatur perdagangannya; dan *Appendix III* mencakup spesies yang dilindungi oleh setidaknya satu negara. Hiu terdaftar dalam *Appendix II* CITES, berarti perdagangannya perlu diatur ketat untuk mencegah kepunahan (Aditya, 2017). Spesies yang termasuk *Appendix II* adalah spesies yang saat ini belum terancam punah, namun berpotensi terancam punah jika perdagangannya di Tempat Pelelangan Ikan tidak diatur dengan ketat.

Kabupaten Demak memiliki Tempat Pelelangan Ikan (TPI) Wedung, yang merupakan salah satu tempat perdagangan ikan di Jawa Tengah. Di TPI Wedung, banyak hiu yang didaratkan, tetapi sebagian besar spesies dan status konservasinya belum diketahui. Penangkapan hiu dalam skala besar mengakibatkan penurunan populasi beberapa spesies. Hiu umumnya hidup di wilayah bibir pantai hingga kedalaman 500 meter (White, 2006). Untuk melakukan upaya konservasi secara efektif, langkah awal adalah mengidentifikasi spesies hiu secara akurat. Identifikasi spesies hiu berdasarkan karakteristik fisiknya (morfologi) bisa menjadi tantangan, terutama untuk spesies hiu yang memiliki kesamaan bentuk dan corak tubuh. Pendekatan molekuler dapat digunakan sebagai alat bantu identifikasi spesies hiu.

Pendekatan molekuler dipilih sebagai metode identifikasi spesies dalam penelitian ini dikarenakan beberapa keunggulan. Keunggulan metode molekuler sebagai berikut: akurasi tinggi, sensitivitas tinggi, objektivitas, informasi genetik lengkap, aplikasi yang luas (David *et al*, 1996). Penggunaan DNA mitokondria (mtDNA) dipilih untuk identifikasi spesies pada organisme akuatik. *Consortium for The Barcode of Life* (CBOL) merekomendasikan Gen mitokondria yang dapat digunakan seperti *Nicotinamide Adenine Dinucleotide Hydrogen (NADH)*, *Cytochrome b (Cyt b)*, *Cytochrome Oxidase 1 (CO1)*, *Glyceraldehyde-3-phosphate Dehydrogenase Hydrogen (GAPDH)*, dan *Adenosina trifosfat (ACT)*. Penelitian ini secara khusus menggunakan Gen *Cytochrome b (Cyt b)* untuk identifikasi hiu. Pemilihan *Cyt b* didasarkan beberapa alasan, seperti: metode telah terstandarisasi dan efisien untuk identifikasi spesies hewan mamalia seperti hiu (Melnick, 1993). Informasi genetik yang diperoleh dari gen *Cyt b* dapat memberikan wawasan mengenai keragaman genetik dan adaptasi terhadap perubahan lingkungan. Sebagaimana dinyatakan oleh Nei (1987), sebagian kecil genom suatu spesies dapat digunakan untuk mengidentifikasi dan mengkarakterisasi spesies tersebut. Pendekatan molekuler untuk menganalisis gen *Cyt b* terbukti menjadi metode yang efektif dan dapat diandalkan untuk membedakan spesies tertentu secara spesifik (Kusnadi, 2020). Analisis DNA *barcoding* memanfaatkan gen *Cyt b*

sebagai penanda molekuler dapat memperkuat data yang diperoleh dari metode morfologi.

Berdasarkan pengamatan, sistem penyimpanan data *Genbank* menunjukkan bahwa informasi tentang spesies hiu di Indonesia masih minim. Hal tersebut diperkuat dengan data yang dipublikasikan oleh IUCN, yang menunjukkan *Data critically endangered* (CR) untuk beberapa spesies hiu di Indonesia (Mopay *et al*, 2020). Data molekuler berperan penting dalam identifikasi spesies dan konservasi genetik. Penelitian ini menggunakan sekuen *Cyt b* sebagai penanda mtDNA hewan yang disarankan oleh CBOL untuk DNA *barcoding*. Gen *Cyt b* dipilih karena memiliki beberapa keunggulan, seperti: universalitas tinggi, sifat konservatif, dan mudah dalam aplikasinya. Identifikasi hiu menggunakan gen *Cyt b* diharapkan mampu memberikan data terkait keanekaragaman spesies hiu di Indonesia, terutama di Demak melalui pendekatan molekuler serta morfologi. Selain itu, data yang diperoleh diharapkan dapat memberikan informasi terkait variasi genetik sekuen *Cyt b* pada hiu.

B. Rumusan Masalah

Berdasarkan permasalahan pada latar belakang yang telah ditemukan, maka rumusan masalah dalam penelitian ini sebagai berikut:

1. Apakah penanda gen *Cyt b* efisien dalam mengidentifikasi ikan hiu?
2. Bagaimana variasi genetik hiu menggunakan penanda gen *Cyt b*?

C. Tujuan

Berdasarkan rumusan masalah yang diajukan pada penelitian ini, maka tujuan penelitian sebagai berikut:

1. Mengetahui efisiensi penanda gen *Cyt b* dalam mengidentifikasi ikan hiu.
2. Mengetahui banyaknya variasi genetik dalam gen *Cyt b* pada hiu yang disandingkan kekerabatan ikan hiu dari data *GenBank*.

D. Manfaat

1. Bagi Peneliti

- a. Menambah pengetahuan dan keterampilan mahasiswa dalam isolasi DNA dan molekuler.
- b. Menambah pengetahuan dan keterampilan dalam mengidentifikasi hasil sekuensing DNA.

2. Bagi Instansi

- a. Penelitian ini diharapkan dapat menjadi acuan bagi

penelitian selanjutnya yang relevan untuk uji identifikasi menggunakan pendekatan molekuler.

- b. Mendukung pengembangan penemuan variasi genetik dari data penelitian sebelumnya, sebagai perbandingan genetik ikan hiu.
- c. Hasil penelitian ini diharapkan dapat dimanfaatkan sebagai media pembelajaran di bidang bioteknologi khususnya molekuler.

3. Bagi Masyarakat

1. Penelitian ini diharapkan dapat menjadi sumber pengetahuan tentang konservasi dan pengetahuan masyarakat terkait menjaga populasi ikan hiu.
2. Meningkatkan kesadaran masyarakat dalam mengelola sumber daya ikan hiu secara berkelanjutan, dengan memahami keanekaragaman spesies dan populasi ikan hiu.

4. Bagi Keanekaragaman Hayati

- a. Penelitian ini diharapkan memberikan informasi penting mengenai keragaman genetik ikan hiu yang dapat dimanfaatkan untuk mendukung upaya konservasi dan pengelolaan sumber daya perikanan yang berkelanjutan.
- b. Membuka peluang untuk menemukan spesies baru di TPI Wedung atau spesies yang belum pernah dideskripsikan sebelumnya, sehingga memberikan

kontribusi penting dalam menambah keanekaragaman spesies hiu di kawasan tersebut.

- c. Informasi tentang spesies ikan hiu dan pentingnya Konservasi.

BAB II

TINJAUAN PUSTAKA

A. Ikan Hiu

1. Definisi ikan hiu

Hiu adalah kelompok hewan yang termasuk dalam kelas bertulang rawan (*Chondrichthyes*) (Mack, 2008). Ikan hiu berperan penting dalam menjaga ekosistem laut dengan bertindak sebagai predator puncak dalam rantai makanan (Aditya, 2017). Hiu memangsa ikan yang lebih kecil dan hewan yang lebih lemah. Kemampuan hiu dapat mengendalikan populasi di tingkat bawah rantai makanan, sehingga hiu menjadi penjaga keseimbangan ekosistem laut. Perkembangbiakan hiu membutuhkan waktu yang relatif lama, sekitar 12 sampai 15 tahun untuk mencapai masa kematangan seksual. Meski kebanyakan hiu hidup dalam laut dingin, namun sebagian hiu dapat ditemukan di bibir pantai dan perairan hangat (Efendi, 2019).

Hiu dikenal sebagai hewan yang memiliki siklus hidup yang panjang dan proses perkembangan yang unik. Dibandingkan dengan hewan vertebrata lainnya, hiu membutuhkan waktu lama untuk mencapai kedewasaan. Proses pematangan seksual pada hiu umumnya terjadi antara 10 hingga 15 tahun. Durasi ini dapat bervariasi tergantung pada spesies, jenis kelamin, dan kondisi lingkungan. Setelah

mencapai kematangan seksual, hiu betina akan mengalami periode kehamilan yang panjang, biasanya berlangsung selama 6 sampai 9 bulan. Selama masa kehamilan, embrio hiu berkembang di dalam kantung telur yang disebut kapsul telur. Kapsul telur ini terhubung ke tubuh induk hiu melalui tali pusar, yang menyediakan nutrisi dan oksigen bagi embrio yang sedang berkembang (Bennett, 2005). Hiu dilahirkan dalam keadaan hidup dan mandiri. Hiu muda ini sudah memiliki kemampuan berenang dan berburu untuk mencari makan. Namun, mereka masih membutuhkan waktu beberapa tahun untuk mencapai ukuran dan kekuatan yang optimal.

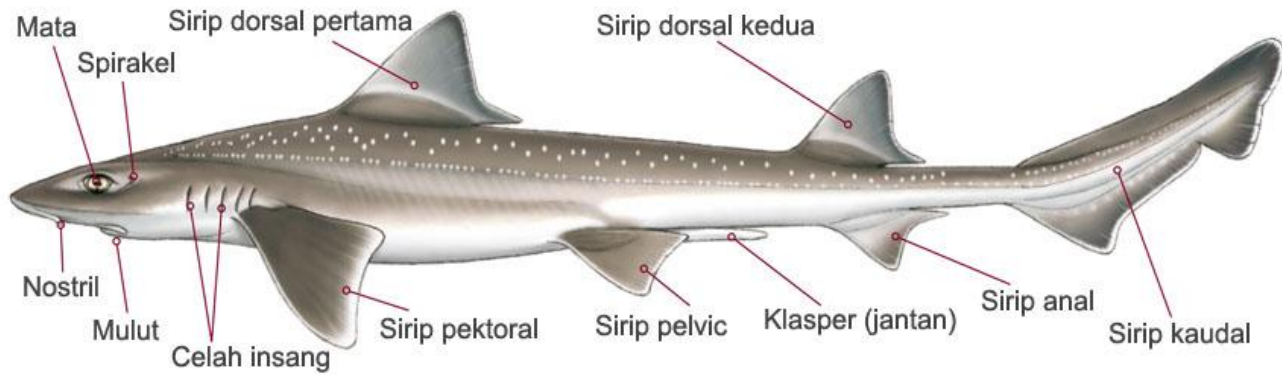
Salah satu ciri khas hiu adalah kerangkanya yang terbuat dari tulang muda yang disebut tulang rawan. Tulang rawan ini jauh lebih ringan dan fleksibel dibandingkan dengan tulang keras yang ditemukan pada hewan vertebrata lainnya. Keunggulan tulang rawan ini memungkinkan hiu untuk bergerak dengan lincah dan gesit di dalam air (Dharmadi, 2013). Namun, seiring bertambahnya usia, tulang rawan pada hiu secara bertahap akan mengeras dan menjadi lebih kaku. Hal ini memberikan hiu kekuatan dan ketahanan yang lebih besar, serta membantu mereka untuk melindungi organ-organ vitalnya. Karakteristik umum ikan hiu seperti tubuhnya lonjong, banyak sirip, dan ekor heterocercal, dapat dilihat pada Gambar 2.1.

Klasifikasi hiu (Compagno, 1984):

- Kingdom : Animalia
Subfilum : Vertebrata
Kelas : Chondrichthyes
Subkelas : Elasmobranchii
Ordo : Carcharhiniformes (*ground sharks*)
Heterodontiformes (*bullhead sharks*)
Hexanchiformes (*frilled/cow sharks*)
Lamniformes (*mackerel sharks*)
Orectolobiformes (*carpet sharks*)
Pristiophoriformes (*sawsharks*)
Squaliformes (*dogfish sharks*)
Squatiniiformes (*angel sharks*)

Hiu memiliki ciri fisik secara umum yang membantu identifikasi (Raharjo, 2009), yaitu sebagai berikut:

- a. Tubuhnya berbentuk segitiga lonjong dan memanjang.
- b. Memiliki celah insang yang terletak di sisi kepala dan berjumlah 5-7 celah.
- c. Mulut terletak di bagian ujung terdepan bagian bawah.
- d. Ekor pada umumnya berbentuk *heterocercal* yaitu bentuk cagak dengan cuping bagian atasnya lebih berkembang dibanding bagian cuping bawahnya.



Gambar 2.1. Bagian-bagian hiu
(Blanc, 2019)

Ikan hiu memiliki struktur tubuh yang kompleks dan luar biasa, terdiri dari berbagai bagian yang memainkan peran khusus dalam kelangsungan hidupnya di ekosistem laut. Moncongnya yang menonjol ke depan membentuk bagian kepala, dilengkapi dengan nostril yang berfungsi sebagai organ untuk merasakan bau dan rasa dalam air. Mulutnya yang besar dan tajam berperan sebagai alat makan yang efisien, sedangkan matanya yang tajam merupakan organ vital untuk mendeteksi mangsa dan navigasi di bawah air. Spirakel dan insang yang terletak di sisi tubuh hiu memungkinkan mereka untuk bernapas di dalam air secara efisien.

Sirip dorsal I dan dorsal II yang terletak di punggung membantu dalam menjaga keseimbangan dan manuver saat berenang. Sirip pektoral dan *pelvis* yang terletak di bagian samping tubuh mendukung navigasi dan pergerakan hiu, sementara sirip anal yang terletak di bagian bawah ekor membantu menjaga keseimbangan saat berenang. Sirip kaudal, atau sirip ekor, menjadi alat utama untuk pergerakan dan mengatur kecepatan hiu saat berburu atau melarikan diri dari predator. *Clasper*, organ yang terletak di dekat sirip panggul pada hiu jantan, berperan penting dalam menentukan jenis kelamin dan sebagai alat reproduksi saat kawin. Struktur tubuh yang kompleks dan teradaptasi dengan

baik ini menjadikan hiu sebagai predator puncak yang sukses di lautan (Setiati, 2021).

2. Zoogeografi habitat hiu di Indonesia

Indonesia memiliki kekayaan hayati laut yang luar biasa, termasuk keanekaragaman hiu yang tidak biasa. Sebanyak 117 spesies hiu telah teridentifikasi hidup di perairan Indonesia, tersebar di berbagai habitat, mulai dari perairan teritorial, zona ekonomi eksklusif, hingga air tawar seperti sungai dan danau (Darmawan, 2012). Kebanyakan hiu di Indonesia cenderung memilih habitat di dekat pantai dan di wilayah laut yang tidak terlalu dalam. Namun, beberapa spesies hiu juga dapat ditemukan di habitat yang lebih ekstrim, seperti hiu paus yang berenang di lautan lepas dan hiu karang yang hidup di terumbu karang. Hiu-hiu ini tersebar di berbagai wilayah laut Indonesia, seperti Samudra Hindia, Selat Sunda, dan Laut Cina Selatan (Dharmadi, 2013).

Keanekaragaman hiu di Indonesia sangat kaya, tidak hanya terbatas pada jumlah spesiesnya. Keunikan karakteristik dan peran penting dalam ekosistem laut. Berikut beberapa spesies hiu yang ditemukan di perairan Indonesia adalah: *Carcharhinus amblyrhynchos*, *C. brevipinna*, *C. falciformis*, *C. limbatus*, *C. sorrah*, dan *C. leucas*. Setiap spesies memiliki ciri khas tersendiri, baik dari segi bentuk tubuh, pola makan, habitatnya, adaptasi dan perilaku yang berbeda.

3. Status konservasi

Status konservasi merupakan sebuah indikator tingkat kepunahan suatu spesies makhluk hidup, yang mencerminkan keberadaannya di masa kini dan masa depan. Penetapan status konservasi dilakukan oleh lembaga pemerintah atau lembaga swadaya masyarakat yang memiliki kepedulian terhadap kelestarian makhluk hidup (Sutejo, 2018). Dua acuan utama dalam menetapkan status konservasi adalah *The IUCN Red List of Threatened Species* dan *CITES Appendix*. IUCN berperan penting dalam memberikan indikator kesehatan keanekaragaman hayati global, menyediakan informasi dan rekomendasi terkait upaya konservasi, serta mendorong perubahan kebijakan yang esensial untuk melindungi sumber daya alam.

Daftar Merah IUCN merupakan suatu inventarisasi komprehensif yang menyajikan data mengenai status konservasi spesies di seluruh dunia. Informasi yang termuat didalamnya mencakup sebaran geografis, ukuran populasi, habitat alami dan peranan ekologis, serta ancaman yang dihadapi suatu spesies. Daftar Merah IUCN juga menyusun rekomendasi tindakan konservasi yang diperlukan untuk melindungi spesies-spesies yang terancam punah. Dengan demikian, Daftar Merah IUCN menjadi rujukan penting bagi para ilmuwan, pembuat kebijakan, dan pihak-pihak terkait

lainnya dalam merancang strategi konservasi yang efektif dan berkelanjutan (Sumarto *et al*, 2012).

B. Hiu di TPI Wedung

Tempat Pelelangan Ikan (TPI) Wedung menjadi tempat pendaratan berbagai jenis hiu, termasuk *Carcharhinus brevipinna*, *C. longimanus*, *C. salei*, *C. falciformis*, *C. punctatum*, dan *Alopias pelagicus*. Selama periode Juni hingga September, jumlah individu setiap spesies yang didaratkan bervariasi, sebagai berikut: *C. brevipinna* (6 ekor), *C. longimanus* (4 ekor), *C. salei* (7 ekor), *C. falciformis* (2 ekor), *C. punctatum* (3 ekor), dan *Alopias pelagicus* (1 ekor) (Erlinda, 2020). Menariknya, meskipun jumlahnya berbeda-beda, sebagian besar hiu yang tertangkap masih dalam tahap juvenil dengan ukuran rata-rata sekitar 30 cm.

Aktivitas penangkapan ikan hiu umumnya berlangsung sepanjang tahun, namun intensitasnya cenderung meningkat pada periode tertentu yang sering disebut sebagai musim penangkapan. Faktor cuaca sangat mempengaruhi keberhasilan penangkapan. Kondisi cuaca yang baik, seperti ombak tenang dan angin rendah, memungkinkan nelayan melaut lebih jauh dan lebih lama. Menurut Fahmi dan Dharmadi (2013), bulan Juni hingga September sering dianggap sebagai musim puncak penangkapan hiu.

