

KAJIAN MORFOMETRI DAN MOLEKULER IKAN SELAR MATA BESAR DAN SELAR MATA KECIL YANG DI DARATKAN DI PELABUHAN PERIKANAN SAMUDERA BITUNG

Rudi Saranga, Heru Santoso, Nova Tumanduk dan Hetty Ondang, Jul Manohas*

Politeknik Kelautan dan Perikanan Bitung, Jl. Tandurusa Kec. Aertembaga Bitung-Sulut, 95525, Indonesia.

Email: rudisaranga@yahoo.com

Abstract—Bigeye scad resources which landed at Bitung Oceanic Fishing Port is one of important fish capture in Bitung because its have economic value and second ratings after scad mackerel in product volume. Bigeye scad fish capture was often mixed with another species in fisherman fish capture, so it making difficult to distinguish clearly. The objective of this research are : 1) to indentification bigeye scad in morfology, 2) to analyz molecular bigeye scad, (3) to evidence the bigeye scad are the same species or not. Sample for the study were collected fish landing site at Bitung Ocean Fishing Port from December 2015 to March 2016. The methodology of the research is survey research. For data analysis using truss morfometrics, principal component analysis (PCA) and mtDNA region COI. The result of this research indicated that based on the analysis of morphometric characters and PCA, bigeye scad and smalleye scad have differences in morphology, but result of mt DNA-COI analysis indicated those species are the same as *Selar crumenophthalmus* with similarity value 99,67%.

Keywords: bigeye scad, morfometric, mtDNA-COI

I. PENDAHULUAN

Potensi sumberdaya perikanan dan kelautan di perairan Kota Bitung dan sekitarnya selama ini telah dimanfaatkan dalam berbagai kegiatan ekonomi, dimana kegiatan yang dominan adalah usaha perikanan tangkap baik skala besar, kecil maupun tradisional. Salah satu sumberdaya perikanan yang memiliki nilai ekonomis penting di perairan Bitung adalah ikan selar. Volume produksi ikan selar di Kota Bitung tahun 2013 mencapai 1.223,5 ton atau sebesar 21,59% dari total volume produksi ikan selar di Provinsi Sulawesi Utara yakni sebesar 5.667,70 ton (Dinas KP Kota Bitung, 2014). Total hasil tangkapan ikan selar tahun 2014 yang didaratkan di PPS Bitung sebesar 704.627 ton dengan nilai produksi mencapai Rp. 13.671.743.000 (PPS Bitung, 2015). Perikanan selar di perairan Bitung menjadi sangat penting karena memberikan nilai ekonomi yang cukup besar dalam sektor perikanan, sosial dan eknomi.

Ikan selar yang tertangkap di perairan sekitar Bitung dan didaratkan di PPS Bitung, sampai saat ini belum dikonfirmasi secara morfologi dan genetik, sehingga muncul pemberian nama lokal oleh masyarakat Bitung yang diduga tidak sesuai dengan nomenklatur yang berlaku. Kelompok selar menurut standar klasifikasi statistik jenis ikan perikanan laut yang dikeluarkan oleh Direktorat Jenderal Perikanan Tangkap (2013) terdiri dari 2 jenis, yakni selar dan bentong. Jenis selar terdiri spesies *Selaroides leptolepis*, sedangkan jenis bentong terdiri dari 2 spesies yakni *Selar crumenophthalmus* dan *Selar boops*. Ikan selar termasuk spesies pelagis kecil yang

beruaya disekitar perairan pantai sampai pada kedalaman 80 m dan hidup bergerombol (Froese, Rainer dan Pauly, 2014).

Dalam laporan statistik yang diterbitkan oleh PPS Bitung dan Dinas Kelautan dan Perikanan Bitung, pemberian nama ikan selar tidak merujuk kepada standar klasifikasi statistik jenis ikan perikanan laut yang dikeluarkan oleh Direktorat Jenderal Perikanan Tangkap, sehingga catatan hasil tangkapan ikan selar hanya dikelompokkan dalam satu jenis saja yakni kelompok selar. Hal ini tentunya dapat menyulitkan bagi manajemen pengelolaan stok ikan selar di perairan Bitung. Dengan adanya pemisahan jenis ikan hasil tangkapan yang jelas, dapat membantu dan memudahkan bagi pendataan dan pelaporan yang lebih akurat.

