

1 PENDAHULUAN

1.1. Latar Belakang

Kepulauan Raja Ampat merupakan wilayah yang tinggi akan biodiversitas. *Rapid Assessment Program* dari tim CI mencatat bahwa terdapat 972 spesies ikan karang sehingga mengindikasikan wilayah Raja Ampat merupakan wilayah yang subur (Coremap 2007). Produktivitas perairan yang cukup baik di wilayah tersebut memungkinkan terjadinya interaksi ekologis antara predator dan mangsa yang cukup kompleks. Hal ini dapat berguna memberikan informasi tentang energi daur ulang serta tingkat trofik yang dikenal dengan jejaring makanan (Allgeier *et al.* 2015; Thompson *et al.* 2015). Jejaring makanan memiliki pola yang cukup besar bahkan pada tingkat hubungan dari yang paling sederhana hingga yang cukup rumit. Saat yang sama, analisis jejaring makanan melibatkan analisis kuantitatif beberapa spesies umum (Pimm 2002). Penelitian sebelumnya telah melakukan berbagai studi tentang perilaku makan, jenis makan organisme, mekanisme pencernaan makanan, dan hubungan trofik ikan melalui analisis saluran isi usus dan studi fisiologis di laboratorium, (Lagler 1977; Eya *et al.* 2011).

Ikan Kerapu merupakan salah satu ikan yang bernilai ekonomis baik secara global ataupun di Indonesia. Produksi kerapu secara global terus meningkat selama bertahun-tahun dan produksi ikan kerapu pada tahun 2014 senilai 654 juta USD (FAO 2016). Indonesia salah satu negara dengan produksi kerapu yang besar yang menghasilkan 7 juta ton kerapu pada 2015 dan mengekspor 80-90% (Rimmer *et al.* 2019).

Ikan kerapu dari Serranidae adalah salah satu ikan karnivora dan berada di zonalitoral dan sublitoral. Ikan kerapu memiliki peran pada rantai trofik dan sebagian besar berperan penting dalam rantai makanan ekosistem terumbu karang dimana mereka adalah predator aktif (Randall *et al.* 1960; Morato *et al.* 2000). Kerapu dalam subfamili Epinephelinae diketahui mengonsumsi krustasea dan ikan juvenile (Nagelkerken 1979). Ikan kerapu (Serranidae) biasanya berenang menuju mangsa dan umumnya terjadi kepada ikan kerapu jantan saat kompetisi interspesifik (Donaldson 1995). Studi lain menunjukkan ikan kerapu dapat melakukan kompetisi interspesifik dengan ikan lainnya, misalnya belut moray dimana kedua ikan ini secara aktif dan asosiatif memangsa ikan lainnya (Bshary *et al.* 2006).

DNA *Metabarcoding* adalah salah satu *tools* yang memudahkan identifikasi berbasis DNA dari banyak taksa yang ditemukan dalam sampel lingkungan yang sama (Taberlet *et al.* 2018). Penggunaan DNA *Metabarcoding* berkembang pesat pada beberapa dekade terakhir. Selain menggunakan sampel lingkungan, implementasi lainnya adalah penggunaan isi saluran pencernaan. Analisis menggunakan saluran pencernaan organisme dapat melihat keanekaragaman makanan suatu spesies, sehingga melalui DNA *Metabarcoding* dapat menyimpulkan interaksi trofik (Bohmann *et al.* 2011). Dalam studi diet dan preferensi makanan, metode DNA *Metabarcoding* dapat mendeteksi jenis makanan dari spesies *sympatric* termasuk spesies tingkat rendah dengan melihat komposisi makanan yang serupa antara individu remaja dan individu dewasa (Takahashi *et al.* 2019). Penelitian lain juga menunjukkan bahwa DNA *Metabarcoding* dapat mendeteksi komposisi jenis makanan berupa patogen, mikrobiom dan parasit lainnya melalui usus copepod (Yeh 2020). DNA *Metabarcoding* dapat mendeteksi status interspecies melalui proses hibridisasi menggunakan marka COI seperti yang dilaporkan oleh He *et al.* (2020). Sow *et al.* (2020) juga melaporkan peluang DNA *Metabarcoding*

Hak Cipta Dilindungi Undang-undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :

- a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
- b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPBUniversity.

2. Dilarang mengumumkannya dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPBUniversity.

untuk mengidentifikasi diet dan preferensi predator. Ini memberikan informasi kualitatif tropik level. DNA *Metabarcoding* memberikan informasi lebih lanjut bagaimana penggunaan isi usus (saluran pencernaan) individu.

Efisiensi DNA *Metabarcoding* akan menjadikan keanekaragaman yang terdistribusi secara spasial. Ini merupakan salah satu persyaratan strategi manajemen konservasi (Meynard *et al.* 2011; Teichert *et al.* 2018). Adapun faktor-faktor lingkungan membentuk keragaman terstruktur secara spasial (Hillebrand 2002). Keanekaragaman jenis makanan dapat mempengaruhi keragaman spesies mangsa dalam berbagai skala yaitu: α , γ , dan β *diversity* (Hixon 2015).