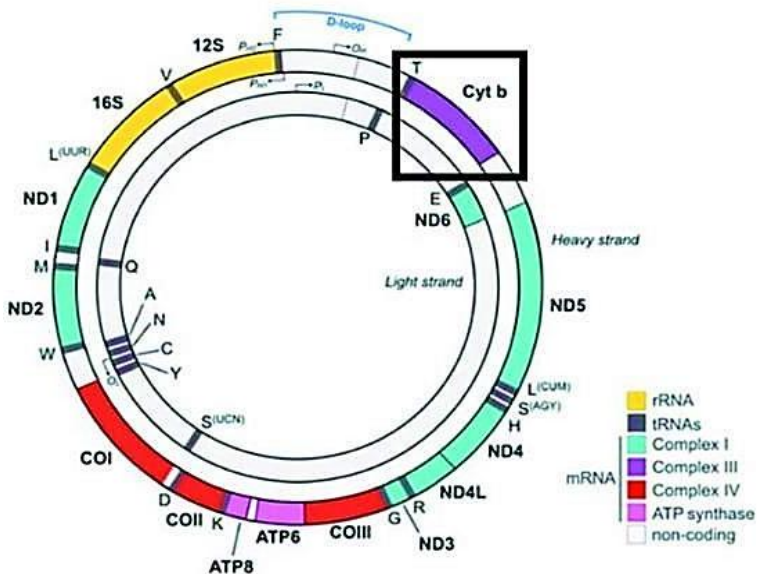
Hiu memiliki potensi ekonomis yang cukup tinggi sehingga sering menjadi target penangkapan. Selain dikonsumsi langsung oleh masyarakat, daging hiu sering diolah menjadi produk olahan seperti ikan asap. Bagian tubuh lainnya seperti sirip, tulang, dan minyak juga memiliki nilai ekonomis yang signifikan (Annisa, 2022). Tingginya permintaan pasar terhadap sirip hiu telah mendorong praktik penangkapan yang tidak berkelanjutan, sehingga mengancam kelestarian beberapa spesies hiu.

C. Penanda Molekuler Gen *Cytochrome B*

DNA mitokondria mengandung gen *Cytochrome b*. Gen *Cyt b* adalah komponen penting dalam kompleks III dari rantai transpor elektron. Gen ini terdiri dari delapan *heliks* transmembran yang terhubung melalui domain *intramembran* atau *ekstra membran* (Wijayanti, 2006). Gen *Cyt b* adalah salah satu gen yang ada pada DNA mitokondria yang sering digunakan dalam analisis DNA untuk menentukan spesies. Gen *Cyt b* digunakan untuk merekonstruksi hubungan individu pada tingkat spesies, karena memiliki sifat yang lebih konservatif dibandingkan dengan gen lain (Fitriani, 2018).

Gen *Cyt b*, yang terletak pada DNA mitokondria dapat dilihat pada Gambar 2.2., umum digunakan untuk mempelajari variasi genetik pada tingkat jenis maupun marga pada berbagai kelompok vertebrata, seperti mamalia, burung,

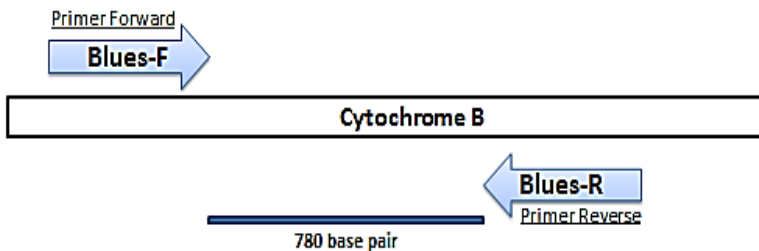
reptil, dan ikan. Pada jenis-jenis ikan, gen *Cyt b* menunjukkan tingkat variasi genetik yang tinggi pada tingkat sekuen, yaitu sekitar 28% (Garci *et al*, 2000). Hal ini berarti bahwa terdapat banyak perbedaan dalam urutan nukleotida gen *Cyt b* antar spesies ikan, yang dapat digunakan untuk membedakan spesies dan mempelajari hubungan evolusi antar spesies.



Gambar 2.2. Gen Mitokondria
(Chromin, 2003)

Mitokondria DNA merupakan DNA ekstra kromosom yang terdapat pada mitokondria, terdiri dari dua bagian utama: daerah penyandi (*coding region*) dan daerah bukan penyandi (*non-coding region*). Daerah penyandi mengandung 37 gen yang mengkode protein, rRNA, dan tRNA. Gen-gen penyandi

protein dalam DNA mitokondria berperan penting dalam berbagai proses metabolisme sel, seperti respirasi seluler dan sintesis asam amino. Daerah bukan penyandi memiliki daerah yang mengatur proses transkripsi dan replikasi genom mitokondria. DNA mitokondria memiliki dua untai yang berbeda, yaitu utas ringan (*L-strand*) dan utas berat (*H-strand*). Utas ringan terdiri dari 9 gen, termasuk 1 gen penyandi protein (ND6) dan 8 gen penyandi tRNA. Utas berat terdiri dari 12 gen penyandi protein (NADH *dehydrogenase* (ND)1, ND2, ND3, ND4, ND5, ND4L, *Cytochrome Oxidase I* (COI), COII, COIII, *Cytochrome b* (Cyt *b*), *Adenosine Triphosphate* (ATPase) 6, dan ATPase (Rahman, 2010).



Gambar 2.3. Gen target *Cytochrome b*
(Leone, 2017)

Gen *Cyt b* merupakan salah satu gen yang ditemukan di DNA mitokondria yang sering digunakan sebagai penanda genetik untuk identifikasi spesies, karena mempunyai tingkat universalitas, bersifat *conserved* (lestari) dan mudah dalam amplifikasinya. Gen sekuen *Cyt b* lengkap dari beberapa spesies hiu dapat diunduh dari *GenBank*. Sekuen ini

disejajarkan dengan *ClustalW v.2.0.11* pada aplikasi MEGA 11 (Thompson et al, 1994). Setelah penjajaran untuk gen *Cyt b* diperoleh, dan untuk memungkinkan identifikasi jumlah spesies sebanyak mungkin, dilanjutkan mencari fragmen yang memiliki variasi tinggi antara spesies yang mungkin diapit oleh daerah yang lebih *conserved* (Kolondam, 2020).

D. Identifikasi Molekuler

1. Isolasi DNA

Isolasi DNA adalah proses ekstraksi dengan membuang selnya, cara lainnya adalah dengan membuang bagian tertentu dari sel seperti protein dan RNA, dan cara terakhir adalah dengan menyatukan DNA (Muladno, 2010). Tahapan Isolasi DNA dimulai dengan pengambilan sampel (preparasi sampel), lisis, presipitasi, *washing*, dan *elusi*. Ekstraksi DNA dengan cara menghancurkan sampel dan memisahkan DNA dari membran selnya. Tahap lisis menggunakan metode kimia atau enzimatik. Pemisahan protein dengan DNA dilakukan dengan menambahkan proteinase K yang dapat mengendapkan protein. Tahap *Washing* adalah proses pemisahan DNA dari komponen sel lainnya yang bertujuan untuk menjaga kemurnian DNA dan mencegah inhibisi enzim. Pada tahap elusi, DNA yang sudah relatif murni masih terikat pada membran atau matriks tertentu. Tahap elusi bertujuan untuk melepaskan DNA dari matriks tersebut (Holmes *et al.*,

2008). DNA yang telah dimurnikan dan bebas dari kontaminan makromolekul dapat langsung diaplikasikan pada reaksi PCR (*Polymerase Chain Reaction*) dan analisis elektroforesis gel agarosa.

2. *Polymerase Chain Reaction* (PCR)

Teknik PCR adalah metode *in vitro* yang digunakan untuk menggandakan fragmen DNA secara spesifik. Teknik ini didasarkan pada replikasi DNA secara enzimatik, dimana enzim DNA polimerase berperan penting dalam prosesnya (Ghanam, 2022). PCR memanfaatkan primer, yaitu segmen DNA pendek yang dirancang untuk menempel pada urutan target DNA asli. Primer ini mengarahkan enzim DNA polimerase untuk memperbanyak fragmen DNA target secara spesifik. Proses PCR berlangsung melalui siklus termal yang terdiri dari tiga tahap utama: denaturasi, *annealing*, dan ekstensi (joshi, 2011).

Menurut Handoyo dan Rudiretna (2001) komponen utama yang diperlukan untuk proses PCR, antara lain:

- a. DNA *template* adalah DNA yang akan digandakan.
- b. Primer adalah oligonukleotida pendek yang berfungsi sebagai titik awal dan akhir untuk sintesis DNA baru.
- c. *Buffer* adalah larutan kimia yang akan mempertahankan pH yang tepat dan menjaga kestabilan suhu selama siklus PCR.

- d. *Deoxynucleoside triphosphates* (dNTPs) adalah monomer nukleotida yang menyediakan dasar untuk sintesis DNA baru.
- e. Enzim *Taq polimerase* adalah enzim DNA yang stabil dan tahan terhadap suhu tinggi.
- f. Enzim restriksi adalah enzim yang membantu proses pemotongan DNA setelah amplifikasi.
- g. *Double-distilled water* (ddH₂O) adalah jenis air murni tanpa mineral dan steril, untuk mencegah adanya pengotor yang dapat mengganggu reaksi PCR dan berpengaruh pada hasil amplifikasi DNA. Fungsi ddH₂O melindungi enzim dan memastikan fungsi enzim berjalan dengan baik.

Proses sintesis dan amplifikasi untai DNA yang menggunakan enzim *Taq polimerase* perlu disesuaikan terlebih dahulu dengan *buffer* dan DNA *template*. Penggunaan volume DNA yang berlebih dapat menghasilkan produk yang tidak spesifik (Mohsen, 2019). Proses ini melibatkan beberapa komponen penting, yaitu enzim *Taq polimerase*, *buffer* PCR, *deoxynucleoside triphosphates* (dNTPs), dan ion Mg²⁺. Pertama, enzim *Taq polimerase* berperan penting dalam proses sintesis DNA baru. Enzim ini mampu mengikat primer dan template DNA, serta sintesis untai DNA baru yang komplementer dengan *template*. Kedua, *buffer* PCR menyediakan lingkungan yang optimal bagi enzim *Taq*

polimerase untuk bekerja dengan efisien. *Buffer* ini membantu menjaga pH yang stabil dan menyediakan ion-ion yang diperlukan untuk aktivitas enzim. Penggunaan *buffer* yang tepat dapat meningkatkan akurasi dan spesifisitas hasil PCR. Ketiga, dNTPs merupakan bahan baku utama dalam proses sintesis DNA. dNTPs terdiri dari dATP (*deoxyadenosine triphosphat*), dGTP (*deoxyguanosine triphosphate*), dCTP (*deoxycytocromeidine triphosphate*), dan dTTP (*deoxythymidine triphosphate*), yang masing-masing mewakili nukleotida adenin, guanin, sitosin, dan timin. dNTPs diikat oleh enzim *Taq polimerase* ke ujung 3' primer dan dipolimerisasi untuk menghasilkan untai DNA baru. Keempat, ion Mg^{2+} berperan sebagai kofaktor yang penting untuk aktivitas enzim *Taq polimerase*. Ion Mg^{2+} membantu enzim untuk mengikat dNTPs dan DNA *template*, serta meningkatkan stabilitas struktur kompleks enzim dengan DNA. Kelima, reaksi PCR memerlukan pH optimal agar berjalan dengan lancar. Oleh karena itu, penggunaan *buffer* PCR yang tepat sangat penting untuk memastikan pH yang sesuai dan mendukung aktivitas enzim *Taq polimerase*. (Schmid, 2014).

Menurut Ovenden (2019), pada teknik PCR terdapat lima tahapan sebagai berikut:

a. Pra-denaturasi

Sebelum tahap PCR utama dimulai, satu tahapan yang disebut pra denaturasi. Tahap ini dilakukan selama 2-10 menit dengan suhu 94°C untuk memastikan target molekul DNA yang akan dilipat gandakan.

b. Denaturasi

Denaturasi adalah proses pada PCR yang melakukan pemisahan memisahkan rantai ganda menjadi untai tunggal. Suhu denaturasi tinggi dapat memutus ikatan hidrogen antara basa-basa komplemen, membuka DNA untai ganda menjadi dua untai tunggal. Suhu ideal untuk denaturasi adalah 94°C selama 30 detik.

c. *Annealing*

Pada tahap *Annealing*, primer menempel pada rantai tunggal DNA, menuju daerah DNA template tertentu dan komplemen dengan urutan primer. Pada ujung 3', kedua primer memberikan gugus hidroksil bebas, dan kemudian terbentuk ikatan hidrogen antara primer dan *template*. *Annealing* terjadi pada suhu 60°C selama 30 detik.

d. Ekstensi

Tahap ekstensi atau polimerisasi terjadi pada suhu 72°C selama 30 detik. Selama proses ini, dNTPs ditambahkan, untai DNA baru dari sampel dipecahkan

dari posisi primer yang telah menempel menuju ujung 5'-3'.

e. Ekstensi lanjutan

Setelah ekstensi, hasil PCR akan disimpan dan didinginkan pada suhu sekitar 72°C selama 5 menit. Pada tahap ini, akan benar-benar memastikan bahwa siklus PCR telah selesai dan dapat dilanjutkan.

3. Elektroforesis

Elektroforesis adalah proses pemisahan molekul berdasarkan ukuran partikelnya dengan bantuan medan listrik. Teknik ini umum digunakan untuk pemisahan, pemurnian, dan karakterisasi protein, DNA, dan RNA. Berdasarkan ukuran dan muatannya, molekul akan bergerak menuju elektroda dengan kecepatan yang berbeda selama elektroforesis (Barker, 1998). Elektroforesis gel agarosa adalah metode yang umum digunakan untuk memisahkan dan memurnikan DNA dan RNA. Medan listrik membantu pemisahan molekul asam nukleat yang kecil. Ketika medan listrik diterapkan, molekul bermuatan negatif, seperti DNA, akan bergerak menuju elektroda positif (*anoda*) sementara molekul yang lebih besar bergerak lebih lambat dari pada molekul yang lebih kecil. Faktor-faktor yang mempengaruhi elektroforesis gel agarosa antara lain konsentrasi gel,

kekuatan medan listrik, dan jenis *buffer* yang digunakan (Gummadi, 2020).

4. Sekuensing (Perunutan DNA)

Sekuensing adalah proses menentukan urutan nukleotida (adenin, sitosin, guanin, dan timin) dalam molekul DNA. Urutan nukleotida ini, yang juga disebut sebagai sekuen DNA, mengkode informasi penting tentang gen atau genom suatu makhluk hidup yang memungkinkannya untuk berkembang biak. Melalui sekuensing dapat diperoleh beberapa manfaat, termasuk identifikasi spesies, taksonomi, filogeni, fungsi gen, serta estimasi keragaman genetik antar spesies (Hartatik, 2021; Yamani *et al.*, 2022). Teknik ini memungkinkan untuk membandingkan sekuen DNA yang sudah teridentifikasi dengan yang lainnya, seperti mempelajari hubungan evolusi antar spesies.

Prinsip dasar dalam sekuensing menggunakan metode Maxam-gilbert, Sanger, dan *Dye terminator*, dengan memanfaatkan teknik PCR. Hal ini memberikan landasan bagi pemahaman mendalam terhadap berbagai aspek biologi, seperti evolusi, dimana sekuensing dapat digunakan untuk melacak perubahan gen dan spesies dari waktu ke waktu, adaptasi dan untuk mempelajari bagaimana organisme beradaptasi dengan lingkungannya, dan hubungan kekerabatan antar organisme, dimana sekuensing DNA dapat

digunakan untuk membangun pohon filogenetik yang menunjukkan hubungan evolusi antar spesies (Hartatik, 2021; Yamani *et al.*, 2022).

Metode Sanger menerapkan prinsip amplifikasi rantai DNA dengan menggunakan DNA *template* dan primer spesifik. Primer spesifik dirancang untuk mengikat pada urutan DNA target yang ingin diamplifikasi. ddNTPs (*dideoxynucleotide triphosphates*) digunakan sebagai pereaksi dalam metode Sanger dan merupakan modifikasi dari dNTPs (*deoxyribonucleotise triphosphates*) yang biasa digunakan dalam replikasi DNA, dengan perbedaan pada gugus 3'-OH pada *ribose*. Menurut Fatchiyah (2008), ketidakhadiran gugus 3'-OH pada dNTPs ini menghentikan pemanjangan untai DNA setelah penggabungan dNTPs ke dalam untai yang sedang tumbuh.

Penggunaan dNTPs dalam metode Sanger menghasilkan sejumlah fragmen DNA dengan panjang yang berbeda, dimana panjang fragmen ditentukan oleh posisi penggabungan dNTPs tersebut. Fragmen-fragmen DNA ini kemudian dipisahkan berdasarkan ukurannya dengan menggunakan elektroforesis gel dan divisualisasikan dengan menggunakan teknik *autoradiografi* atau *fluorescent dye* menggunakan *Gel document* (Hartatik, 2021; Yamani *et al.*, 2022). Metode Sanger memiliki banyak aplikasi dalam berbagai bidang,

seperti diagnosis penyakit genetik, forensik, dan penelitian biologi molekuler.

E. *Unity of Science*

Studi mengenai hubungan antara Al-Qur'an dan sains telah menarik perhatian banyak ahli. Salah satu contoh yang menarik adalah penyebutan ikan dalam surat An-Nahl. Ayat ini tidak hanya berbicara tentang keberadaan ikan, tetapi juga menyiratkan pengetahuan ilmiah tentang ekosistem laut. Keanekaragaman ikan di Indonesia merupakan anugerah yang tak ternilai. Sebagaimana tertulis dalam Al-Qur'an surat An-Nahl ayat 14, sebagai berikut:

وَهُوَ الَّذِي سَخَّرَ الْبَحْرَ لِتَأْكُلُوا مِنْهُ لَحْمًا طَرِيًّا وَتَسْتَخْرِجُوا مِنْهُ حِلْيَةً تَلْبَسُونَهَا وَتَرَى الْفَلَكَ مَوَاجِرَ فِيهِ وَلِيَبْتَلِيَكُمْ فِيهِ مِنْ فَضْلِهِ وَلَعَلَّكُمْ تَشْكُرُونَ

Artinya: "Dialah yang menundukkan lautan (untukmu) agar kamu dapat memakan daging yang segar (ikan) darinya dan (dari lautan itu) kamu mengeluarkan perhiasan yang kamu pakai. Kamu (juga) melihat perahu berlayar padanya, dan agar kamu mencari sebagian karunia-Nya, dan agar kamu bersyukur" (Q.S. An-Nahl, ayat 14).