Saat ini terdapat dua asumsi yang berkembang di kalangan masyarakat Bitung, terkait dengan keberadaan ikan selar mata besar (Oci) dan selar mata kecil (Tude). Asumsi yang pertama menyatakan bahwa kedua jenis ikan ini adalah spesies yang berbedaberdasarkan bentuk morfologisnya, sedangkan asumsi yang kedua menyatakan meskipun bentuk morfologisya berbeda tetapi kedua ikan ini adalah jenis yang sama. Berdasarkan perbedaan asumsi ini, maka penelitian ini dilakukan untuk membuktikan dan mengkonfirmasi kedua jenis ikan tersebut secara morfologi dan genetik, sehingga dapat diperoleh suatu pembuktian secara langsung yang dapat diterima oleh masyarakat berdasarkan fakta dan kajian secara ilmiah.

II. Metode Penelitian

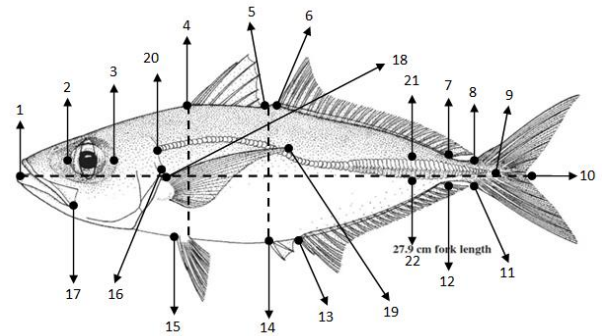
2.1 Bahan dan peralatan

Pengambilan sampel ikan selar selama penelitian dilakukan di Pelabuhan Perikanan Samudera Bitung, dari bulan Januari sampai April 2016. Alat dan bahan yang akan digunakan yakni kapal *mini purse seine* (soma pajeko) dan *handline* sebagai alat tangkap; ikan selar sebagai sampel penelitian; mistar analog ($30 \pm 0,1$ cm); kaliper digital ($20 \text{ cm} \pm 0,01 \text{ mm}$); timbangan digital ($500 \pm 0,5 \text{ gram}$) dan *coolbox* untuk menyimpan sampel ikan.

2.2 Analisis Data

Identifikasi karakter morfometri menggunakan 22 tanda titik (*landmark*) dengan 21 karakter morfometri dan 20 *truss* morfometri (Lagler dkk., 1977; Wiadnya dkk., 2015; Syaifullah dkk., 2015). Analisis secara geometrik karakter morfometri, dengan metode Principal Component Analysis (PCA) menggunakan program Excel-Stat.