Studi ini dapat menjadi referensi ekologis dari komposisi makanan dan jaring makanan di perairan Raja Ampat. Studi terbaru menunjukkan partisi diet dapat mengembangkan perikanan berbasis ekosistem (Takahashi 2019). Hipotesis penelitian ini ada persaingan makanan antara spesies kerapu *Epinephelus malabaricus* dan *Epinephelus areolatus* serta ada variasi jenis makanan yang dikonsumsi antara kerapu *Epinephelus malabaricus* dan *Epinephelus areolatus*.

1.2. Perumusan Masalah

Ikan kerapu adalah ikan yang memiliki nilai ekonomis yang tinggi namun di beberapa wilayah seperti Raja Ampat yang kaya akan biodiversitas belum diketahui bagaimana pola makanan dan trofik level ikan kerapi di wilayah tersebut. Oleh sebab itu, permasalahan dalam penelitian ini dapat dirumuskan sebagai berikut:

1. Bagaimana variasi jenis makanan yang dikonsumsi kerapu *Epinephelus areolatus* dan *Epinephelus malabaricus*?
2. Bagaimana persaingan makanan yang dikonsumsi kerapu *Epinephelus areolatus* dan *Epinephelus malabaricus*?

1.3. Tujuan Penelitian

Penelitian ini bertujuan untuk menganalisis pola komposisi makanan dengan kompetisi makan antara ikan kerapu secara interspesifik maupun intraspesifik di Waisai, Raja Ampat dengan metode DNA *Metabarcoding*.

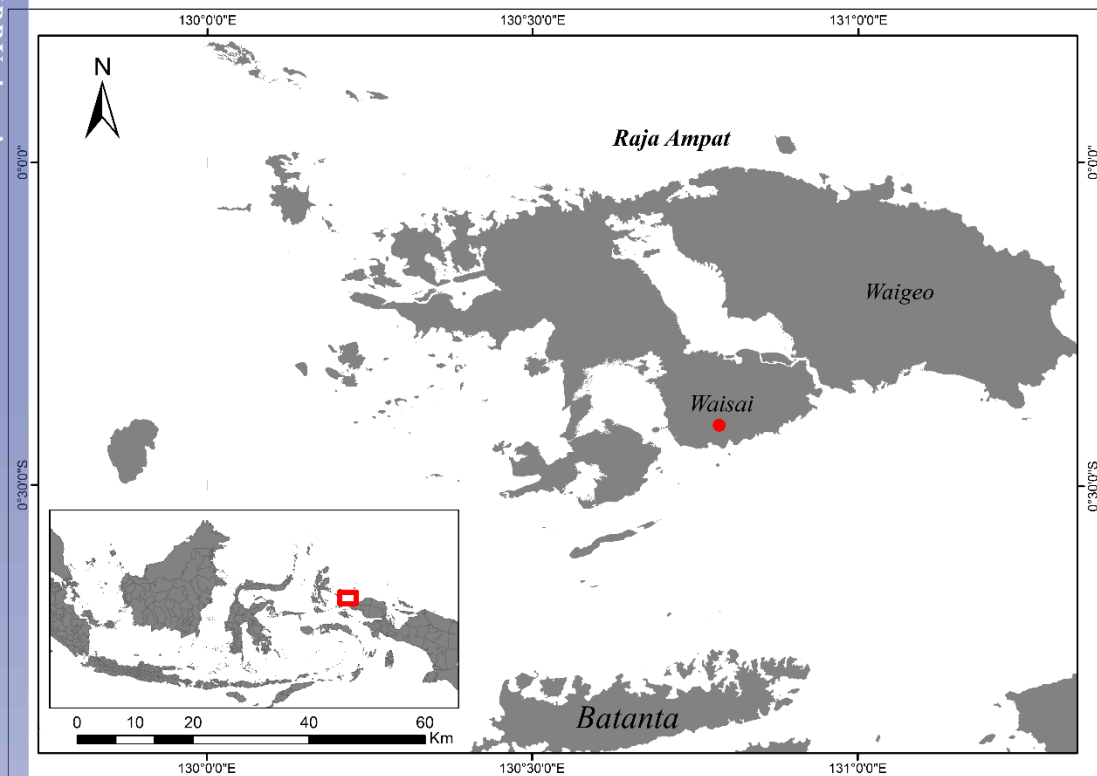
1.4. Manfaat Penelitian

Penelitian ini diharapkan dapat memberikan informasi komposisi makanan ikan kerapu melalui DNA *Metabarcoding* sebagai referensi ekologis berdasarkan kompetisi interspesifik maupun intraspesifik untuk pengelolaan yang efektif.

2 METODE PENELITIAN

2.1. Waktu dan Tempat

Penelitian ini dilaksanakan di Raja Ampat Provinsi Papua Barat pada Januari 2018, adapun lokasi pengambilan sampel berada di *landing fish* (pendaratan ikan) di Raja Ampat (Gambar 1). Analisis molekular dilakukan di Laboratorium Biodiversitas dan Biosistematika Kelautan, Departemen Ilmu dan Teknologi Kelautan, Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan Institut Pertanian Bogor.