Ayat tersebut menyiratkan bahwa Allah menundukkan lautan untuk manusia, menjadikannya sebagai sumber kehidupan yang melimpah, memungkinkan mereka untuk menggunakan lautan untuk makanan, perhiasan, dan karunia-Nya (Muhammad, 2020). Menurut Tafsir Kementerian Agama Republik Indonesia tahun 2019, ayat tersebut menjelaskan

bahwa Allah menundukkan lautan luas dan menjadikannya tempat hidup bagi berbagai jenis binatang laut dan pertumbuhan perhiasan. Hal ini dimaksudkan agar manusia dapat menangkap ikan, mengonsumsi daging segar, dan mengambil barang-barang berharga seperti mutiara dan permata sebagai perhiasan. Ayat tersebut juga menunjukkan bahwa perahu dapat berlayar di lautan dengan izin Allah, membawa barang-barang berat dan bahan makanan dengan mudah. Allah menundukkan lautan bukan hanya sebagai sumber rezeki, tetapi juga sebagai sarana mencari sebagian karunia-Nya yang terkandung di dalamnya.

Tafsir tersebut menunjukkan bahwa Allah memberikan lautan kepada manusia agar dapat dimanfaatkan dengan bijaksana, mencakup pengelolaan sumber daya laut, perlindungan keragaman hayati, dan penggunaan laut sebagai sarana pencarian rezeki yang berkelanjutan. Selain itu, pentingnya bersyukur atas nikmat-nikmat yang diberikan Allah kepada manusia juga ditekankan, serta memanfaatkannya sesuai dengan ketentuan-Nya.

Ayat Al-Qur'an dan tafsirnya mengajarkan bahwa lautan dan isinya tidak hanya memberikan manfaat fisik dan ekonomi, tetapi juga pelajaran moral tentang tanggung jawab manusia sebagai khalifah di bumi. Manusia diajak untuk bersyukur, menjaga keseimbangan alam, dan mengelola sumber daya laut dengan tanggung jawab penuh. (Rohman, 2020).

F. Kajian Penelitian yang Relevan

Tabel 2.1. Kajian penelitian terdahulu yang relevan

No.	Penulis	Judul	Metode	Hasil	Gap Research
1.	Seema Fotedar, S. Lukehurst, Gary Jackson, dan Mickael Snow, (2019).	<i>Molecular Tools for Identification of Shark Species Involved in Depredation Incidents in Western Australian Fisheries</i>	Penelitian di Australia Barat menggunakan metode <i>barcoding</i> DNA untuk mengidentifikasi spesies hiu yang tertangkap dan dimusnahkan dalam kegiatan perikanan.	Penelitian ini memberikan wawasan tentang efektivitas metode molekuler, terutama analisis Gen <i>Cytochrome b</i> , dalam mengidentifikasi spesies hiu di perairan Australia Barat. Studi ini mendukung penggunaan analisis Gen <i>Cytochrome b</i> sebagai metode yang efektif untuk mengidentifikasi hiu di perairan Australia Barat.	Penelitian ini mengidentifikasi spesies hiu yang didaratkan di TPI Wedung, sementara penelitian Seema <i>et al</i> , (2019) mengidentifikasi spesies hiu yang menjadi sasaran pemusnahan dalam perikanan Australia Barat.

Tabel 2.1. Lanjutan kajian penelitian terdahulu yang relevan

No.	Penulis	Judul	Metode	Hasil	<i>Gap Research</i>
2.	Shang-Yin Vanson Liu, Chia-Ling Carynn Chan, Ocena Lin, Chieh-Shen Hu, dan Chaoulun Allen Chen, (2013)	<i>DNA Barcoding of Shark Meats Identify Species Composition and CITES-Listed Species from the Markets in Taiwan</i>	Metode molekuler barcoding DNA untuk mengidentifikasi spesies Hiu di pasar Taiwan.	Hasil menemukan 20 jenis hiu yang diperdagangkan di Taiwan, dengan 4 jenis hiu paling sering ditemukan. Analisis genetik menunjukkan adanya kemungkinan spesies hiu yang belum teridentifikasi dengan jelas. Hiu Mako sirip pendek dan Hiu biru sangat penting bagi industri perikanan Taiwan, namun populasinya terancam.	Penelitian ini berfokus pada identifikasi spesies hiu yang tertangkap secara tidak sengaja (tangkapan sampingan) di TPI Wedung, sedangkan penelitian Shang-Yin <i>et al.</i> (2013), bertujuan mengidentifikasi spesies hiu yang secara aktif ditargetkan dalam industri perikanan.

Tabel 2.1. Lanjutan kajian penelitian terdahulu yang relevan

No.	Penulis	Judul	Metode	Hasil	Gap Research
3.	Toru Kitamura, Akira, Shugo Watabe, dan Makoto Shimizu (1996).	<i>Mitochondrial DNA Analysis for the Cytochrome b Gene and D-loop Region from the Bull Shark Carcharhinus leucas</i>	Analisis mitokondria DNA untuk gen <i>cytochrome b</i> dan wilayah <i>D-loop</i> dari hiu Banteng. Pohon filogeni <i>Chiloscyllium</i> direkonstruksi dengan metode <i>maximum parsimony</i> dan Bayesian.	Hasil penelitian ini menunjukkan adanya hubungan kekerabatan yang dekat antara spesies hiu Karpet <i>Chiloscyllium indicum</i> dengan <i>C. plagiosum</i> . Sementara itu, <i>C. punctatus</i> memiliki hubungan kekerabatan yang lebih dekat dengan kedua spesies tersebut. <i>C. griseum</i> dan <i>C. hasseltii</i> membentuk kelompok tersendiri.	Penelitian ini berfokus pada identifikasi spesies hiu yang ditemukan di TPI Wedung sedangkan penelitian Toru <i>et al.</i> (1996), bertujuan mengidentifikasi spesies hiu Karpet.

Tabel 2.1. Lanjutan kajian penelitian terdahulu yang relevan

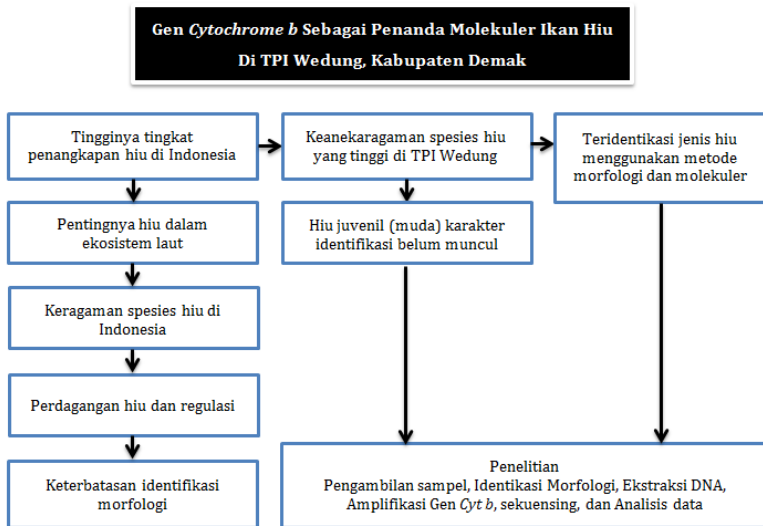
No.	Penulis	Judul	Metode	Hasil	<i>Gap Research</i>
4.	Abdullah Asadatun dan Hartmut Rehbein, (2016).	<i>DNA Barcoding For The Species Identification Of Commercially Important Fishery Products In Indonesian Markets</i>	Metode Molekuler DNA <i>barcoding</i> untuk identifikasi spesies produk perikanan secara komersial di pasar Indonesia.	Hasil penelitian ini menyimpulkan bahwa metode DNA <i>barcoding</i> sangat berguna dalam mengidentifikasi berbagai jenis produk perikanan di Indonesia. Teknik ini dapat diaplikasikan lebih luas, misalnya untuk pengawasan mutu produk makanan laut.	Penelitian ini berfokus pada identifikasi spesies hiu segar yang didaratkan di TPI Wedung, sedangkan penelitian Abdullah <i>et al.</i> (2016), bertujuan mengidentifikasi spesies hiu dari produk olahan perikanan.

Tabel 2.1. Lanjutan kajian penelitian terdahulu yang relevan

No.	Penulis	Judul	Metode	Hasil	<i>Gap Research</i>
5.	Christopher R. Clarke, Stephen A. Karl, Rebekah L. Horn, Andrea M. Bernard, and James S. Lea, (2015).	<i>Global Mitochondrial DNA Phylogeography And Population Structure Of The Silky Shark, Carcharhinus Falciformis</i>	Metode Molekuler Barcoding dengan pendekatan populasi global.	Penelitian ini menemukan bahwa hiu Lanjaman sebenarnya terdiri dari beberapa kelompok hiu yang berbeda secara genetik, meskipun mereka terlihat sama. Masing-masing kelompok ini hidup di wilayah yang berbeda-beda dan memiliki ciri genetik yang unik.	Penelitian ini menggunakan penanda <i>Cytochrome b</i> , sedangkan penelitian Christopher <i>et al.</i> (2015), menggunakan penanda molekuler COI.

G. Kerangka Berpikir

Penggunaan gen *Cyt b* sebagai penanda molekuler untuk identifikasi spesies ikan hiu yang didaratkan di TPI wedung, Kabupaten Demak, dijelaskan dalam kerangka pemikiran pada Gambar 2.4.



Gambar 2.4. Kerangka Berpikir

BAB III

METODE PENELITIAN

A. Tempat dan Waktu Penelitian

Penelitian ini dilaksanakan pada bulan Februari - Mei 2024. *Sampling* ikan hiu dilaksanakan pada bulan Februari 2024 di TPI Wedung. Analisis data dilaksanakan pada bulan Maret sampai Mei 2024 di Laboratorium Bioteknologi Kampus 3 UIN Walisongo Semarang.

B. Alat dan Bahan

1. Alat

Alat yang akan digunakan dalam penelitian adalah Erlenmeyer (*Schott Durant*), Gelas ukur (*Schott Durant*), Gelas beaker (*Schott Duran*), *Icebox* (Penguin), Vortex (*Bio-Rad BR 2000*), Neraca analitik (*Mettler Toledo ME 204*), Autoklaf (*Hirayama Hiclave*" HVE 50), Inkubator (INB 400 *Memmert*), *Microwave* (UN55 *Memmert*), *Freezer* (ESCO HP2-4003-1), Kulkas (*Samsung RT29K503JBI/SE*), Spektrofotometer (*Thermo Fisher Scientific GENESYS 30*), UV Tray (*Bio-Rad 170-8217*), Mikropipet (*Bio-Rad*), Tip (1000 µl, 200 µl, dan 10 µl), *refrigerated micro centrifuge* (*Eppendorf 5424R*), *laminar air flow* (LAF) (ESCO LVG4AG-F8), *thermal cycler* (SimpliAmp ENGL 326), *Gel Documentation System* (Bio-Rad Gel Doc EZ Imager), *cutter/ silet*, kamera *handphone*, dan Penggaris 50 cm.

2. Bahan

Bahan yang digunakan dalam penelitian adalah sampel hiu, microtube ukuran 1,5 ml, tip (warna biru, kuning dan putih), DNA *template* ikan hiu, kit *TIANamp Genomic DNA*, *MyTaq HS Red Mix*, primer *forward Blues-F*: 5' TCCTCACAGGACTCTTCCTAGC 3' dan *reverse Blues-R*: 5' GTCGAAAGATGGTGCTTCGT 3' (Leone, 2017), *ddH₂O*, alkohol 70%, serbuk gel agarosa, TBE (*Thermo Scientific* 1X HB49), *gel red* (*Biotium* 41003), dan *ladder* (*Thermo Scientific* SM0311 dengan ukuran 1 kb DNA *ladder*).

C. Cara Kerja

1. *Sampling*

Sampel ikan hiu diambil dari Tempat Pelelangan Ikan (TPI) Wedung dalam rangka observasi terhadap ciri morfologi sesuai buku "Panduan Pengenalan Jenis-jenis Hiu". Hiu yang diambil memiliki ciri-ciri sebagai berikut: moncong pendek dan tumpul, adanya guratan di antara sirip punggung, dan bentuk sirip membulat. Metode sekunder yang digunakan dalam penelitian ini adalah wawancara dan dokumentasi. Identifikasi morfologi sampel ikan hiu dilakukan menggunakan kunci determinasi yang telah terstandarisasi (Dharmadi *et al*, 2013). Kunci determinasi mencakup

karakteristik morfologi yang unik, mulai dari tingkat famili hingga spesies.

Berdasarkan rekomendasi Nuziana (2022), jaringan (*tissue sample*) dekat dengan sirip dipilih sebagai sampel untuk ekstraksi DNA dalam penelitian ini, karena kandungan gen mitokondria yang tinggi. Mitokondria dalam sirip menyediakan informasi genetik yang bermanfaat dalam memahami aspek-aspek molekuler terkait spesies atau individu yang bersangkutan.

Cara menjaga kualitas sampel ikan hiu yang telah diambil, disimpan dalam kantong plastik dan selanjutnya ditempatkan dalam *freezer* dengan suhu yang terkontrol, berkisar -20°C . Pendekatan ini dipilih untuk memastikan keberlanjutan dan keandalan sampel ikan hiu dalam proses analisis genetik, yang merupakan langkah penting dalam identifikasi spesies secara molekuler (Karami *et al.*, 2013).

2. Isolasi DNA

Isolasi DNA dari genom hiu dilakukan dengan mengikuti protokol *kit DNA Genomic TIANamp DP 304*. Protokol ini terdiri dari lima tahap berbeda yang dilakukan untuk mengisolasi DNA yaitu:

1) Preparasi Sampel

Bagian Sirip Kaudal (sirip ekor) ikan hiu diambil menggunakan *Cutter/silet*, kemudian ditimbang <10 mg.

Sampel ikan dicincang-cincang menggunakan *Cutter*/ silet dan dimasukkan dalam tube ukuran 1,5 µl. Tube sampel kemudian ditambahkan 200 µl *GA buffer*, kemudian disentrifugasi pada kecepatan 10000 rpm selama 1 menit.

2) Tahap Lisis

Proteinase K sebanyak 20 µl ditambahkan dan dihomogenkan menggunakan *vortex*, kemudian diinkubasi pada suhu 56°C selama 1-3 jam dan dibolak-balik setiap 20 menit sekali untuk memastikan sampel benar-benar lisis. *GB buffer* sebanyak 200 µl ditambahkan.

3) Tahap Presipitasi

Sebanyak 200 µl *GB buffer* ditambahkan, kemudian divortex dan di *spindown*. Inkubasi dilakukan pada suhu 70°C selama 10 menit, kemudian diperiksa apakah masih ada presipitasi warna putih atau tidak. *Ethanol absolute* sebanyak 200 µl ditambahkan, *vortex* selama 15 detik dan diamati. Larutan dipindahkan ke *spin column*, kemudian sentrifugasi dilakukan pada 12.000 rpm selama 30 detik dan *flow through* dibuang.

4) Tahap Washing

Sebanyak 500 µl *GD buffer* ditambahkan, kemudian sentrifugasi dilakukan pada kecepatan 12.000 rpm selama 30 detik untuk memisahkan supernatan dan *flow through* dibuang. *PW buffer* sebanyak 500 µl ditambahkan, kemudian sentrifugasi dilakukan pada 12.000 rpm, *flow*

through dibuang dan langkah *PW buffer* diulangi sekali lagi. Sentrifugasi dilakukan pada kecepatan 12.000 rpm selama 2 menit dan *flow through* dibuang. Selanjutnya, dipindahkan ke tube baru.

5) Tahap Elusi

Sebanyak 50 µl *TE buffer* ditambahkan, kemudian diinkubasi pada suhu 15–25°C selama 5 menit. Sentrifugasi dilakukan pada 12.000 rpm selama 2 menit. *Isolate* DNA disimpan dalam *freezer* pada suhu -20°C.

3. Amplifikasi gen *Cytochrome b*

Proses amplifikasi PCR meliputi beberapa tahapan, yaitu pencampuran DNA sampel dengan komposisi PCR, denaturasi, *annealing*, dan ekstensi. Prosedur ini menggunakan sampel DNA yang telah diisolasi. Campuran PCR dimasukkan ke dalam tabung PCR dengan total volume 25 µl. Komposisi campuran PCR yang akan digunakan adalah berikut: 2 µl DNA *template*, 0,5 µl primer *reverse* dan *forward* masing-masing, 12,5 µl *MyTaq HS Red mix* PCR dan 9,5 µl ddH₂O.

Amplifikasi menggunakan gen *Cyt b* untuk Ikan hiu, dengan primer *forward Blues-F*: 5' TCCTCACAGGACTCTTCCTAGC 3' dan *reverse Blues-R*: 5' GTCGAAAGATGGTGCTTCGT 3', target ampikon dengan panjang sekitar 780 bp (Leone, 2017). Metode PCR kemudian

dilanjutkan dengan tahapan pra-denaturasi pada suhu 94°C selama 2 menit, diikuti oleh 35 siklus amplifikasi dengan denaturasi pada suhu 94°C selama 30 detik, *annealing* pada suhu 55°C selama 30 detik dan ekstensi pada suhu 72°C selama 30 detik, serta penyelesaian dengan tahap post ekstensi pada suhu 72°C selama 5 menit (Leone *et al.*, 2017).