Karakter morfometri yang digunakan sebagai acuan dalam proses identifikasi spesies selar mata besar dan mata kecil untuk setiap sampel ikan, yakni SL = jarak antara 1-9; FL = 1-10; HL = 1-16; SnL = 1-2; OrD = 2-3; PoOrL = 3-16; PrDoL = 1-4; PrPvL = 1-15; PrPcL = 1-18; LFiAFB = 13-14; LSeAFB = 12-13; ToLAFB = 12-14; PcFL = 18-19; DoBoD = 4 ke arah abdomen; AnBoD = 14 ke arah dorsal; LFiDFB = 4-5; LSeDFB = 6-7; ToLDFB = 4-7; JwL = 1-17; ScL = 9-20; MaScW = 21-22. Masing-masing jenis ikan selar dilakukan pengukuran 20 morfometri untuk setiap sampel, yakni panjang standar (SL), panjang cagak (FL), panjang kepala (HL), panjang mocong (SnL), panjang ruang antar mata (OrD), panjang kepala di belakang mata (PoOrL), jarak dari mulut bagian depan sampai ujung depan sirip dorsal dasar (PrDoL), jarak ujung mulut sampai sirip perut bagian depan (PrPvL), jarak ujung mulut sampai ujung depan sirip dada (PrPcL), jarak pangkal terdepan sirip anal pertama sampai ujung akhir sirip anal pertama (LFiAFB), panjang antara pangkal terdepan sirip anal kedua sampai ujung terakhir sirip anal kedua (LSeAFB), jarak pangkal terdepan sirip anal pertama sampai ujung terakhir sirip anal kedua (ToLAFB), jarak pangkal sirip dada hingga ujung terpanjang dari sirip dada (PcFL), tinggi badan dorsal (DoBoD), tinggi badan anal (AnBoD), jarak bagian terdepan sirip dorsal pertama sampai ujung akhir sirip dorsal pertama (LFiDFB), jarak bagian terdepan sirip dorsal kedua sampai ujung akhir sirip dorsal kedua (LSeDFB), jarak bagian terdepan sirip dorsal pertama sampai ujung terkahir sirip dorsal kedua (ToLDFB), jarak ujung mulut bagian terdepan dengan tulang rahang (JwL), jarak ujung depan scute sampai ujung akhir scute (ScL), lebar terbesar dari scute (MaScW).



Gambar 1. Pengukuran morfometri terhadap 22 tanda (*landmark*) pada tubuh ikan sampel (Modifikasi : Syaifullah *et al.*, 2015; Wiadnya *et al.*, 2015)

Proses ekstraksi DNA menggunakan metode Strauss (1995) dan Asahida dkk. (1996), amplifikasi PCR menggunakan primer (Ward dkk., 2005), ekstraksi gel agarosa di Firstbase Malaysia. Pengeditan hasil sekuensing menggunakan BioEdit (Hall, 1999) dan penentuan komposisi nukleotida dianalisis dengan Mega6 (Tamura dkk., 2013). Identifikasi spesies secara *online* menggunakan data genbank pada NCBI (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>) dengan berbagai kode akses dengan metode BLAST (*Basic Local Alignment Search Tool*) (Altschul dkk., 1997).

Analisis keragaman genetik lanjutan dilakukan secara berurutan dengan berbagai program perangkat lunak. Urutan DNA disejajarkan dengan ClustalW vers. 1.4 (Thompson *et al.*, 1990). Perbedaan komposisi nukleotida (basa) per sisi setiap sekuens menggunakan (Tamura-Kumar) (Kumar & Gadagkar, 2001). Jarak genetik dianalisis menggunakan metode Kimura dua parameter dan pohon filogenetik menggunakan metode Maximum Likelihood berdasarkan model Tamura-Nei (Tamura dkk., 2011).

III. HASIL DAN PEMBAHASAN

3.1. Identifikasi morfologi dan morfometri

Hasil identifikasi secara morfologi terhadap spesies ikan selar yang didaratkan di PPS Bitung dengan menggunakan beberapa penciri utama, diperoleh bahwa ikan selar mata besar dan mata kecil merupakan spesies yang berbeda sesuai dengan asumsi pertama yang dikemukakan oleh masyarakat Bitung. Pada Tabel 1 disajikan hasil pengukuran karakter morfologi dari 38 sampel ikan selar (masing-masing spesies 19 sampel ikan). Hasil pengukuran *truss* morfometri dari ke 2 spesies selar disajikan pada Tabel 2. Visualisasi dari ke 2 spesies selar yang diidentifikasi disajikan pada Gambar 6.

Tabel 1. Hasil pengukuran karakter morfometrik

No	Karakter morfologi	Hasil pengukuran (mm)	
		Selar mata kecil	Selar mata besar
1.	Panjang standar (SL)	112.00 - 186.00	181.00 - 223.00
2.	Panjang cagak (FL)	116.00 - 119.00	192.00 - 233.00
3.	Panjang kepala (HL)	30.05 - 56.39	55.55 - 71.31
4.	Panjang moncong (SnL)	10.48 - 20.81	19.56 - 26.52
5.	Panjang ruang antar mata (OrD)	8.07 - 17.76	18.20 - 22.34
6.	Panjang kepala di belakang mata (PoOrL)	12.88 - 21.49	21.34 - 28.83
7.	Panjang pre-dorsal (PrDoL)	38.04 - 69.97	70.76 - 84.91
8.	Panjang pre-pelvic (PrPvL)	34.39 - 63.98	64.14 - 77.72
9.	Panjang pre-pectoral (PrPcL)	29.93 - 56.77	57.18 - 69.70
10.	Panjang dasar sirip anal pertama (LFiAFB)	2.28 - 10.66	3.54 - 12.50
11.	Panjang dasar sirip anal kedua (LSeAFB)	10.17 - 60.17	58.95 - 72.14
12.	Panjang total sirip dasar anal (ToLAFB)	47.61 - 72.28	71.38 - 86.48
13.	Panjang sirip pektoral (PcL)	22.88 - 63.27	52.69 - 64.47
14.	Tinggi badan dorsal (DoBoD)	27.48 - 46.36	48.42 - 58.08
15.	Panjang dasar sirip dorsal pertama (LFiDFB)	15.77 - 45.39	28.49 - 36.13
16.	Panjang dasar sirip dorsal kedua (LSeDFB)	25.96 - 68.63	65.61 - 81.76
17.	Panjang total sirip dorsal (ToLDFB)	60.20 - 99.92	97.72 - 120.41
18.	Tinggi badan anal (AnBoD)	25.87 - 87.69	47.23 - 57.96
19.	Panjang rahang (JwL)	12.70 - 24.95	24.90 - 31.91
20.	Panjang total scute (ScL)	28.41 - 57.33	71.86 - 94.74
21.	Lebar scute maksimal (MaScL)	5.25 - 3.58	6.42 - 9.12

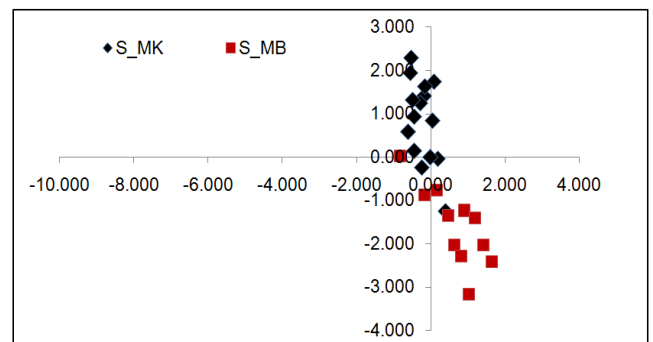
Berdasarkan hasil yang diperoleh pada Tabel 1, terlihat bahwa hasil pengukuran dari 21 karakter morfologi antara ikan selar mata besar dan mata kecil memiliki ukuran nilai yang berbeda, sehingga secara morfologi ke 2 jenis ikan ini dapat dikatakan sebagai spesies yang berbeda tetapi masih dalam satu genus. Karakter morfometri yang dilakukan melalui pengukuran dapat mewakili variasi bentuk dan ukuran ikan selar mata besar dan mata kecil, sehinggadapat digunakan sebagai penciri khusus dan hubungan variasi dalam suatu taksonomi kelompok ikan(Mirsa & Easton, 1999).

Adanya variasi perbedaan karakter morfometri pada selar mata besar dan selar mata kecil diduga disebabkan oleh kondisi morfologis ikan. Pada suatu populasi ikan variasi morfometri dapat terjadi dan hal ini bisa disebabkan oleh kondisi geografi yang berbeda sehingga dapat menyebabkan pula terjadinya perbedaan struktur genetik. Kondisi lingkungan serta faktor ekologi seperti lingkungan fisik tempat hidup spesies dan isolasi geografis merupakan salah satu respon terhadap terjadinya sebaran dan variasi morfometri (Tzengdkk., 2000; Naesjedkk.,2004; Pouletdkk., 2004).