4. Visualisasi Hasil Amplifikasi dan Sekuensing

Metode elektroforesis gel digunakan untuk menganalisis DNA yang dihasilkan dari hasil PCR secara kualitatif dari pita DNA yang dihasilkan. Sebanyak 0,6 gram agarosa ditimbang dan dilarutkan dengan 60 ml *buffer TBE 1X*, kemudian dipanaskan menggunakan *microwave* selama 8 menit. Larutan agarosa kemudian ditambahkan 1 µl *Gel Red Biotium*, homogenkan, dan didinginkan pada suhu ruang. Setelah itu tuang ke cetakan yang telah dipasang sisir sumuran. Gel *agarose* didiamkan selama 30 menit sampai menjendal, sisir gel dilepaskan dari cetakan dan diperiksa. Gel dipindahkan dalam cawan elektroforesis dan ditambahkan TBE 1X hingga gel terendam. Sebanyak 5 µl DNA genom dicampur dengan 1 µl *loading dye* dan 5 µl sampel PCR dimasukkan ke dalam sumuran. Elektroforesis dilakukan selama 30 menit dengan voltase 100 Volt. Setelah elektroforesis selesai, pengamatan DNA dilakukan menggunakan *transluminator ultraviolet* (Indraswari, 2021).

Hasil elektroforesis dikatakan bagus, ditandai dengan adanya pita DNA pada sumuran dengan kriteria *single band* dan sesuai target. Pengerjaan DNA sekuensing dalam penelitian ini dilakukan oleh jasa sekuensing di *First Base Laboratories* (Malaysia) dengan pengurutan DNA dilakukan dari dua arah yaitu, *forward* dan *reverse*.

5. Analisis Data

Sekuen DNA yang telah diperoleh dalam bentuk elektroforegram hasil pembacaan basa nukleotida dalam format AB1 file dibaca menggunakan aplikasi BioEdit (Bennet, 2005). Hasil sekuensing ditampilkan dalam bentuk grafik elektroforegram (fragmen DNA) yang berbentuk *peak* (kurva). Perbedaan basa ditunjukkan dengan perbedaan warna yang tertera mewakili setiap jenis nukleotida. Setiap *peak* elektroforegram kemudian diterjemahkan menjadi basa nukleotida: Adenin (A) dengan warna hijau, Guanin (G) dengan warna hitam, Timin (T) dengan warna merah, dan Sitosin (C) dengan warna biru. Proses *contig* melibatkan pemotongan (*trimming*) pada bagian ujung setiap sekuen nukleotida yang memiliki *peak* kurang baik dan belum stabil. Setelah dipotong, sekuen DNA amplikon *Cyt b* digabungkan untuk menghasilkan satu sekuen utuh dari masing-masing sekuens *forward* dan *reverse*.

Data sekuensing gen *Cyt b* yang diperoleh selanjutnya disejajarkan dan akan dibandingkan dengan data sekuen yang tersedia di *Genbank* dengan perangkat lunak *Basic Local Alignment Search Tools for Nucleotide* (BLAST) yang dapat diakses di <https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>. Metode *Neighbor-Joining* digunakan untuk membentuk pohon filogenetik. Sekuen yang diperoleh disejajarkan menggunakan *ClustalW* pada aplikasi MEGA11 (Fang *et al*, 1997). Analisis pohon filogenetik menggunakan analisis *bootstrap 1000x* ulangan. Komposisi nukleotida dan jarak genetik antar spesies dihitung dengan menggunakan model jarak *Kimura 2-parameter* (Kimura, 1980).

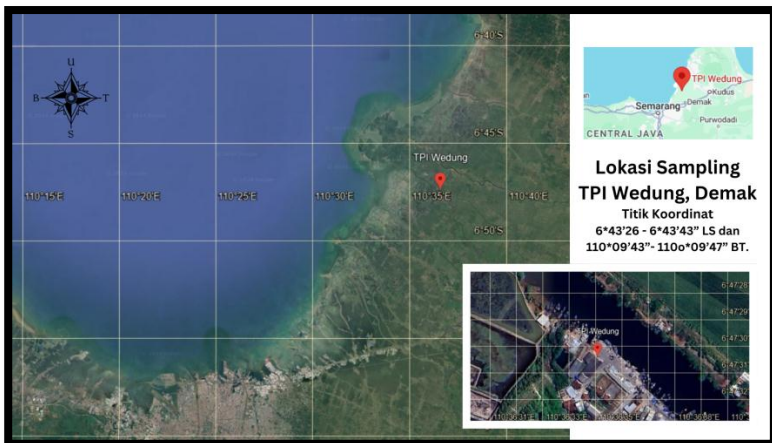
BAB IV

HASIL dan PEMBAHASAN

A. Deskripsi Hasil Penelitian

1. Lokasi sampling hiu

Lokasi pengambilan sampel ikan hiu dilakukan di pesisir utara Pulau Jawa tepatnya di TPI Wedung, Kabupaten Demak, dengan koordinat $6^{\circ}43'26'' - 6^{\circ}43'43''$ LS dan $110^{\circ}09'43'' - 110^{\circ}09'47''$ BT dan dapat dilihat pada Gambar 4.1. Berdasarkan data Dinas Kelautan dan Perikanan Pemerintah Kabupaten Demak tahun 2020, TPI Morodemak Bonang dan TPI Wedung tercatat sebagai dua TPI yang memberikan kontribusi yang signifikan terhadap pendapatan asli daerah (PAD) dari sektor retribusi perikanan.



Gambar 4.1. Peta lokasi sampling
(Sumber: Google earth, 2024)

Pengambilan sampel dilakukan pada dua waktu yang berbeda, yaitu pukul 07.30 dan 14.00 WIB di TPI Wedung. Sebanyak sebelas hiu yang didaratkan, tiga ekor hiu dipilih sebagai sampel, karena memiliki ciri yang sama dan hiu lainnya memiliki ciri yang berbeda-beda (Tabel 4.1). Kriteria pemilihan sampel didasarkan pada karakteristik fisik yang serupa, yakni bentuk moncong yang membulat, adanya guratan di antara sirip punggung, serta bentuk sirip yang membulat. *Sampling* ikan hiu dapat dilihat pada Gambar 4.2.



Gambar 4.2. *Sampling* ikan hiu
(Sumber: Dokumentasi pribadi)

Tabel 4.1. Hasil *Sampling*

<i>Sampling</i>	Hiu didaratkan di TPI	Sampling	Kode Sampel
<i>Sampling awal</i>	6 ekor	2 ekor	H1
			H2
<i>Sampling akhir</i>	5 ekor	1 ekor	H3

2. Identifikasi Morfologi

Pengamatan morfologi dilakukan untuk mengidentifikasi spesies ikan hiu. Spesimen pada Gambar 4.3 menunjukkan kemiripan ciri-ciri fisik dengan beberapa spesies hiu. Ketiga sampel hiu yang diteliti memiliki karakteristik morfologi yang serupa: bentuk tubuh lonjong, warna abu-abu, moncong membulat, sirip dorsal segitiga lancip, guratan halus, dan kulit licin. Sampel diberi kode H1, H2, dan H3 sesuai urutan pengambilan data. Ciri-ciri sampel hiu menunjukkan kemiripan dengan spesies hiu Lanjaman, hiu Hidung Tajam Atlantik, dan hiu Banteng. Perbedaan yang spesifik antara sampel dengan ketiga spesies tersebut telah dirangkum pada tabel 4.2. Ciri yang sama ditandai dengan warna kuning, sedangkan ciri yang berbeda ditandai dengan warna hijau.



Gambar 4.2. Ikan hiu sampel H3
(Sumber: Dokumentasi pribadi)

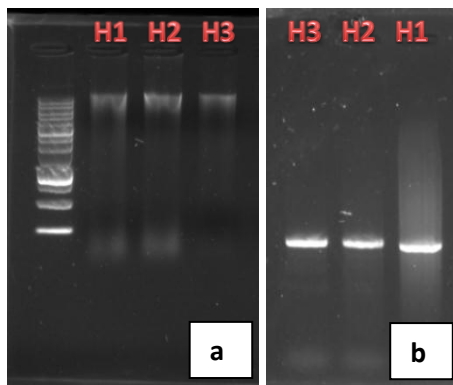
Tabel 4.2 Perbandingan Morfologi

Spesies	Ciri						
	Bentuk tubuh	Warna tubuh	Moncong	Bentuk Sirip dorsal	Guratan	Bentuk gigi	Ciri khusus
Hiu Lanjaman (<i>C. falciformis</i>)	Lonjong	Abu-abu dengan bawah putih	Pendek membulat dan tumpul	Segitiga lancip dengan ujung membulat	Terdapat guratan	Bergerigi halus	Kulit halus
Hiu Hidung Tajam Atlantik (<i>R. terraenovae</i>)	Lonjong	Abu-abu dengan bawah putih	Panjang membulat dan tajam	Segitiga lancip dengan ujung membulat	Terdapat guratan	Bergerigi halus dengan cusp mengait	Mata besar dengan kulit halus
Hiu Banteng (<i>C. leucas</i>)	Lonjong membulat	Abu-abu kecoklatan dengan bawah putih	Pendek dan bulat melebar	Segitiga lancip	Tidak ada guratan	Bergerigi kasar	Lekukan sirip kaudal sudut tumpul dan kemampuan adaptasi

3. Identifikasi Molekuler

a. Pengecekan DNA

Ketiga sampel ikan hiu yang memiliki ciri sama diisolasi menggunakan Kit DNA *Genomic TIANamp*. Pengecekan hasil isolasi dilakukan secara kualitatif menggunakan elektroforesis. Hasil visualisasi isolasi DNA dengan elektroforesis dapat dilihat pada Gambar 4.4.

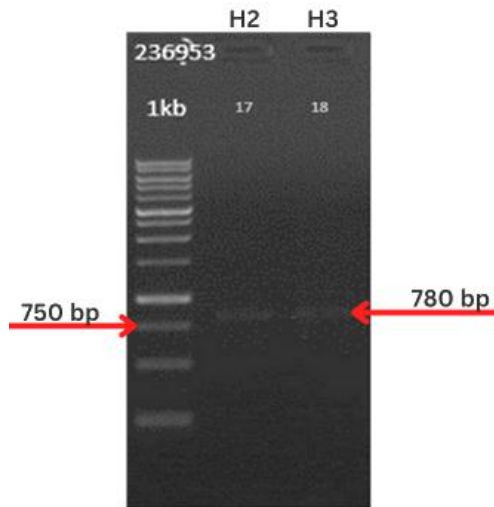


Gambar 4.4. Elektroforesis DNA hiu
a)) Isolasi DNA genom dan b) Amplifikasi gen *Cyt b*

Visualisasi hasil isolasi DNA genom ikan hiu yang ditambahkan *loading dye* menunjukkan adanya *smear* pada ketiga sampel. Pada sampel H1 dan H2 terdapat bayangan pita DNA bagian bawah. Sedangkan hasil amplifikasi DNA menggunakan gen *Cyt b* menunjukkan masih terdapat *smear* tipis pada sampel H3 dan H2, tetapi pada sampel H1 *smear* terlihat sangat jelas dan panjang.

b. Sekuensing

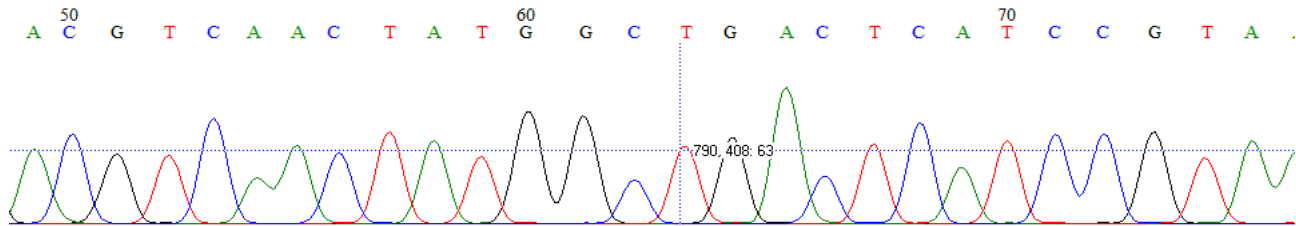
Sekuensing dilakukan menggunakan jasa sekuensing *First Base Laboratories* (Malaysia). Sampel yang akan diuji sekuensing hanya dua yaitu sampel H2 dan H3, karena H1 terdapat smear pada saat pengecekan DNA. Hasil visualisasi menunjukkan pita tunggal, ketebalan pita tipis, dan tidak terdapat *smear*. Hasil visualisasi dapat dilihat pada gambar 4.5. Pita yang tipis dikarenakan proses *clean up* dan DNA *template* yang diperoleh sedikit.



Gambar 4.5. Hasil amplifikasi DNA hiu dengan penanda *Cyt b*

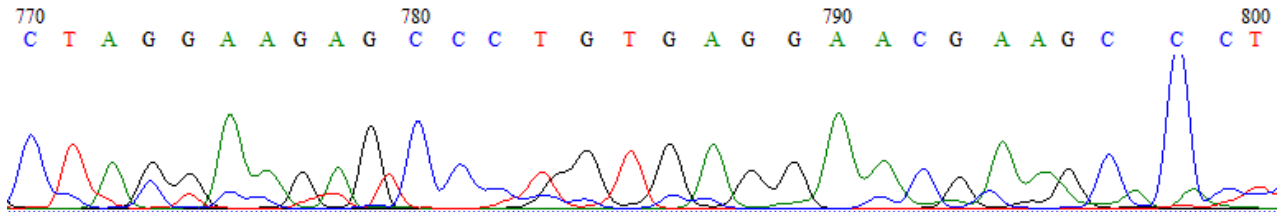
Sampel H3 memiliki *peak* yang baik, jelas dan terpisah pada elektroferogram, mengindikasikan kualitas DNA yang baik. Analisis sekuen hanya berhasil dilakukan pada arah *forward*. Arah *reverse* menunjukkan puncak yang tidak jelas dan tumpang tindih, kemungkinan disebabkan oleh distorsi

pada data (Faiqoh, 2010) dan dapat dilihat pada Gambar 4.6 dan 4.7. Sekuen gen *Cyt b* sepanjang 780 bp berhasil diperoleh dari sampel H3.



Gambar 4.6. Hasil sekuensing berupa *peak* elektroferogram yang baik pada sampel H3

Hasil elektroforegram terlihat baik karena primer dapat menempel pada daerah target yaitu gen *Cyt b*. Pada ujung 5' elektroferogram dari arah *reverse*, *peak* yang dihasilkan tidak bagus karena terjadi tumpang tindih antar grafik elektroferogram seperti gambar berikut:



Gambar 4.7. Hasil sekuensing berupa *peak* elektroferogram yang kurang baik pada ujung 5' arah *reverse*

c. Analisis DNA gen *Cyt b*

Sekuen sampel H3 disejajarkan dengan sekuen di NCBI untuk mengetahui kemiripan dengan sekuen yang telah ada di NCBI. Pensejajaran sekuen DNA gen *Cyt b* sampel H3 metode BLASTn dengan algoritma pensejajaran sekuen yang ada pada *database* NCBI. Proses pensejajaran sekuen menghasilkan 100 sekuen yang paling mirip yang ada di *database*. Sebanyak 14 sekuen dengan nilai *E value*, *query cover*, dan *percent identity* tertinggi yang mendekati 100% yaitu *R. terraenovae* dan *C. leucas* diunduh dengan format FASTA dan dilanjutkan *alignment* untuk merekonstruksikan pohon filogenetik. Daftar sekuen pembanding dengan kemiripan tertinggi dari NCBI dapat dilihat pada Tabel 4.3.

Tabel 4.3. Hasil BLASTn H3 Indonesia

No.	Deskripsi	Acc Number	Query cover	Ukuran (bp)	E value	Percent identity	Asal
1.	<i>Rhizoprionodon terraenovae</i>	OP056802.1	98%	1145	0.0	89.50%	Amerika Serikat
2.	<i>Carcharhinus leucas</i>	OP007104.1	98%	1145	0.0	89.21%	Australia
3.	<i>Carcharhinus leucas</i>	OP007112.1	98%	1145	0.0	89.08%	Australia
4.	<i>Carcharhinus leucas</i>	OP007119.1	98%	1145	0.0	89.08%	Australia
5.	<i>Carcharhinus leucas</i>	OP007117.1	98%	1145	0.0	89.08%	Australia
6.	<i>Carcharhinus leucas</i>	OP007116.1	98%	1145	0.0	89.08%	Australia
7.	<i>Carcharhinus leucas</i>	OP007111.1	98%	1145	0.0	89.08%	Australia
8.	<i>Carcharhinus leucas</i>	OP007106.1	98%	1145	0.0	89.08%	Japan
9.	<i>Carcharhinus leucas</i>	OP007009.1	98%	1145	0.0	89.08%	Taiwan

Tabel 4.3. Tabel Lanjutan

10.	<i>Carcharhinus leucas</i>	OP006999.1	98%	1145	0.0	89.08%	Brazil
11.	<i>Carcharhinus leucas</i>	OP006998.1	98%	1145	0.0	89.08%	Brazil
12.	<i>Carcharhinus leucas</i>	OP006887.1	98%	1145	0.0	89.08%	Brazil
13.	<i>Carcharhinus leucas</i>	OP006996.1	98%	1145	0.0	89.08%	Brazil
14.	<i>Carcharhinus leucas</i>	OP006995.1	98%	1145	0.0	89.08%	China
15.	Sampel H3	-	-	780	-	-	Indonesia

Daftar spesies tertinggi hasil pensejajaran sekuen menunjukkan bahwa spesies yang muncul teratas *R. terraenovae*. Hal ini diduga karena tingginya variasi pada gen *Cyt b* sampel H3. Penambahan sekuen *C. falciformis* dan *out group* yaitu *H. microsmata* (Acc Number NC029400.1).