Tabel 2. Hasil pengukuran *truss* morfometrik

No.	Kode karakter morfometri	Nilai selang pengukuran morfometri	
		Selar mata kecil	Selar mata besar
1.	SL - FL	0.9298 - 0.9870	0.9320 - 0.9726
2.	HL - SL	0.2651 - 2.8007	0.2834 - 0.3305
3.	PrDsL - SL	0.3287 - 0.4044	0.3656 - 0.3968
4.	PrPvL - SL	0.3071 - 0.3688	0.3406 - 0.3644
5.	PrPcL - SL	0.2672 - 0.3375	0.2991 - 0.3280
6.	SeAFB - SL	0.0620 - 0.3561	0.3049 - 0.3364
7.	ToLAFB - SL	0.3205 - 0.4364	0.3736 - 0.4043
8.	DoBoD - SL	0.2450 - 0.2897	0.2525 - 0.2750
9.	SeDFB - SL	0.1583 - 0.3943	0.3539 - 0.3756
10.	ToLDFB - SL	0.3671 - 0.5757	0.5270 - 0.5572
11.	ScL - SL	0.2536 - 0.4211	0.2473 - 0.2703
12.	SnL - HL	0.3094 - 0.3690	0.1053 - 0.3757
13.	OrL - HL	0.2634 - 0.3354	0.0925 - 0.3334
14.	PoOrL - HL	0.3428 - 0.4382	0.1200 - 0.3842
15.	FiAFB - HL	0.0694 - 0.2159	0.0254 - 0.0644
16.	PcFL - HL	0.7614 - 1.2367	0.2798 - 0.9485
17.	FIDFL - HL	0.4398 - 0.8872	0.1568 - 0.5167
18.	AnBoD - HL	0.8002 - 1.7140	0.7641 - 0.9030
19.	JwL - HL	0.3930 - 0.5381	0.1332 - 0.4603
20.	MaScW - HL	0.1190 - 0.1975	0.1300 - 0.9212

Hasil analisis PCA yang dilakukan untuk melihat perbedaan karakter morfologi berdasarkan nilai *truss* morfometri dari ke dua spesies ikan selar. menunjukkan bahwa ke dua spesies yang diidentifikasi memiliki karakter morfologi yang berbeda berdasarkan 2 (dua) kelompok sebaran plot PCA1 dan PCA2. Dengan menggunakan pendekatan morfologi dan morfometri, dapat dijelaskan bahwa ke dua jenis ikan selar yakni selar mata besar dan selar mata kecil yang didaratkan di PPS Bitung sebagai hasil tangkapan laut memiliki hubungan kekerabatan genus yang dekat, tetapi hal ini perlu dibuktikan dengan melakukan analisis genetik untuk memastikan apakah kedua jenis ini merupakan spesies yang sama atau tidak. Visualisasi pada Gambar 2 menunjukkan hasil analisis PCA1 dan PCA2 dengan sebaran nilai *truss* morfometrik dari kedua jenis ikan selar yang didaratkan di PPS Bitung.

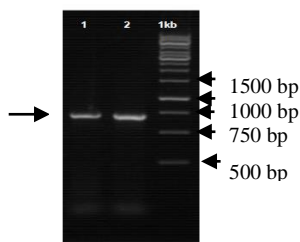


Gambar 2. Hasil analisis PCA dari kedua jenis ikan selar yang didaratkan di PPS Bitung

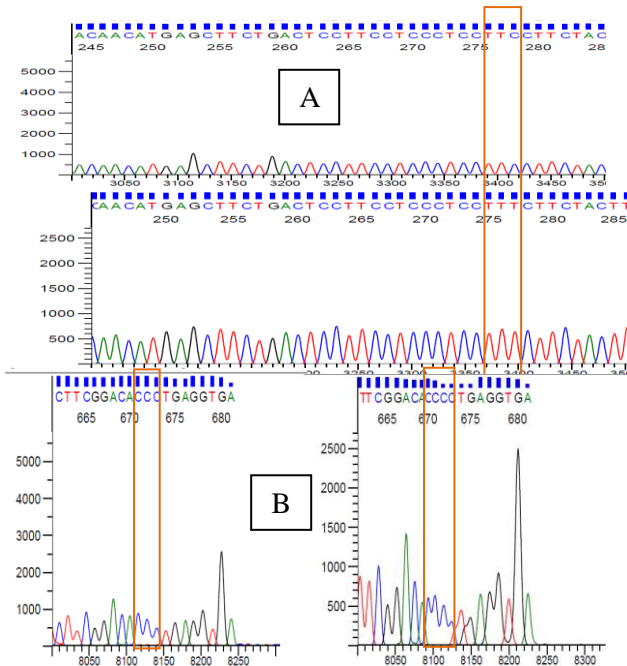
3.2. Identifikasi Genetik

Analisis mtDNA-COI dilakukan untuk mengkonfirmasi secara genetik terkait dengan status selar mata besar dan mata kecil. Hasil identifikasi secara morfologis dengan menggunakan karakter morfologi dan *truss* morfometri serta analisis PCA menunjukkan bahwa kedua jenis ikan ini memiliki bentuk yang berbeda, sehingga hal ini juga yang diduga menjadi asumsi bagi masyarakat Bitung bahwa kedua jenis ikan ini adalah spesies yang berbeda berdasarkan bentuk morfologisnya.

Dalam melakukan analisis mtDNA-COI digunakan panjang amplicon 662 bp dengan primer :
 FF2D:5'-TTCTCCACCAACCACAARGAYATYGG-3'
 FR1D:5'-CACCTCAGGGTGTCCGAARAAAYCARAA-3'.
 Elektroforegram hasil amplifikasi DNA dari ke 2 sampel ikan selar disajikan pada Gambar 3 dan hasil pensejajaran (alignment) sampel disajikan pada Gambar 4.



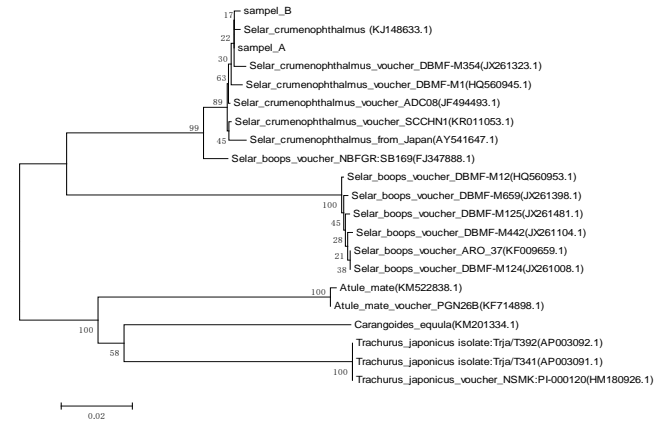
Gambar 3. Hasil amplifikasi DNA(1=selar mata kecil; 2=selar mata besar)



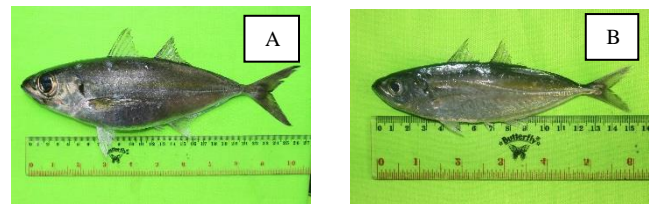
Gambar 4. Terdapat substitusi basa Tymin pada sampel ikan selar mata kecil (gambar bagian A) dan terdapat insersi basa Cytosine pada sampel ikan selar mata besar (gambar bagian B).