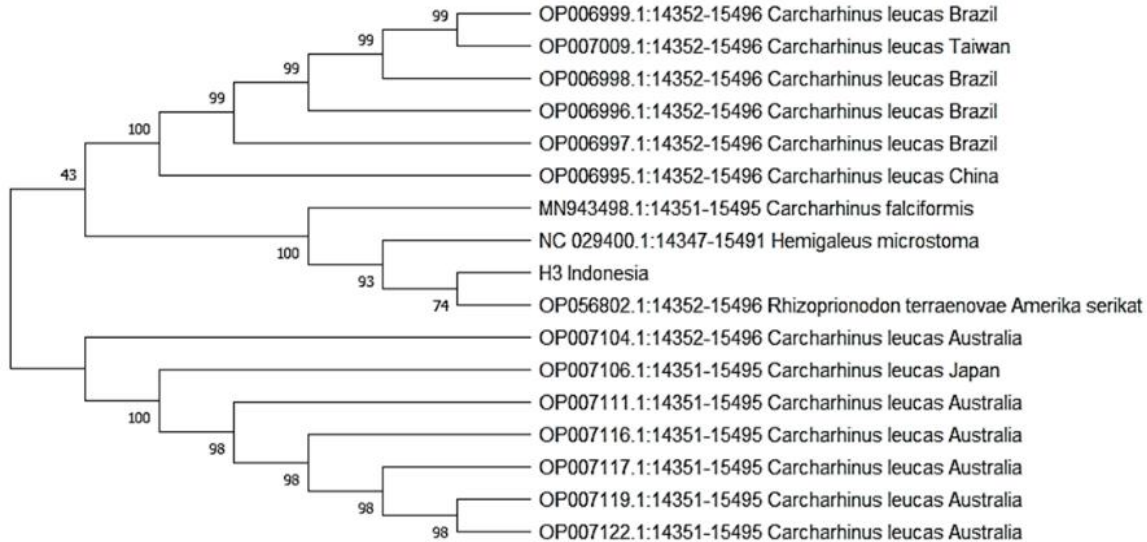
d. Variasi genetik

Analisis variasi genetik dilakukan dengan melakukan *multiple sequence alignment* dengan sekuen pembanding yang diperoleh dari hasil BLAST (Tabel 4.3). Berdasarkan data ukuran panjang sekuen pada gambar 4.7 menunjukkan panjang sekuen yang paling pendek yaitu 780 bp yang dimiliki oleh sampel H3 dari Demak, Indonesia dan sekuen yang lainnya adalah *complete genome* yang di-*contig* pada *Cyt b* mitokondria dengan panjang sekuen 1145 bp. Panjang DNA hasil perunutan setelah diedit, diperoleh hasil sekuen sepanjang 753 nukleotida (nt), dan hasil *multiple sequence alignment* diperoleh nilai *conserved* sebanyak 627, nilai variabel sebanyak 126, serta tidak ditemukannya insersi dan delesi dari 126 nukleotida. Hasil variasi genetik dapat dilihat pada lampiran 5.

e. Pohon filogenetik

Hubungan kekerabatan hiu H3 Indonesia dengan sampel lainnya yang terdapat di *GenBank* dapat dibandingkan berdasarkan jarak genetik dari basa-basa nukleotidanya. Pada lampiran 5 menunjukkan nilai jarak genetik sampel H3 dengan sekuen yang diperoleh dari *GenBank*. Sampel H3 memiliki jarak genetik paling rendah dengan *R. terraenovae* (OP056802.1) yaitu 14% (0.14995) dibanding dengan sampel lainnya. Hal Ini menunjukkan bahwa nilai jarak genetik (persentase jarak genetik)

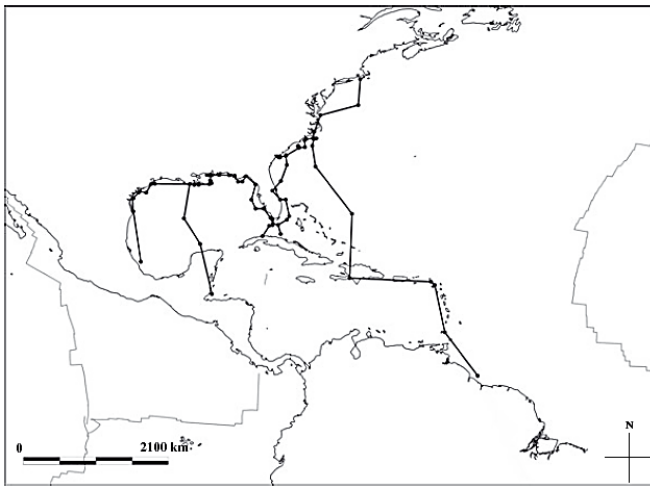
berkaitan dengan perbedaan jumlah basa nukleotida, susunan nukleotida, dan hubungan kekerabatannya terkait dengan nilai jarak genetik. Rekonstruksi pohon filogenetik H3 berdasarkan jarak genetik *pairwise distance* dari basa-basa nukleotida *Cyt b* dapat dilihat pada Gambar 4.8. Pada gambar tersebut menunjukkan H3 mengelompok dengan spesies *R. terraenovae* dari Amerika Serikat (OP056802.1).



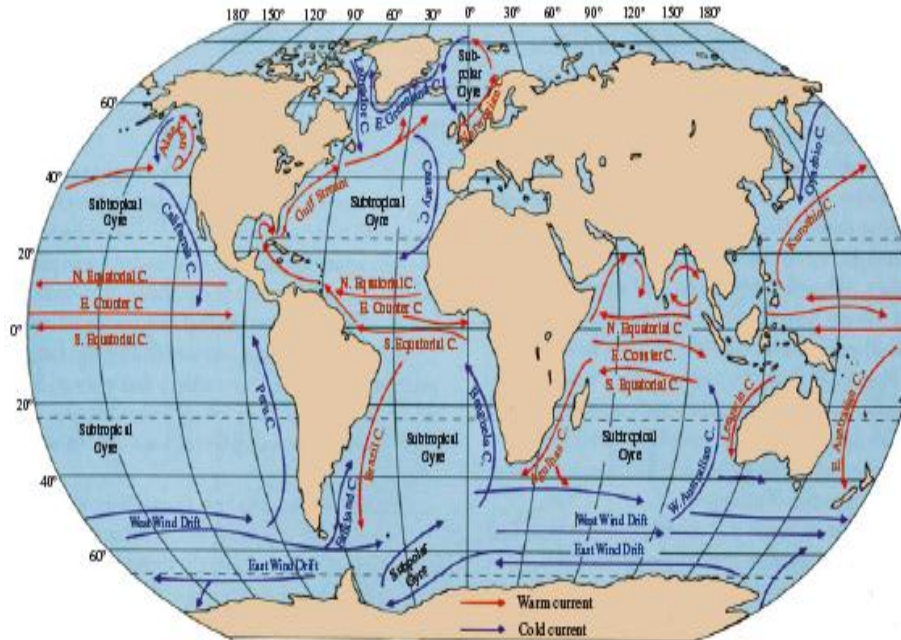
Gambar 4.8. Hasil rekonstruksi H3 menggunakan *Neighbour Joining*, Kimura-2-Parameter, dengan *bootstrap* 1000 kali pengulangan

4. Zoogeografi *R. terraenovae*

Hiu spesies *R. terraenovae*, yang dikenal juga sebagai hiu Hidung Tajam Atlantik, memiliki zoogeografi yang luas namun secara khusus banyak ditemukan di perairan hangat. Menurut Gallo *et al.*, (2010), distribusi geografisnya mencakup kawasan pesisir Atlantik Barat, dari Massachusetts di Amerika Serikat hingga ke selatan Meksiko. Jalur persebarannya dapat dilihat pada gambar 4. 9. Secara umum *Rhizoprionodon* tampaknya terkait dengan arus hangat (Gambar 4.10.).



Gambar 4.9. Jalur distribusi ikan hiu *R. terraenovae* di garis pantai Meksiko
(Gallo *et al.*, 2010)



Gambar 4.9. Pergerakan arus hangat dan dingin di perairan dunia (Gallo *et al.*, 2010).

B. Pembahasan

1. Lokasi sampling

Tempat Pelelangan Ikan (TPI) adalah pasar yang lazim terdapat di pelabuhan atau tempat pendaratan ikan tempat ikan dan hasil laut dijual melalui lelang atau transaksi langsung. TPI biasanya diawasi oleh Dinas Perikanan, Koperasi, atau Pemerintah Daerah dan harus memenuhi kriteria tertentu seperti mempunyai lokasi tetap, bangunan khusus untuk penjualan, koordinator tata cara lelang/ penjualan, dan mendapat persetujuan dari instansi terkait. (Hardika, 2019).

Lokasi pengambilan sampel ikan hiu dilakukan di pesisir utara pulau Jawa tepatnya di TPI Wedung tepatnya pada koordinat $6^{\circ}43'26'' - 6^{\circ}43'43''$ LS dan $110^{\circ}09'43'' - 110^{\circ}09'47''$ BT. Seperti diketahui, secara geografis, Wedung juga termasuk pesisir pantai Demak yang memiliki potensi besar dibidang kelautan dan perikanan. Berdasarkan data yang ada, panjang pantai pesisir Demak mencapai 34,10 kilometer dengan panjang garis pantai 72,14 kilometer. Dari garis pantai itu, Wedung termasuk didalamnya. Ribuan nelayan juga berasal dari Kecamatan Wedung. TPI Wedung memiliki kedudukan penting untuk kepentingan nelayan (Sasmito, 2020).

Pengambilan sampel dilaksanakan pada tanggal 3 Februari dan 6 Februari 2024, mendapatkan tiga ekor ikan

hiu dengan karakter yang sama yaitu: moncong membulat, adanya guratan di antara sirip punggung, dan bentuk sirip membulat. Data sekunder wawancara dengan nelayan yaitu bapak Abib. Pak Abib menyatakan bahwa banyaknya nelayan yang tidak mengetahui hasil tangkapan dapat mempengaruhi ekosistem laut.

"Nelayan terjebak dalam siklus mencari nafkah sehari-hari. Karena keterbatasan waktu dan tuntutan ekonomi, kami (para nelayan) tidak dapat memberikan perhatian yang cukup terhadap dampak jangka panjang aktivitas penangkapan ikan terhadap lingkungan laut. Lokasi tangkapan nelayan TPI Wedung meliputi perairan Demak sampai Jepara bagian selatan, nelayan menangkap ikan pada dini hari yaitu jam 02.00 sampai siang hari jam 13.30. Nelayan menyerahkan ikan tangkapannya di TPI pada pagi dan siang hari. Sebagian besar nelayan menggunakan jaring arak sebagai alat tangkap utama. Kami menangkap ikan untuk mencari nafkah tanpa memperhatikan spesies apa yang terperangkap di jaring. Proses pemilahan ikan dilakukan di TPI setelah ikan-ikan tersebut ditangkap. Tangkapan ikan hiu merupakan tangkapan sampingan yang tidak setiap hari ada, rata-rata 3-5 ekor per hari" (Abib, Wawancara 14 Februari 2024).

Berdasarkan hasil wawancara dengan Pak Abib menunjukkan bahwa sebagian besar nelayan tidak memahami tentang jenis hiu yang ikut tertangkap dan memberikan wawasan berharga tentang tantangan yang dihadapi oleh nelayan dalam mengatasi isu tangkapan sampingan, khususnya terkait ikan hiu. Penelitian ini mengamati tentang

pentingnya pendidikan dan kesadaran untuk memastikan masa depan yang berkelanjutan bagi sumber daya laut.

2. Identifikasi Morfologi

Pengamatan morfologi dilakukan pada tiga sampel ikan hiu, yakni H1, H2, dan H3. Proses identifikasi mengacu pada panduan "Pengenalan Jenis-jenis Ikan Hiu Indonesia" karya Dharmadi *et al.* (2013) dan "*Shark and Rays*" karya White *et al.* (2006). Dengan menggunakan kunci identifikasi famili yang tertera pada kedua buku tersebut, ketiga sampel hiu berhasil dikelompokkan ke dalam famili *Carcharhinidae*. Beberapa karakteristik morfologi yang khas untuk identifikasi hingga tingkat spesies belum dapat diamati secara jelas karena ketiga individu hiu masih berada pada tahap *juvenil*, karakter yang dapat membantu identifikasi morfologi dapat dilihat pada lampiran 1.

Berdasarkan pola persebaran *R. terraenovae* (Gambar 4.9), spesies ini banyak ditemukan di wilayah perairan hangat. Oleh karena itu, diperlukan analisis morfologi lebih lanjut menggunakan spesimen *R. terraenovae* sebagai referensi, yang diperoleh dari hasil pencarian BLAST. Identifikasi morfologi lanjutan menggunakan petunjuk dari buku "*Field guide to requiem sharks (Elasmobranchii omorphi: Carcharhinidae) of the Western North Atlantic*" karya Mace Grace (2001). Ikan hiu *R. terraenovae* memiliki ciri yang sama

dengan sampel sehingga hasil identifikasi diperkuat dengan data morfologi bahwa sampel adalah *R. terraenovae* dan dapat dilihat literatur pada Gambar 4.11.

Hiu *R. terraenovae* ini dijuluki Hidung Tajam Atlantik karena memiliki ciri khas moncongnya yang panjang, yang lebih panjang dari lebar mulutnya. Istilah lain dalam bahasa inggris adalah *Atlantic sharpnose shark, Newfoundland shark, sharp-nosed shark, and white shark*. Hiu kecil dan ramping ini memiliki moncong yang panjang dan mata besar, hiu ini sering mengalami kontak fisik dengan manusia karena suka mencari makan di pesisir dan muara. Walaupun sering terjadi kontak fisik dengan manusia, ikan hiu ini tidak dianggap berbahaya, karena gigitan yang tidak cukup fatal (Wyffels, 2014).

Klasifikasi ikan hiu Hidung Panjang Atlantik (Richardson, 1836):

Kingdom : Animalia
 Phylum : Chordata
 Class : Chondrichthyes
 Order : Carcharhiniformes
 Family : Carcharhinidae
 Genus : *Rhizoprionodon*
 Species : *R. terraenovae*

Habitat hiu hidung panjang belum diketahui keberadaanya di Indonesia, habitat utamanya adalah di perairan hangat Atlantik Amerika Serikat lebih tepatnya di perairan pantai Kanada sampai Meksiko (froese, 2022).



Gambar 4.10. *Atlantic Sharose shark*
(Fishbase, 2022)

Ciri khusus dari hiu Hidung Tajam Atlantik adalah moncong yang cukup panjang dengan bentuk membulat tajam, terdapat guratan kecil, sirip dorsal anterior ke sudut dada, gigi bergerigi halus dengan cusp mengait, sirip dada warna putih, warna tubuh abu-abu dengan bagian bawah berwarna putih, dan panjang tubuh sampai 120 cm (Grace, 2001).

Setelah Menurut Pinhal *et al*, (2011), hiu termasuk dalam kelompok *cryptic* spesies, yaitu spesies yang sangat mirip secara fisik sehingga sulit dibedakan, karena memiliki karakter identifikasi yang sama. Pada *elasmobranch*, genetika telah digunakan untuk mengungkap spesies yang *cryptic* dalam kompleks spesies pada marga *Carcharhinus*, *Aetobatus*, dan *Neotrygon* (White, 2017). Penelitian ini terus berlanjut menggunakan identifikasi molekuler. Sampel hiu memiliki

kemiripan dengan hiu Lanjaman, hiu Hidung Tajam Atlantik dan hiu Banteng.

3. Identifikasi Molekuler

Pengecekan hasil isolasi DNA secara kualitatif menggunakan elektroforesis. Hasil isolasi DNA yang baik pada elektroforesis ditunjukkan dengan tidak ada *smear*, bentuk pita yang tebal dan jelas (Nafiu *et al.*, 2020). Hasil visualisasi elektroforesis isolasi DNA genom sampel menunjukkan adanya pita pada ketiga sampel, namun masih ditemukan *smear* yang menunjukkan adanya kontaminasi pada sampel. Kontaminasi ini muncul karena adanya bahan yang ikut terbawa saat isolasi seperti *RNA* dan protein. Kontaminasi pada saat isolasi DNA dapat terjadi akibat teknik *pipetting* yang kurang teliti dan komponen selain DNA yang tidak terdegradasi secara sempurna (Octavia, 2021); Nafiu & Pagala, 2020). Kontaminasi dan teknik yang digunakan dalam penelitian dapat mempengaruhi kualitas hasil elektroforesis.

Hasil isolasi DNA pada penelitian ini dilanjutkan dengan proses amplifikasi dan kualitas hasil isolasi yang baik tidak menjadi syarat utama dalam PCR (Bingpeng *et al.*, 2018); Sambrook & Russell, 2001). Hasil pengecekan DNA yang baik ditandai dengan munculnya pita DNA yang sesuai dengan ukuran pasangan basa yang diharapkan dan tidak ada kontaminan atau *smear* (Maksum *et al.*, 2017). Hasil

elektroforesis DNA terdapat pita yang bisa dilanjutkan untuk proses PCR. Proses PCR awal menggunakan 15 µl untuk optimasi PCR, ketika pita yang dihasilkan sesuai target selanjutnya PCR dengan volume 30 µl untuk proses sekuensing menggunakan jasa sekuensing *First Base Laboratories (Malaysia)*.

Proses amplifikasi DNA gen *cyt b* pada sampel ikan hiu dalam penelitian ini menggunakan pasangan primer *Blues-F* dan *Blues-R* yang telah terbukti efektif pada mamalia. Pasangan primer ini, yang pertama kali dipublikasikan oleh Lione (2017). Amplifikasi menghasilkan tingkat keberhasilan yang tinggi, yaitu 95% untuk primer *forward* dan 90% untuk primer *reverse*. Sifat universal primer ini menjadikannya pilihan yang tepat untuk mengidentifikasi ikan hiu. Penggunaan primer gen *Cyt b* memungkinkan identifikasi spesies hiu secara cepat dan akurat.

Primer merupakan salah satu komponen penting dalam PCR (Sukweenadhi, 2023). Amplifikasi PCR menggunakan primer *forward Blues-F* dan *reverse Blues-R* pada sampel ikan hiu menghasilkan pita yang tunggal yang sangat tipis. Pada Gambar 4.4 ketiga sampel, sampel H3 yang memiliki *smear* paling sedikit, sehingga dipilih untuk dianalisis sekuensing lebih lanjut.

Menurut Hediningsih *et al.* (2023), sekuensing yang bagus dipengaruhi oleh beberapa faktor yaitu:

- a. Kualitas sampel DNA; Konsentrasi DNA yang terlalu rendah atau terlalu tinggi dapat menghambat reaksi sekuensing, kemurnian DNA dan tanpa adanya Kontaminan seperti protein atau senyawa kimia lainnya dapat menghambat enzim polimerase dan menurunkan kualitas sekuen, dan degradasi DNA.
- b. Desain primer; spesifikasi primer untuk mengamplifikasi target sekuen yang diinginkan, panjang primer target, kandungan G-C harus seimbang (40-60%), dan temperatur *annealing* yang optimal.
- c. Kondisi reagen dan kualitas PCR; Kualitas reagen yang digunakan, seperti primer, dNTPs, dan buffer, akan sangat mempengaruhi hasil sekuensing, dan siklus termal pada suhu dan waktu inkubasi pada setiap tahap siklus PCR harus dioptimalkan.

Elektroferogram adalah visualisasi grafis hasil pemisahan fragmen DNA *pasca*-PCR, yang menggambarkan ukuran target dan kuantitas masing-masing fragmen. Kualitas elektroferogram dianggap baik apabila puncak-puncak (*peak*) tersusun sejajar dan tidak terjadi tumpang tindih antar basa nukleotida (Al-Shuhaib, 2023). Elektroferogram yang dihasilkan menggunakan modifikasi primer pada sampel H3 menghasilkan *peak* yang baik dari arah *reverse* dan *forward*.

Sekuen yang dihasilkan lebih panjang dibandingkan menggunakan pasangan primer *Blues-F* dan *Blues-R* yang memiliki panjang sekuen 780 bp pada gen mitokondria *cyt b*.

Gen *Cyt b* merupakan salah satu gen penyandi protein di dalam genom mitokondria yang banyak digunakan untuk meneliti hubungan jenis dari genus atau famili yang sama. Gen penyandi *Cyt b* mempunyai ukuran 1140 pb, terletak diantara gen penyandi tRNAGlu dan gen penyandi tRNAThr pada DNA mitokondria (Izdiharini, 2023). Sekuen H3 kemudian dilakukan pensjajaran menggunakan BLAST pada website (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>).

Sekuen sampel H3 dianalisis menggunakan BLAST pada NCBI untuk membandingkan kemiripan sekuen dengan data *GenBank* yang tersedia di database NCBI. Hasil dari analisis, ditemukan 100 sekuen yang memiliki kemiripan tertinggi (Lampiran 4.). Sebanyak 10 sekuen dipilih dengan memperhatikan *E value*, *query cover*, dan *percent identity*. Nilai *E value* merepresentasikan jumlah perbedaan berdasarkan pensejajaran sekuen menggunakan skor dengan data sekuen yang ada pada database. Nilai *E value* yang rendah merepresentasikan rendahnya perbedaan sekuennya, apabila nilai mendekati 0 maka merepresentasikan tingginya homologi sekuen dengan data yang ada di database. *Query cover* merepresentasikan presentasi nukleotida yang mirip dengan sekuen yang ada pada database (Anagnostopoulus,

2011). Hasil pencocokan data genetik (BLASTn) menunjukkan bahwa hiu H3 paling mirip dengan dua jenis hiu, yaitu *R. terraenovae* dan *C. leucas*. Salah satu faktor yang mempengaruhi analisis BLASTn adalah data sekuen *Cyt b* yang masih sedikit jika dibandingkan dengan data barcode lainnya, seperti COI.

Hasil identifikasi BLASTn yang menunjukkan tingkat kemiripan tinggi (97-99%) umumnya adalah indikasi kuat bahwa sekuen tersebut berasal dari spesies yang sama, sehingga memiliki perbedaan genetik sedikit. Stackebrandt dan Geobel (1994) menyarankan 95%, bahkan bisa 85% jika pengelompokan secara cepat, tetapi hasil tersebut kurang akurat. Hasil kurang dari 90% menunjukkan bahwa sekuen tersebut memiliki perbedaan genetik yang lebih signifikan dari sekuen acuan dan variasi genetiknya cukup tinggi. Untuk membuktikan spesies sampel yang dimiliki dilakukan perbandingan data morfologi untuk memperkuat data.

Pada jenis-jenis ikan, gen *Cyt b* menunjukkan tingkat variasi genetik yang tinggi pada tingkat sekuen, yaitu sekitar 28% (Garci et al, 2000). Hasil analisis variasi genetik H3 pada wilayah *Cyt b* nukleotida *R. terraenovae* menunjukkan variasi yang tinggi pada tingkat intra spesies. Variasi tingkat tinggi mengacu pada perbedaan yang signifikan dalam sekuen DNA antar individu dalam satu spesies. Perbedaan ini bisa melibatkan perubahan yang cukup besar pada urutan gen,

seperti insersi atau delesi segmen DNA yang panjang, atau bahkan rearanjmen kromosom (Griffiths, 2000). Hasil *multiple sequence alignment* diperoleh nilai *conserved* sebanyak 627, nilai variabel sebanyak 126, serta tidak ditemukannya insersi dan delesi dari 126 nukleotida. Delesi adalah jenis mutasi gen yang terjadi karena hilangnya satu atau beberapa basa nitrogen. Transisi terjadi ketika terdapat pertukaran antar pasangan basa nitrogen sesama purin atau sesama pirimidin, sedangkan *transversi* terjadi ketika terdapat pertukaran antara pasangan basa nitrogen purin dengan pirimidin atau sebaliknya (Toha *et al.*, 2015).

Berdasarkan sejarah evolusi menurut Gingerich (2003), variasi genetik yang tinggi pada suatu populasi dapat dipengaruhi oleh beberapa faktor, seperti:

a. Variasi genetik dalam spesies

Isolasi geografis, tekanan seleksi yang berbeda, dan tingkat mutasi yang tinggi merupakan beberapa faktor yang dapat menyebabkan tingginya variasi genetik antar individu dalam satu spesies.

b. Evolusi cepat

Proses evolusi pada beberapa organisme dapat berlangsung sangat cepat. Mekanisme seperti mutasi yang tinggi, seleksi alam yang kuat, dan aliran gen yang terbatas dapat menyebabkan munculnya perbedaan genetik yang signifikan dalam waktu relatif singkat,

sehingga menghasilkan sekuen genetik dengan kemiripan kurang dari 90% di antara individu dalam satu spesies.

c. Struktur dan faktor lingkungan

Beberapa spesies memiliki struktur populasi yang terfragmentasi tinggi dengan banyak sub populasi yang terisolasi. Variasi genetik di antara sub populasi ini bisa sangat besar. Sekuen dari satu sub populasi mungkin memiliki kemiripan yang lebih rendah dengan sekuen dari sub populasi lain.

Faktor lingkungan dapat mempengaruhi tingkat kecocokan antara organisme, meskipun mereka mungkin berada di lingkungan yang serupa. Proses evolusi dapat memicu perubahan genetik dalam populasi organisme sebagai respons terhadap tekanan lingkungan yang berbeda. Perbedaan lingkungan seperti suhu, kelembaban, ketersediaan makanan, atau interaksi dengan organisme lain dapat mempengaruhi pola evolusi genetik organisme tertentu. Dalam hal ini, perbedaan genetik antara organisme yang mungkin berada di lingkungan yang serupa dapat dijelaskan dengan adaptasi genetik terhadap kondisi lingkungan yang berbeda.

Berdasarkan hasil analisis filogenetik, individu *C. leucas* asal Brasil, Taiwan, dan China dikelompokkan dalam satu klade monofiletik dengan dukungan *bootstrap* yang sangat tinggi (99-100%), mengindikasikan sejarah evolusi bersama

yang relatif baru. *C. falciformis* dan *H. microstoma* menempati posisi basal pada pohon filogenetik, menunjukkan divergensi *evolusioner* yang lebih awal dibandingkan dengan kelompok *C. leucas*. *R. terraenovae* (OP006802) dari Amerika Serikat membentuk *klade* yang berdekatan dengan sampel H3 Indonesia, mengindikasikan hubungan kekerabatan yang dekat. Namun, variasi genetik intraspesifik yang tinggi pada sampel H3 Indonesia menunjukkan adanya diversifikasi genetik yang signifikan dalam populasi ini. Kelompok *C. leucas* asal Australia dan Jepang juga membentuk klade *monofiletik* yang kuat, mendukung hipotesis tentang adanya subspecies atau populasi yang terisolasi secara geografis. Pohon filogenetik secara keseluruhan mengindikasikan bahwa sampel H3 Indonesia telah mengalami sejarah evolusi yang lebih kompleks dibandingkan dengan kelompok *C. leucas*.

4. Zoogeografi

Hiu spesies Hiu Hidung Tajam Atlantik memiliki biogeografi yang luas, namun secara khusus banyak ditemukan di perairan Laut Atlantik Meksiko. Distribusi geografis hiu *R. terraenovae* mencakup kawasan pesisir Atlantik Barat, dari Massachusetts di Amerika Serikat hingga ke selatan Meksiko. Di perairan ini, hiu *R. terraenovae* cenderung menghuni lingkungan *estuari* dan pantai yang hangat, memanfaatkan ekosistem pesisir yang kaya akan

mangsa seperti ikan kecil dan invertebrata. Kehadiran hiu *R. terraenovae* di Laut Atlantik Meksiko mencerminkan adaptasinya terhadap berbagai habitat laut pesisir yang produktif dan penting secara ekologis, menjadikannya spesies kunci dalam jaringan makanan laut regional tersebut (Gallo *et al.*, 2010).

Jalur individu dan umum hiu *Rhizoprionodon* tampaknya terkait dengan arus hangat, dimana jalur umum 1 terkait dengan Arus Teluk dan arus Khatulistiwa Utara dan Selatan, jalur umum 2 terkait dengan Arus Brasil, jalur umum 3 terkait dengan Arus Khatulistiwa Utara dan Selatan, jalur umum 4 terkait dengan Arus Leeuwin, dan jalur umum 5 terkait dengan Arus Australia Ekuatorial (Gambar 4.8.). Menurut Marquez-Farias *et al.* (2005), arus dingin tampaknya menghalangi *Rhizoprionodon* sehingga tersebar di perairan tropis. . Transisi dari musim dingin ke musim semi dan musim panas merupakan konsekuensi yang tidak diduga dari jalur individu *Rhizoprionodon* yang membatasi arus dingin di Atlantik.

R. terraenovae merupakan salah satu spesies hiu yang berhasil beradaptasi dengan kondisi perairan tropis Indonesia. Kondisi perairan yang hangat dan kaya nutrisi menjadi habitat ideal bagi spesies ini, yang memungkinkan mereka bermigrasi, berkembang biak dan mencari makan. Dengan kemampuan bermigrasi yang baik, *R. Terraenovae*

dapat ditemukan di berbagai wilayah tropis, dari perairan dangkal hingga perairan lepas pantai. Keberadaan *R. terraenovae* di perairan Indonesia tidak hanya mencerminkan kondisi lingkungan yang sesuai, tetapi juga menunjukkan perannya dalam ekosistem laut sebagai predator puncak dan kontributor dalam menjaga keseimbangan rantai makanan.

BAB V

PENUTUP

A. Kesimpulan

Berdasarkan analisis hasil penelitian yang telah dilakukan, dapat disimpulkan bahwa:

1. Penanda gen *Cyt b* efisien dalam mengidentifikasi ikan hiu yang ditemukan di TPI Wedung. Pasangan primer *Blues-F* (*forward*) dan *Blues-R* (*reverse*) berhasil mengamplifikasi fragmen DNA target dengan panjang 780 bp.
2. Analisis sekuen *Cyt b* menunjukkan adanya variasi genetik yang cukup tinggi pada sampel hiu H3 dibandingkan dengan sekuen *R. terraenovae* yang tersedia di *GenBank*. Persentase identitas sebesar 89,50% dan adanya 81 perbedaan nukleotida mengindikasikan adanya divergensi genetik yang signifikan. Tingkat Variasi genetik sebesar 14% mengindikasikan adanya perbedaan di antara individu dalam populasinya.

B. Saran

Saran yang dapat dilakukan untuk penelitian selanjutnya sebagai berikut:

1. Memeriksa kemurnian DNA menggunakan spektrofotometer UV-Vis untuk mendapatkan hasil yang akurat.
2. Menggunakan penanda molekuler lainnya, seperti *Cytochrome Oxidase* subunit I (COI) dan 16S untuk mendapatkan data genetika yang lebih akurat.

DAFTAR PUSTAKA

Aditya, Z. R. dan Sholahuddin. (2017). Perlindungan Hukum Ikan Hiu dan Pari untuk Menjaga Ekosistem Laut Indonesia. *Journal Legality*, Vol. 24 (2). <https://ejournal.umm.ac.id/index.php/legalitiy/article/view/4273>.

Abib R., wawancara pribadi, (14 Februari 2024). TPI Wedung.

Aditya, Z. R. dan Sholahuddin. (2017). Perlindungan Hukum Ikan Hiu dan Pari untuk Menjaga Ekosistem Laut Indonesia. *Journal Legality*, Vol. 24 (2). <https://ejournal.umm.ac.id/index.php/legalitiy/article/view/4273>.

Alaydrus IS, F. N. (2014). Jenis dan Status Konservasi Ikan Hiu yang Tertangkap di Tempat Pelelangan Ikan (TPI) Labuan Bajo, Manggarai Barat, Flores. *Jurnal Biologi*, 7(2): 83-88. <https://doi.org/10.15408/kauniyah.v7i2.2719>

Al-Shuhaib, M. B. S., & Hashim, H. O. (2023). Mastering DNA chromatogram analysis in Sanger sequencing for reliable clinical analysis. *Journal of Genetic Engineering and Biotechnology*, 21(1), 115.

Annisa Syifa dan Alin Halimatussadiah, (2022). Perbandingan Nilai Ekonomi Pemanfaatan Ekstraktif Dan Nonekstraktif Dari Hiu Dan Pari Di Meulaboh, Takalar, Dan Tanjung Luar. *Journal Sosek KP Vol. 17 hal: 1-17*.

- Barker, K. (1998). *Electrophoresis: a Laboratory Navigator*. Cold Spring Harbor Laboratory Press. New York. Chapter 15.
- Bennett, M. (2005). *The Role of Shark in The Ecosystem*. Lucia: School of Biomedical Sciences, The University of Queensland.
- Bingpeng, Xing, Lin, et al., (2018). DNA barcoding for identification of fish species in the Taiwan Strait. *Journal PloS one*, 13(6).
- Blanc, M. (2019). *Shark identification in Pacific tropical offshore fisheries*. Pasific Community Press, 3-4.
- Chomyn A, Attardi G. (2003). MtDNA mutations in aging and apoptosis. *Biochem Biophys Res Commun*. 304: 519–529. [https://doi.org/10.1016/s0006-291x\(03\)00625-9](https://doi.org/10.1016/s0006-291x(03)00625-9)
- Compagno, L.J.V. 1984. Sharks of the world, an annotated and illustrated catalogue of sharks species known to date. Part 1. Hexanchiformes to Lamniformes. *FAO Fisheries Synopsis No.125.4.1. Rome*
- Darmawan, d. S. (2012). Studi Pengelolaan Perikanan Hiu. *Marine Fisheries*, Hal: 149-159. <https://doi.org/10.29244/jmf.3.2.149-159>

- David M., Hillis, Craig Moritz, and Barbara Mable. (1996). *Molecular Systematics*. Oxford University Press, Incorporated.
- Dharmadi, F. (2013). *Pengenalan Jenis-jenis Hiu di Indonesia*. Jakarta: Erlangga Press.
- Dharmadi, F. (2013). *Tinjauan Status Perikanan Hiu dan Upaya Konservasinya di Indonesia*. Dalam F. d. Dharmadi, Direktorat Konservasi Kawasan dan Jenis Ikan Direktorat Jenderal Kelautan, Pesisir dan Pulau-Pulau Kecil, (hal. 179 pp.). Jakarta: Jakarta Press.
<https://www.researchgate.net/publication/339375475>
- Dulvy, F. S. (2014). Extinction risk and conservation of the world's sharks and rays. *Journal eLife*, 3:1-34.
<https://doi.org/10.7554/eLife.00590>
- Efendi, H. P., Dhewi, R. T., & Ricky, R. (2019). Keragaman Jenis dan Distribusi Panjang Ikan Hiu di Perairan Selat Makassar. *Prosiding Pusat Riset Perikanan*, 1(1), 33-42.
- Erlinda Afra Maulina. (2020). *Kajian Morfologi, Morfometrik, Dan Status Konservasi Jenis - Jenis Ikan Hiu Yang Dijual Di Tpi Pantai Utara Jawa Tengah*. Skripsi. Universitas Negeri Semarang, hal: 28-30.

- Faiqah, (2010). *Analisis Polimorfisme Gen NRAMP-1 (Natural Resistance Associated Macrophage Protein-1) Lokus 3'utr Terhadap Susceptibility Individu Pada Penderita Kusta Di Kota Makassar*. Pascasarjana, Universitas Hasanuddin.
- Fang, D.Q. and Roose M.L. (1997). *Identification of closely related Citrus cultivars with Inter Simple Sequence Repeats Markers*. Theoretical Genetics 95: 408-417.
<http://dx.doi.org/10.1007/s001220050577>
- Fatchiyah. (2008). *Mengenal Polymerase Chain Reaction Dasar Teknik Amplifikasi DNA & Aplikasinya*. Universitas Brawijaya Press, hal: 72-75.
- Fitriani Nur J. (2018). *Analisa Gen Cytochrome B Pada Kura Kura Kaki Gajah (Manouria Emys Emys) Untuk Mengetahui Kekerabatan Individu Di Predator Fun Parkbatu Dengan Metodepolymerase Chain Reaction*. (Skripsi Kedokteran Hewan) Universitas Brawijaya Pres. Hal: 27-28.
- Gallo V., M. J. Cavalvanti, R. L. F. Da Silva, and D. Pangoncelli, (2010). *Panbiogeographical analysis of the shark genus Rhizoprionodon (Chondrichthyes, Carcharhiniformes, Carcharhinidae)*. *Journal of Fish Biology*, 76. doi:10.1111/j.1095-8649.2010.02609

- Garci AG, G. Wlasiuk & EP. Lessa.2000. High levels of mitochondrial cytochrome b divergence in annuallkillifishes of the genus *Cynolebias* (Cyprinodontiformes, Rivulidae) Zool. *Journal Linnean Soc.*129: 93–110.
- Gaston, K. J., & Garson, J. (2011). The IUCN Red List: Biodiversity at the Brink of Extinction. *Science*, 332(6028), 1585-1586. <https://www.sciencemag.org/>
- Ghanam, M. G. (2022). *Biochemistry, Polymerase Chain Reaction*. India: Vrindafan Press. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/books/NBK535453/>
- Grace Mark (2001). *Field guide to requiem sharks (Elasmobranchi omorphi: Carcharhinidae) of the Western North Atlantic*. U. S. Department of Commerce Seattle, Washington.
- Graham N., Spalding, and Mark C. (2010). Reef shark declines in remote atolls highlight the need for multi-faceted conservation action. *Aquatic Conserv: Mar. Freshw. Ecosys.*, 20:543-548. [http://dx. doi.org/0.1002/aqc.1116](http://dx.doi.org/0.1002/aqc.1116)
- Griffiths, A. J. F., et al. (2000). *An Introduction to Genetic Analysis*. W. H. Freeman.