Isolat yang berhasil disekuen berjumlah 2 (dua) yakni spesies selar mata kecil (1st_BASE_2093949) dan selar mata besar (1st_BASE_2093950). Hasil alignment dari kedua sekuen (680 bp) menggunakan metode BLAST menunjukkan bahwa spesies selar mata kecil mempunyai nilai similaritas sebesar 99.83% dengan *selar crumeocephthalmus* (KJ148633.1), sedangkan sampel selar mata besar mempunyai nilai similaritas sebesar 99.67% dengan *selar crumeocephthalmus* (KJ148633.1). Sampel selar mata kecil dan mata besar mempunyai nilai similaritas sebesar 99.83%, sehingga dapat disimpulkan bahwa spesies selar mata kecil dan mata besar termasuk dalam satu spesies yang sama yakni spesies *Selar crumenophthalmus*. Hasil penelitian ini membuktikan bahwa selar mata besar dan selar mata kecil yang dianggap sebagai spesies yang berbeda, ternyata

merupakan spesies yang sama. Dengan adanya temuan ini, dapat memberikan pembuktian langsung terhadap dua asumsi yang berkembang di masyarakat Bitung terkait dengan keberadaan ikan selar mata besar dan mata kecil di perairan sekitar Bitung. Pada Gambar 5 disajikan rekonstruksi filogenetik dari jenis selar mata besar dan selar mata kecil.



Gambar 5. Rekonstruksi filogenetik (metode maksimum likelihood) dari sekuen selar mata kecil (sampel_A) dan selar mata besar (sampel_B).



Gambar 6. Selar mata besar (A) dan selar mata kecil (B).

IV. KESIMPULAN

Ikan selar mata besar dan selar mata kecil sebagai hasil tangkapan perikanan laut yang didaratkan di PPS Bitung, memiliki perbedaan secara morfologi dan morfometrik, tetapi berdasarkan konfirmasi genetik melalui analisis mtDNA-COI menunjukkan bahwa nilai similaritas selar mata kecil 99.83% dengan *selar crumeocephthalmus* (KJ148633.1) dan selar mata besar memiliki nilai similaritas sebesar 99.67% dengan *selar crumeocephthalmus* (KJ148633.1). Kedua jenis ikan ini terbukti secara genetik merupakan spesies yang sama karena memiliki nilai similaritas yang cukup tinggi yakni 99,83%, sehingga keduanya termasuk dalam jenis *Selar crumenophthalmus*.

DAFTAR PUSTAKA

Altschul, S.F., T.L. Madden, A.A. Schaffer, J. Zang, Z. Zang, W. Miller & D.J. Lipman. (1997). Gapped BLAST and PSI-BLAST: a new generation af protein database search programs. *Nucleic Acids Research* No.17:338-3402.