- Gummadi, and Stave A. (2020). Review on Electroforesis, capillary electroforesis and Hyphenation. *International Journal of Pharmacheutical Sciences and Research*, 11-12. [http://dx.doi.org/ 10.13040/IJPSR.09758232.11\(12\).6038-56](http://dx.doi.org/10.13040/IJPSR.09758232.11(12).6038-56)
- Handoyo, D., dan Rudiretna, A. (2001). *Prinsip Umum dan Pelaksanaan Polymerase Chain Reaction (PCR)*. Unitas Press, 9(1), 17–29.
- Hardika. (2019). Koordinasi Tempat Pelelangan Ikan (TPI) Demak. <https://demakkab.go.id> diakses 18 mei 2024.
- Hartatik, T. (2021). *Analisis Genetika Molekuler Sapi Madura*. Gadjah Mada University Press. [https://ugmpress.ugm.ac.id/id/ product/ peternakan/ analisis-genetika-molekuler-sapi-madura](https://ugmpress.ugm.ac.id/id/product/peternakan/analisis-genetika-molekuler-sapi-madura).
- Hasan V., 2020. First inland record of bull shark *Carcharhinus leucas* (Müller & Henle, 1839) (Carcharhiniformes: Carcharhinidae) in Celebes, Indonesia. *Journal Ecologica Montenegrina*, hal 38: 12-17. DOI: 10.37828/em.2020.38.3.
- Hediningsih Yekti, Muh. Norhafid, M. Wahyuni, et al. (2023). Optimization and Evaluation of Whole genome

sequencing of SARS CoV-2 at the Center for Health Laboratory and Testing of Medical Devices in Central Java Province. *Journal Health Information*, vol. 15, no. 1.

Holmes, B. H., Steinke, D., Ward, R. D. 2008. Identification of shark and rays fins using DNA Barcoding. *Fisheries Research*, 95(2),280- 288. <http://dx.doi.org/10.1016/j.fishres.2008.09.036>

Indraswari, A. S. (2021). *Elektroforesis* : Molecular analysis of pathogenic escherichia coli isolated from cow meat in yogyakarta, indonesia using 16s rrna gene. *Biodiversitas*, 22 (10). <https://doi.org/10.13057/biodiv/d221050>

Izdiharini M. A. (2023). *Primer Spesifik Prionace glauca berbasis marka cyt b untuk autentikasi produk olahan hiu*. (skripsi), Institut Pertanian Bogor.

Joshi, M. A. (2011). Polymerase Chain Reaction: Methods, Principles and Aplication. *International Journal of Biomedical Research*, 81-97. <http://dx.doi.org/10.7439/ijbr.v2i1.83>

Karami B., Moradi Y., Motallebi A., Hosseini E., and Soltani M. (2013). Effects of frozen storage on fatty acids profile, chemical quality indices and sensory properties of red

tilapia (*Oreochromis niloticus* x *Tilapia mosambicus*) fillets.
Iranian Journal of Fisheries Sciences. 12(2): 378-388.
<http://jifro.ir/article-1-996-en.html>

Kimura M, (1980). A simple method for estimating evolutionary rate of base substitutions through comparative studies of nucleotide sequences. *Journal of Molecular Evolution*, 16:111-120. <https://doi.org/10.1007/bf01731581>

Kolondam, B. J. (2020). Comparison of CYB Gene Sequence for Species Identification of Tuna Fish. *Jurnal Ilmiah Platax*, 8(2), 257-263.

Kusnadi, J., & Arumingtyas, E. L. (2020). *Polymerase chain reaction* (PCR): teknik dan fungsi. Universitas Brawijaya Press.

Leone Agostino, I. U. (2017). Genetic differentiation and phylogeography of Mediterranean-North Eastern Atlantic blue shark (Prionace). *Journal PeerJ*, 14. <http://dx.doi.org/10.7717/peerj.4112>

Lewis, M. (2011). *Agarose Gel Electrophoresis (Basic Method)*. *Biological Protocols*. England: University of Liverpool. <https://doi.org/10.3791%2F3923>

Mack Dutty, M. (2008). *The Eyewitness: Shark*. New York: United States: DK Publisier.
<https://www.amazon.com/SHARK-EyewitnessBooksMirandaMacquitty/dp/0789464500>

Maksum Imam Pernama, Sriwidodo, Shabarni Gaffar, et al. (2017). *Teknik Biologi Molekuler: Karakterisasi fragmen DNA hasil PCR dengan elektroforesis gel agarosa*. Penerbit: Alqaprint Jatinagor, hal: 8-10.

Marquez-Farias, J. F., Corro-Espinosa, D. & Castillo-G'eniz, J. L. (2005). Observations on the biology of the Pacific sharpnose shark (*Rhizoprionodon longurio*, Jordan and Gilbert, 1882), captured in Southern Sinaloa, M'exico. *Journal of Northwest Atlantic Fishery Science* 35, 107–114.

Mauricio Hoyos-Padilla E., et all. (2011). Reproductive Biology of the Silky Shark *Carcharhinus falciformis*. *International Journal of Ichthyology*, vol. 18 no. 1. https://www.researchgate.net/publication/313313888_Reproductive_biology_of_silky_shark_Carcharhinus_falciformis_off_the_west_coast_of_Baja_California

Megalofonou, P., Damalas D., and De Metrio G. (2009). Biological characteristics of blue shark, *Prionace glauca*,

in the Mediterranean Sea. *Journal of the Marine Biological Association of the United Kingdom* 89(06): 1233_1242. <https://doi.org/10.1017/S0025315409000216>.

Melnick, D. J., & Hoelzer, G. A. (1993). *What is mtDNA good for in the study of primate evolution*. Evolutionary Anthropology, Harpern Collin press. 2, 1-10. <https://doi.org/10.1080%2F23802359.2019.1700837>

Mohsen, M. G. (2019). Polymerase Synthesis of Four-Base DNA from two Stable Dimeric Nucleotides. *Nucleic Acids Research*, 78 No. 18. <https://doi.org/10.1093/nar/gkz741>

Mopay Maratude, Stenly Wullur, Hens Onibala, et al. (2020). Identifikasi Molekuler dan Status Konservasi Hiu dari Perdagangan Sirip Kota Manado Sulawesi Utara. *Platax*. Vol. 9, No. 2. <https://ejournal.unsrat.ac.id/index.php/platax/article/download/36016/34394>

Muhammad, et al, (2020). *Tafsir Al-Qur'an jilid 1*. Jakarta Press.

Muladno (2010). *Teknologi Rekayasa genetika*, Edisi Kedua. Bogor: IPB Pres. <https://ipbpress.com/product/316-teknologi-rekayasa-genetika-edisi-kedua>

- Nafiu Ode La and M. amrullah P., (2020). *Teknologi Biomarka Molekuler*. Universitas Halu Oleo Press. Hal: 37
- Narita V, Arum AL, Isnaeni SM, dan Fawzya NY. (2012). Analisis Bioinformatika Bebas WEB untuk Eksplorasi Enzim Kitonase Berdasarkan Kemiripan Sekuens. *Jurnal Al-Azhar*, Indonesia Seri Sains dan Teknologi, 1(4): 197–203.
- Nei M. (1987). *Molekuler evolutionary genetics*. New York: Columbia University Press. <https://cup.columbia.edu/book/molecular-evolutionarygenetics/9780231063210>
- Nugraha B., Dharmadi D., dan Wiadnyana N., (2020). Status Pemanfaatan dan Upaya Penanganan Hiu Paus (*Rhincodon typus*) terdampar di perairan Indonesia. *Jurnal kebijakan perairan Indonesia*, 12 (1). Hal: 47-57.
- Nuziana, A., Nurcahyati, R., & Utami, R. D., (2022). Mitochondrial DNA Analysis of Shark Fin Samples for Species Identification and Conservation. *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science*. Volume 1124 (1), Hal: 12-17. <https://iopscience.iop.org/article/10.1088/1755-1315/278/1/012049/meta>
- Octavia M., (2021). Kontaminasi PCR barcode Cytochrome b. *Jurnal Bioteknologi*. Hal. 2

Ovenden JR, Kashiwagi T, Broderick D, Giles J, Salini J. (2019).

The extent of population genetic subdivision differs among four co-distributed shark species in the Indo-Australian archipelago. *BMC Evolutionary Biology*, 9:40. <https://doi.org/10.1186/1471-2148-9-40>

Permana, R. dan Fadhilah, N. A. (2022). Status Konservasi Biota Laut yang Teridentifikasi di Tempat Pelelangan Ikan (TPI) Kabupaten Pangandaran, Jawa Barat. *Jurnal Ilmu-ilmu Perikanan dan Budidaya Perairan*. Vol. 17, No. 1. <https://doi.org/10.31851/jipbp.v17i2.7733>

Pinhal, D., M.S. Shivji, M. Vallinoto, D.D. Chapman, O.B.F. Gadig and C. Martins. (2011). Cryptic hammerhead shark lineage occurrence in the Western South Atlantic revealed by DNA analysis. *Marine Biology. Online First™*, 23 December 2011

Prasetyo A. P., Devitt, A. D., Murray, et al., (2021). Shark and ray trade in and out of Indonesia: Addressing knowledge gaps on the path to sustainability. *Marine Policy*, Vol. 133, No. 104714. <http://dx.doi.org/10.1016/j.marpol.2021.104714>

Raharjo (2009). *Hiu dan Pari Indonesia*. Jakarta: Balai Riset Kelautan dan Perikanan.

- Rahman, A. (2010). *Keberagaman Struktur Morfologis dan Gen Cytochrome b*. Bogor: IPB Press.
- Rigby C.L., Sherman C.S., Chin A. (2017). *Carcharhinus falciformis*. The IUCN Red List of Threatened Species 2017:e.T39370A117721799. <https://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2017-3.RLTS.T39370A117721799>
- Rohman, (2019). *Tafsir Al-Qur'an Kementerian Agama*. Majlis Ulama Indonesia online, hal 82-84.
- Sasminoto, (2020). Pemetaan Perikanan Kecamatan Wedung. <https://demakkab.go.id> diakses 18 mei 2024.
- Sasmito, B. (2020). Analisis perubahan garis pantai akibat kenaikan muka air laut Pantai Kabupaten Demak. *Elipsoida: Jurnal Geodesi dan Geomatika*, 3(02), 178-184.
- Schmid, G. S. (2014). *Molecular Biology LabFax II*. Elsevier.
- Setiati Ning, dan Partaya. (2021). *Struktur ikan hiu: Biologi dan Jenis-Jenis Ikan Elasmobranchii Di TPI Pantai Utara Jawa Tengah*. Penerbit: Lembaga Penelitian dan Pengabdian Masyarakat (LPPM) Universitas Negeri Semarang. Hal 2-8.

- Sukweenadhi, Johan (2023). *Pengertian dan Penyusunan Biogenetik Hayati*. In: Bahan Alam Hayati. Eureka Media Aksara, Purbalingga, pp. 9-25. ISBN 978-623-151-461-5
- Sumarto Saroya, Herni E.I., Roni Koneri, dan Ratna S., (2012). *Biologi Konservasi*. Cv. Patra Media Gravindo Bandung, hal: 18-20.
- Sutedjo, Y., & Mardiasuti, E. (2018). Peran Masyarakat dan Lembaga Swadaya Masyarakat dalam Pengelolaan Kawasan Konservasi Suaka Margasatwa Cagar Alam Gunung Ciremai. *Jurnal Biodiversitas*, 19(2), 507-514. <https://biologyjournal.brin.go.id/>
- Suwarno, A., dan Fahmi, R., (2016). Biologi dan Ekologi Hiu di Perairan Indonesia. *Jurnal Ilmu Kelautan dan Perikanan*, Vol. 15, No. 1 (2016), pp. 1-10. <https://garuda.kemdikbud.go.id/documents/detail/2912877>
- Thompson, J.D., Higgins, D.G., & Gibson, T.J. (1994). CLUSTAL W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position-specific gap penalties and weight matrix choice. *Nucleic Acids Research*, 22(22), 4673-4680.

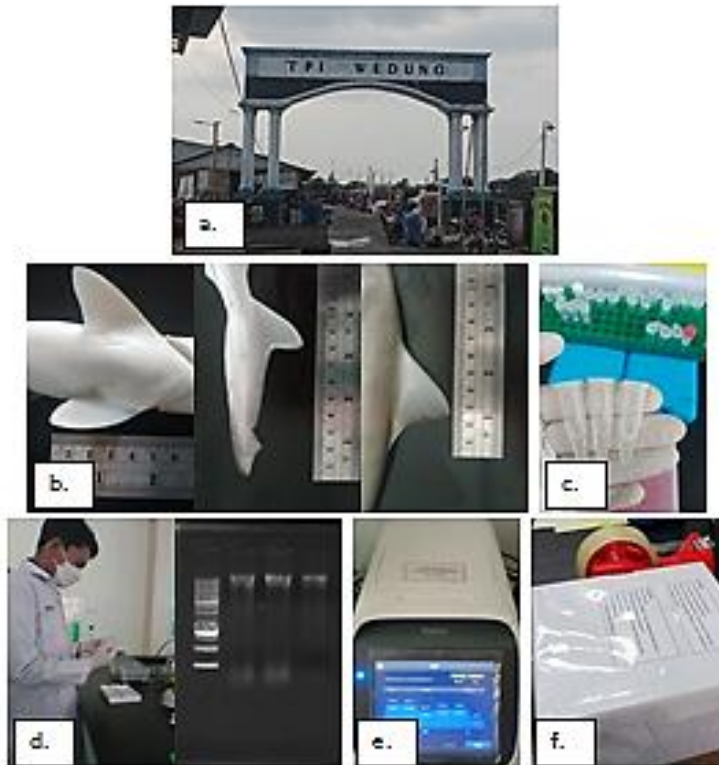
- Toha A. H., Widodo N., Hakim L. Dan Sumitro, (2015). *Rekombinasi Genetik*. Universitas Papua Press, hal: 18-25.
- Warmadewi, D. A. (2017). *Buku Ajar Mutasi Genetik*. Universitas Udayana Denpasar.
- White WT, Corrigan S, Yang L, Henderson AC, Bazinet AL, Swofford DL, et al. Phylogeny of the manta and devilrays (Chondrichthyes: mobulidae), with an updated taxonomic arrangement for the family. *Zool J Linn Soc*. 2017;182(1):50–75.
- White, W. T., . R. Last, J. D. Stevens, G. K. Yearsley, Fahmi & Dharmadi. (2006). *Economically Important sharks and Rays of Indonesia*. National Library of Australia Cataloging-in-Publication entry. Australia, 329 p.
- Wijayanti (2006). *Kajian penanda genetik gen Cytochrome b dan daerah DLoop pada Tarsius sp*. Disertasi Pasca Sarjana. Institut Pertanian Bogor, Bogor.
<https://repository.ipb.ac.id/handle/123456789/10051>
- Yulianto I, B. H. (2018). Practical measures for sustainable shark fisheries: Lessons learned from an Indonesian

targeted shark fishery. *Plos One*, 13(11): 1-18.
<http://dx.doi.org/10.1371/journal.pone.0206437>

Yunus M. (2019). *Tafsir Al-Qur'an Kementrian Indonesia*.
Jakarta: Airlangga Press.

LAMPIRAN-LAMPIRAN

Lampiran 1. Dokumentasi Penelitian



Keterangan: (a.) Sampling TPI Wedung, (b.) Identifikasi Morfologi, (c.) Ekstraksi DNA, (d.) Pengecekan DNA, (e.) Amplifikasi PCR, dan (f.) Pengiriman sampel DNA ke *1st Base Laboratoris Sequencing*, Malaysia.

Lampiran 2. Kunci Determinasi

- 1a. Single gill opening on each side of head (fig. 1) Chimaeridae, chimerae
fig. 3; 308
Terdapat satu buah celah insang di tiap sisi kepala (gambar 1) Chimaeridae, hiu hantu
gambar 3; 308
- b. 5-7 gill openings on each side of head (fig. 2) 2
5-7 celah insang di tiap sisi kepala (gambar 2) 2
- 2a. Gill slits on undersurface of head (fig. 4); body somewhat flattened, ray-like (fig. 4) 3
Insang berada di bagian bawah kepala (gambar 4); bentuk tubuh memipih, seperti pari (gambar 4) 3
b. Gill slits on sides of head (fig. 5); body more or less tautform, shark-like (fig. 5) 14
Insang berada di samping kepala (gambar 5); tubuh seperti cerutu, bentuk hiu (gambar 5) 14
- 3a. Snout saw-like, flattened, armed with lateral teeth (fig. 6) .. Pristidae, sawfishes
fig. 6; 196
Moncong seperti gergaji, pipih, dilengkapi dengan gigi-gigi samping (rostrum) (gambar 6) Pristidae, hiu gergaji
gambar 6; 196
- fig./gambar 1
- fig./gambar 2
- fig./gambar 3
- fig./gambar 4
- fig./gambar 5
- fig./gambar 6
- fig./gambar 7
- fig./gambar 8
- fig./gambar 9
- fig./gambar 10
- fig./gambar 11
- fig./gambar 12
- fig./gambar 13
- fig./gambar 14
- fig./gambar 15
- fig./gambar 16
- fig./gambar 17
- fig./gambar 18
- fig./gambar 19
- fig./gambar 20
- fig./gambar 21
- fig./gambar 22
- fig./gambar 23
- fig./gambar 24
- fig./gambar 25
- fig./gambar 26
- fig./gambar 27
- fig./gambar 28
- fig./gambar 29
- fig./gambar 30
- fig./gambar 31
- fig./gambar 32
- fig./gambar 33
- fig./gambar 34
- fig./gambar 35
- 14a. A single dorsal fin (fig. 27); 6 or 7 gill slits on each side of head Hexanchidae, cow sharks
fig. 27; 40
Memiliki satu strip punggung (gambar 27); 6 atau 7 celah insang di bagian sisi kepalanya Hexanchidae, hiu kucing
gambar 27; 40
- b. 2 dorsal fins (fig. 28); 5 gill slits on each side of head (fig. 28) 15
Memiliki dua strip punggung (gambar 28); 5 buah celah insang di bagian sisi kepala (gambar 28) 15
- 15a. Anal fin absent (fig. 29) 16
Tidak memiliki strip anus (gambar 29) 16
- b. Anal fin present (fig. 28) 20
Memiliki strip anus (gambar 28) 20
- 16a. Mouth terminal on head; body flat; pectoral fins very large, with anterior lobes overlapping gill slits (fig. 30) 30
Squatridae, angel sharks
fig. 30; 76
Letak mulut diujung kepala; tubuh pipih; strip dada sangat besar dengan cuping bagian depan bertumpang tindih dengan celah insang (gambar 30) Squatridae, hiu kodok
gambar 30; 76
- b. Snout not saw-like, no rostral teeth ... 4
Moncong tidak seperti gergaji, tidak memiliki gigi rostrum 4
- 4a. Two prominent dorsal fins (fig. 7); 1st dorsal fin originating closer to pelvic fins than to tail tip (fig. 7) 5
Terdapat dua strip punggung (gambar 7); pangkal strip punggung pertama lebih dekat ke strip perut daripada ke ujung ekor (gambar 7) 5
- b. 0-2 dorsal fins; 1st dorsal fin originating closer to tail tip than to pelvic-fin insertions when 2 fins are present (fig. 8) 8
0-2 strip punggung; pangkal strip punggung pertama lebih dekat ke ujung ekor daripada ke celah di belakang strip perut bila kedua strip ada (gambar 8) 8
- 5a. Ventral lobe of caudal fin well developed (fig. 9); pectoral and pelvic fins not touching (fig. 9) 6
Terdapat lubang yang jelas di pangkal ekor bagian atas (gambar 9); strip dada dan strip perut tidak bersentuhan (gambar 9) 6
- b. Ventral lobe of caudal fin not well defined (fig. 7); pectoral and pelvic fins touching or overlapping (fig. 7) 7
Lubang di pangkal ekor bagian atas tidak jelas atau tidak ada (gambar 7); strip dada dan strip perut bersentuhan atau tumpang tindih (gambar 7) 7
- 6a. Snout triangular (fig. 10); back with small thorn only 10
Rhynchobatidae, guitarfishes
fig. 10; 208
- b. Mouth on undersurface of head (fig. 31); body cylindrical to slightly flattened; pectoral fins relatively small, without anterior lobes (fig. 31) 17
Mulut berada di bagian bawah kepala (gambar 31); tubuh silindris hingga hampir pipih; strip dada relatif kecil, tanpa cuping depan (gambar 31) 17
- 17a. Both dorsal fins without fin spines (fig. 32) Dalatiidae, knifefish sharks
fig. 32; 60
Kedua strip punggung tidak memiliki duri keras/aji (gambar 32) Dalatiidae, hiu tikus
gambar 32; 60
- b. A fin spine present at origin of both dorsal fins (although sometimes very small) (fig. 33) 18
Terdapat sebuah duri/aji di tiap pangkal strip punggungnya (kadang sangat kecil) (gambar 33) 18
- 18a. Teeth in both jaws similar in shape and size Squallidae, dogfish sharks
fig. 34; 66
Gigi di kedua rahang sama bentuk dan ukurannya Squallidae, hiu botol
gambar 34; 66
- b. Upper-jaw teeth markedly different in shape and/or size to lower-jaw teeth (fig. 35) 19
Gigi pada rahang atas berbeda bentuk dan/atau ukurannya dengan gigi pada rahang bawah (gambar 35) 19

- 19a. Upper-jaw teeth rather broad, nearly as broad as tall near base of cup (fig. 35a) Centrophoridae, gulper sharks
fig. 36; 46



fig./gambar 36

Cigi pada rahang atas agak lebar, lebar dasar giginya hampir sama panjang dengan tingginya (gambar 35a) Centrophoridae, hiu taji
gambar 36; 46

- b. Upper-jaw teeth rather narrow, much narrower than tall near base of cup (fig. 37) Scombridae, sleeper sharks
fig. 38; 64



fig./gambar 37

Cigi pada rahang atas agak ramping, lebar dasar giginya jauh lebih ramping dari tingginya (gambar 37) Scombridae, hiu tikus
gambar 38; 64



fig./gambar 38

- 20a. Head with lateral expansions, hammer-shaped (fig. 39) Sphyrnidae, hammerhead sharks
fig. 39; 180

Bentuk kepala melebar ke samping, seperti martil (gambar 39) Sphyrnidae, hiu martil
gambar 39; 180

- b. Head not expanded laterally 21
Kepala tidak melebar ke samping 21



fig./gambar 39

- 21a. Caudal-fin upper lobe equal to or more than half total length, lower lobe distinct (fig. 40) Alopiidae, thresher sharks
fig. 40; 94

Panjang sirip ekor bagian atas hampir sama atau lebih panjang dari separuh panjang totalnya, bagian bawah berbeda (gambar 40) Alopiidae, hiu menyey
gambar 40; 94



fig./gambar 40

Mata sangat besar (gambar 55); celah insang memanjang hingga bagian atas kepala; terdapat lunas (keel) yang lemah di kedua sisi pangkal ekornya Pseudocarcharias, hiu buaya
gambar 55; 106



fig./gambar 55

- b. Eyes relatively small (fig. 54); gill openings not extending onto dorsal surface of head (fig. 54); caudal keels absent 29

Mata relatif kecil (gambar 54); celah insang tidak memanjang hingga bagian atas kepala (gambar 54); tidak ada lunas (keel) di pangkal ekornya 29



fig./gambar 57

- 29a. Eyelid fixed, not capable of closing over eye (fig. 56) Odontaspidae, sand tiger sharks
fig. 58; 102

Kelopak mata tetap, tidak bisa digerakkan untuk menutup mata (gambar 56) Odontaspidae, hiu anjing
gambar 58; 102



fig./gambar 58

- b. Eyelid capable of closing over eye (nictitating) (fig. 57) 30
Kelopak mata dapat digerakkan untuk menutup mata (gambar 57) 30



fig./gambar 59

- 30a. 1st dorsal-fin origin over or behind pelvic-fin bases (fig. 59) Sclerorhynchidae, catsharks
fig. 59; 172

Pangkal sirip punggung pertama berada di atas atau di belakang dasar sirip perut (gambar 59) Sclerorhynchidae, hiu tokek
gambar 59; 172



fig./gambar 60

- b. 1st dorsal-fin origin well ahead of pelvic-fin bases (fig. 60) 31
Pangkal sirip punggung pertama berada di depan dasar sirip perut (gambar 60) 31

Kepala dan tubuh sangat memipih; terdapat rumbai-rumbai kulit di sisi kepala (gambar 51) Orectolobidae, hiu kodok
gambar 51; 88



fig./gambar 52

- b. Head and body cylindrical; no dermal flaps on sides of head (fig. 52) Hemiscyllidae, bamboo sharks
fig. 52; 80

Kepala dan tubuh silindris; tidak ada rumbai-rumbai kulit di sisi kepala (gambar 52) Hemiscyllidae, hiu bodoh
gambar 52; 80



fig./gambar 53

- 27a. Caudal fin almost symmetrical, lunate (fig. 53); a strong keel on either side of caudal peduncle (fig. 53) Lamnidae, mackerel sharks
fig. 53; 98

Sirip ekor hampir simetris, seperti bulan sabit (gambar 53); terdapat lunas (keel) di kedua sisi pangkal ekornya (gambar 53) Lamnidae, hiu tenggiri
gambar 53; 98



fig./gambar 54

- b. Caudal fin asymmetrical, heterocercal (fig. 54); keel on each side of caudal peduncle low or absent (fig. 54) 28

Sirip ekor tidak simetris, bagian atas lebih panjang dari bagian bawah (gambar 54); lunas (keel) di pangkal ekor tidak ada atau lemah (gambar 54) 28

- 28a. Eyes very large (fig. 55); gill openings extending onto dorsal surface of head; low caudal keel present Pseudocarcharias, crocodile sharks
fig. 55; 106



fig./gambar 55

- 31a. Precaudal pits absent (fig. 61); dorsal caudal-fin margin smooth (fig. 61) 32
Lekukan/lubang di pangkal ekor tidak ada (gambar 61); bagian sisi atas sirip ekor halus (gambar 61) 32



fig./gambar 61

- b. Precaudal pits present (fig. 62); dorsal caudal-fin margin typically rippled (fig. 62) 33

Terdapat lubang di pangkal ekor (gambar 62); bagian sisi atas sirip ekor bergelombang (gambar 62) 33



fig./gambar 62

- 32a. 1st dorsal fin very long, about equal to length of caudal fin (fig. 63); spiracles about as long as eyes Pseudotriakidae, false catsharks
fig. 63; 170

Sirip punggung pertama sangat panjang, hampir sama panjang dengan panjang sirip ekor (gambar 63); spirakel hampir sama panjang dengan mata Pseudotriakidae, hiu tahu
gambar 63; 170



fig./gambar 63

- b. 1st dorsal fin short, about two thirds caudal fin length or less (fig. 64); spiracles much smaller than eyes Triakidae, hound sharks
fig. 64; 188

Sirip punggung pertama pendek, sekitar dua pertiga panjang sirip ekor atau kurang (gambar 64); spirakel lebih kecil dari mata Triakidae, hiu karang
gambar 64; 188

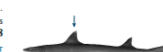


fig./gambar 64

- 33a. Spiracles present; intestine with a spiral valve (fig. 67) Hemigaleidae, veal sharks
fig. 65; 162

Terdapat spirakel; usus memiliki katup spiral (gambar 67) Hemigaleidae, hiu kacang
gambar 65; 162



fig./gambar 65

b. Spiracles absent (except in *Galeorho*
and sometimes *Loxodon*, *Negaprion* and
Triaenodon); intestine with a scroll valve
(fig. 68) *Carcharhinidae*, whale sharks
fig. 66; **108**
Spirakel tidak ada (kecuali pada *Galeo-*
rordo dan kadang-kadang *Loxodon*,
Negaprion dan *Triaenodon*); usus memiliki
katup seperti gulungan (gambar 68)
Carcharhinidae, hiu bali
gambar 66; **108**



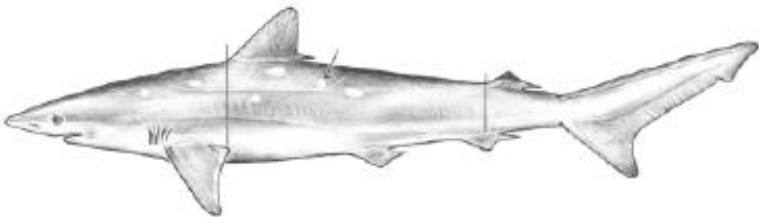
fig./gambar 66



fig./gambar 67



fig./gambar 68



Keterangan: Pengamatan genus sampai spesies

Lampiran 3. Urutan sekuen ikan hiu H3

➤ *Consensus*

TTTCNTAGCCTTCTCCTCAGTAGTTCACATCTGTGCGG
 ACGTCAACTATGGCTGACTCATCCGTAATACCCACGCT
 AATGGAGCCTCACTATTCTTCATCTGTGTATATCTCCA
 TATTGCCCCGAGGATTATACTATGGCTCCTACCTTTATA
 AAGAAACATGAAATATTGGTGTAATTCTCCTCTTCCTA
 TTAATAGCAACGGCCTTCGTGCGCTACGTCTTGCCATG
 AGGACAAATATCCTTTTGAGGCGCCACTGTTATTACCA
 ACCTTCTATCCGCATTCCCTTATATTGGAGACATACTAG
 TACAATGAATTTGAGGAGGCTTTTCAGTAGATAACGCC
 ACCCTTACACGCTTTTTTGCCTTCCACTTTCTCCTCCCA
 TTCTTAATTCTAGCTCTAACAATTATTCACCTTCTGTTC
 CTCCATGAAACAGGTTCTAACAATCCCCTAGGCATCAAC
 TCTGATGCTGATAAAATCTCATTCCACCCCTACTTCTCC
 TATAAAGATCTTCTCGGCTTCTTCGTCATAATTATTTCC
 TTAGCCGCATTAACCCTATTCTTACCTAATCTATTAGGA
 GATGCTGAAAACCTTTATCCCAGCTAACCCACTCGTCACT
 CCACCCCATATCAAACCCGAATGATACTTCTTATTCGCT
 TATGCAATTCTACGCTCCATTCCCAATAAATTAGGAGG
 AGTCCTAGCCCTCCTATTCTCCATTTTTTATCCTAATACT
 AGTTCCTCTCCTTCACACCTCCAAACAACGAAGCACAC

➤ *Forward*

TAAAATGGAGAATAGGAGGGCTAGGACTCCTCCTAATT
 TATTGGGAATGGAGCGTAGAATTGCATAAGCGAATAAG

AAGTATCATTCGGGTTTGATATGGGGTGGAGTGACGAG
TGGGTTAGCTGGGATAAAGTTTTTCAGCATCTCCTAATA
GATTAGGTAAGAATAGGGTTAATGCGGCTAAGGAAATA
ATTATGACGAAGAAGCCGAGAAGATCTTTATAGGAGAA
GTAGGGGTGGAATGAGATTTTATCAGCATCAGAGTTGA
TGCCTAGGGGATTGTTAGAACCTGTTTCATGGAGGAAC
AGAAGGTGAATAATTGTTAGAGCTAGAATTAAGAATGG
GAGGAGAAAGTGGGAAGGCCAAAAAGCGTGTAAGGGTGG
CGTTATCTACTGAAAAGCCTCCTCAAATTCATTGTACTA
GTATGTCTCCAATATAAGGGAATGCGGATAGAAGGTTG
GTAATAACAGTGGCGCCTCAAAGGA

Lampiran 4. Daftar sekuen hasil BLASTn

No.	Nama Spesies	Daerah	Jumlah (sekuen)
1.	<i>R. terraenovae</i>	Amerika Serikat	1
2.	<i>C. leucas</i>	Brazil	8
3.	<i>C. leucas</i>	Taiwan	2
4.	<i>C. leucas</i>	China	3
5.	<i>C. leucas</i>	Japan	2
6.	<i>C. leucas</i>	Australia	12

Lampiran 5. Tabel variasi genetik

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17
H3_Indonesia																	
OP056802.1 <i>R. terraenovae</i> Amerika Serikat	0.14995																
OP006995.1 <i>C. leucas</i> China	0.15343	0.15794															
OP006997.1 <i>C. leucas</i> Brazil	0.15343	0.15794	0.00000														
OP006996.1 <i>C. leucas</i> Brazil	0.15343	0.15794	0.00000	0.00000													
OP006998.1 <i>C. leucas</i> Brazil	0.15343	0.15794	0.00000	0.00000	0.00000												
OP006999.1 <i>C. leucas</i> Brazil	0.15343	0.15794	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000											
OP007009.1 <i>C. leucas</i> Taiwan	0.15343	0.15794	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000										
OP007106.1 <i>C. leucas</i> Japan	0.15343	0.16899	0.01382	0.01382	0.01382	0.01382	0.01382	0.01382									
OP007111.1 <i>C. leucas</i> Australia	0.15343	0.16899	0.01382	0.01382	0.01382	0.01382	0.01382	0.01382	0.00000								
OP007116.1 <i>C. leucas</i> Australia	0.15343	0.16899	0.01382	0.01382	0.01382	0.01382	0.01382	0.01382	0.00000	0.00000							
OP007117.1 <i>C. leucas</i> Australia	0.15343	0.16899	0.01382	0.01382	0.01382	0.01382	0.01382	0.01382	0.00000	0.00000	0.00000						
OP007119.1 <i>C. leucas</i> Australia	0.15343	0.16899	0.01382	0.01382	0.01382	0.01382	0.01382	0.01382	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000					
OP007122.1 <i>C. leucas</i> Australia	0.15343	0.16899	0.01382	0.01382	0.01382	0.01382	0.01382	0.01382	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000	0.00000				
OP007104.1 <i>C. leucas</i> Australia	0.15081	0.15525	0.00956	0.00956	0.00956	0.00956	0.00956	0.00956	0.00956	0.00956	0.00956	0.00956	0.00956	0.00956			
NC_029400.1 <i>Hemigaleus microstoma</i>	0.22779	0.22042	0.21320	0.21320	0.21320	0.21320	0.21320	0.21320	0.21640	0.21640	0.21640	0.21640	0.21640	0.21640	0.20692		
MN943498.1 <i>Carcharhinus falciiformis</i>	0.17612	0.20912	0.11841	0.11841	0.11841	0.11841	0.11841	0.11841	0.10916	0.10916	0.10916	0.10916	0.10916	0.10916	0.11144	0.23041	

DAFTAR RIWAYAT HIDUP

A. Identitas Diri

1. Nama : Abdullah Azam
2. Tempat, Tanggal Lahir : Demak, 11 Mei 2002
3. Alamat Rumah : Desa Tempel, Rt: 01,
Rw: 02, Kec. Wedung, Kab.
Demak
4. Nomor HP : 085156763370
5. E-mail : Abdullahazam24434@gmail.com

B. Riwayat Pendidikan

1. Pendidikan Formal
 - a. SDN Tempel
 - b. MTs Al-Hikmah Pasir
 - c. MA YPKM Raden Fatah Demak
2. Pendidikan Non-Formal
 - a. Pondok Pesantren Salaf Nurul Asna
 - b. Pondok Pesantren Nurul Anwar
 - c. Pondok Pesantren Al-Qur'an Al-Masthuriyah

C. Karya Ilmiah

1. Syaifudin, A., Astuti, F. P., Dyana, H., **Azam, A.**, Fauziah, A., Roshif, M. Q., Haikal, A., & Latifah, A. N. (2024). Pemberdayaan Masyarakat Dalam Upaya Mandiri

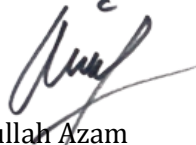
Pangan Melalui Hidroponik. *Prima Abdika: Jurnal Pengabdian Masyarakat*, 4(1), 167-174.

<https://doi.org/10.37478/abdika.v4i1.3324>

2. Syaifudin, A., **Azam, A.**, Avitasari, R., Lestari, Y. D., Lutfi, J., Maula, I. S., Mauludi, A., Karnila, K., Nadhiroh, A. L., Sari, S. P. N. W., & Astuti, F. P. (2024). Pemberdayaan Masyarakat Desa Dalam Pemanfaatan Sampah Organik Melalui Pelatihan Pembuatan Pupuk Organik. *Prima Abdika: Jurnal Pengabdian Masyarakat*, 4(1), 175-183.

<https://doi.org/10.37478/abdika.v4i1.3326>

Semarang, 3 Juli 2024



Abdullah Azam

2008016054