- Asahida, T., T. Kobayashi, K. Saitoh & I. Nakayama.** (1996). Tissue Preservation and Total DNA Extraction from Fish Stored at Ambient Temperature Using Buffer Containing High Concentration of Urea. *Fisheries Science* **62** (5): 727-730
- Dinas Perikanan dan Kelautan Kota Bitung.** (2014). Laporan tahunan Dinas Kelautan dan Perikanan Kota Bitung.
- Direktorat Jenderal Perikanan Tangkap.** (2013). *Standar Klasifikasi Statistik Jenis Ikan Perikanan Laut*. Kementerian Kelautan dan Perikanan. Jakarta. 188 hlm.
- Direktorat Jenderal Perikanan Tangkap.** (2014). *Keragaman Perikanan Tangkap Indonesia*. Kementerian Kelautan dan Perikanan. Jakarta.
- Froese, R & Pauly, D.** (2014). Fish Base. October 2014 version. N.p.: FishBase,2014. World Wide Web electronic publication (www.fishbase.org).
- Hall, T. H.** (1999). BioEdit: a user friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT. *Nucleic Acid Symposium Series* **4**: 95-98
- Ikejima, K., N.B. Ishiguro, M. Wada, K. Kita-Tsukamoto & M. Nishida.** (2004). Molecular Phylogeny and Possible Scenario of Ponyfish (Perciformes:Leiognathidae) Evolution. *Mol. Phylogenet and Evol.* **31** : 904-909
- Kumar, S. & S.R. Gadagkar.** (2001). Disparity Index: A simple statistic to measure and test the homogeneity of substitution patterns between molecular sequences. *Genetics*, **158**:1321–1327
- Lagler, K. F., J.E. Bardach., R.R. Miller & D. Passino.** (1977). *Ichthyology*. New York : John Willey and sons. Inc., 545p.
- Milligan, B.G.** (2003). Maximum-Likelihood Estimation of Relatedness. *Genetics* **163**: 1153-1167.
- Misra, R.K & M.D.L Easton.** (1999). A note on the number of morphometric characters used in fish stock delineation studies employing a MANOVA. 711 Bay St., Apt 1115, Toronto, Ont., Canada M5G 2J8, International EcoGen, 2015 McLallen Court, North Vancouver, BC, Canada V7P 3H6. *Journal Fisheries Research* **42**:191-194.
- Naesje, T. F., J.A. Vourinen & O.T. Sandlund.** (2004). Genetic and morphometric differentiation among sympatric spawning stocks of white fish (*Coregonus lavaretus* L.) in Lake Femund, Norway. *Journal of Limnology* **63**(2):233-243.
- Nei, M. & S. Kumar.** (2000). *Molecular Evolution and Phylogenetics*. Oxford University Press, New York, USA.
- Pelabuhan Perikanan Samudera Bitung.** (2015). *Laporan Statistik*. Direktorat Jenderal Perikanan Tangkap. Kementerian Kelautan dan Perikanan. 41 hal.
- Poulet, N., Y. Reyjol, H. Collier & S. Lek.** (2005). Does fish scale morphology allow the identification of populations at a local scale ? A case study for rostrum dace *Leuciscus leuciscusburdigalensis* in River Viaur (SW France). *Aquat. Science* **67**: 122-127.
- Smith-Vanis, W.F & L.J. Howard.** (2014). Marine and inland fishes of St. Croix, U. S. Virgin Islands:an annotated checklist. *Zootaxa* 3803 (1): 001–120.
- Strauss, W. M.** (1995) Preparation of genomic DNA from mammalian tissue, in *Current Protocols in Molecular Biology* (Ausubel, F. M., Brent, R., Kingston, R. E., et al., eds.), John Wiley & Sons, New York, pp. 2.2.1–2.2.3.
- Syaifullah, S., H. Fajri, D.I. Roesma, &Z.A. Muchlisin.** (2015). Morphometric variations of halfbeak fish (*Zenarchopterus buffonis*) from estuary of West Sumatra, Indonesia. *AAFL Bioflux*, Volume **8**, Issue 2.
- Tamura, K., D. Peterson, N. Peterson, G. Stecher, M. Nei & S. Kumar.** (2011). MEGA6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Using Maximum Likelihood, Evolutionary Distances, and Maximum Parsimony Methods. *Mol. Biol. Evol.* **28** : 2731-2739.
- Thompson, L. H., K. W. Brookman, N. J. Jones, S. A. Allen &A. V. Carrano.** (1990). Molecular cloning of the human XRCC1 gene, which corrects defective DNA strand-break repair and sister chromatid exchange. *Mol. Cell. Biol.* **10**:6160-6171.
- Tzeng, T-D., C-S Chiu, & S-Y Yeh.** (2000). Morphometric Variation in Red-spot Prawn (*Metapenaeopsis barbata*) in Different Geographic Waters of Taiwan. Institute of Oceanography, National Taiwan University, Taipei 106, Taiwan ROC. *Journal Fisheries Research* **53**: 211-217

Wiadnya, D.G.R., D. Setyohadi, Widodo & Soemarno. (2015). Intra-species variations of *Photopectoralis bindus* (Family: Leiognathidae) collected from two geographical areas in East Java, Indonesia. *JBES* vol.6. No.1. p.160-168.