Gambar 1 Lokasi Penelitian di Waisai Kepulauan Raja Ampat Provinsi Papua Barat

2.2. Preparasi Sampel

Pengambilan sampel dan pemilihan ikan kerapu dilakukan di areal pendaratan ikan (*fish landing*) dengan cara membeli ikan dari nelayan sekitar. Ikan difoto menggunakan papan pengukur morfologi ikan (*fish measuring board*) dan morfometrinya didokumentasikan untuk keperluan identifikasi ikan dan karakterisasi morfologi. Selanjutnya bagian daging ikan diambil dan dimasukkan ke dalam 2 mL DNA Shield (*Zymo Research*) di dalam tabung (*tube*) yang berisi etanol. Fungsi DNA Shield (*Zymo Research*) menyimpan air yang dikumpulkan ke dalam penyaring dan DNA yang terisolasi (Pachiadaki *et al.* 2014).

2.3. Ekstraksi DNA

Ekstraksi DNA adalah tahapan pertama dari proses untuk mendapatkan DNA dari suatu biota. Adapun tahapan ekstraksi DNA dimulai dari persiapan sampel, pemilihan metode ekstraksi sesuai kebutuhan, dan ekstrak dari DNA. Penelitian ini menggunakan ekstraksi DNA dengan *Quick Start Protocol* menggunakan kit QIAGEN (*DNEasy Blood and Tissue kit*). Penggunaan kit QIAGEN memiliki keunggulan yaitu dapat mengekstraksi jumlah DNA *Metabarcoding* yang jauh lebih besar (Hinlo 2017).

Sampel *gut content* sebanyak 25 mg dimasukkan ke dalam *microcentrifuge tube* 1.5 ml dan ditambahkan 180 μ l buffer ATL serta 20 μ l *proteinase K*, kemudian divortex dan pada suhu 56°C diinkubasi hingga lisis, selama inkubasi sampel diratakan menggunakan vortex dan setelah diinkubasi selama 15 detik divortex kembali. Selanjutnya 200 μ l *buffer AL* ditambahkan dan divortex hingga tercampur, sampel diinkubasi pada suhu 56°C selama 10 menit. Selanjutnya 200 μ l ethanol 96% ditambahkan dan divortex. Cairan dipindahkan ke dalam *DNEasy mini spin column* menggunakan *pipet*, selama satu menit sampel di *sentrifuge* dengan kecepatan 8000 rpm. Tabung dan *collection tube* tersebut dibuang yang mengandung *filter* selanjutnya dipindahkan ke dalam *collection tube* 2 ml yang baru, 500 μ l *buffer AW1* ditambahkan, *sentrifuge* pada kecepatan 8000 rpm selama satu menit. *Through-flow* dan *collection tube* dibuang. Kemudian dipindahkan kembali ke dalam *collection tube* 2 ml yang baru dan sebanyak 500 μ l *buffer AW2* ditambahkan, *sentrifuge* selama tiga menit pada kecepatan 14000 rpm. *Through-flow* dan *collection tube* dibuang. Kolom spin dipindahkan ke dalam *microcentrifuge tube* 1.5 ml yang baru dan elusi DNA menggunakan 200 μ l *buffer AE* (elusi pada bagian kolom spin). Sampel diinkubasi pada suhu ruangan sekitar satu menit kemudian di *sentrifuge* pada kecepatan 8000 rpm selama satu menit. Tahap ekstraksi DNA selesai dan *pellet* DNA yang sudah diekstraksi dimasukkan ke dalam *cool box* yang bersuhu -40°C untuk langkah selanjutnya yaitu amplifikasi DNA.

2.4. Amplifikasi DNA dan Elektroforesis

Amplifikasi DNA menggunakan disain primer HCOI12198 and LCOI1490 yang telah dimodifikasi (Leray *et al.* 2013). Urutan nukleotida yang digunakan pada primer HCOI12198 adalah 5'-GTCTCGTGGGCTCGGAGATGTGTATAAGAGACAGTAACTTCAGGGTGACCAAAAAA-3' dan primer LCOI-1490 adalah 5'-TCGTCGGCA GCGTCAGATGTGTATAAGAGACAGCAAATCATAAAGATATTGG-3'.

Tahapan PCR menggunakan COI dimulai dengan *Heat Lid* di suhu 110°C dengan *Start Loop* sebanyak 30 siklus. Setiap proses siklus terdiri atas Pre-denaturasi dengan suhu 94°C selama 2 menit. Denaturasi dengan suhu 98°C selama 5 detik, Annealing 50°C selama 10 detik, dan Ekstension 72°C selama 5 menit.

Tahap selanjutnya adalah Elektroforesis yang bertujuan untuk memisahkan dan menganalisis protein dan asam (McKee *et al.* 2018). Proses elektroforesis menggunakan gel agarose 1,5%. Sebanyak 0,75 gram 1x TAE dan 50 ml *buffer TAE* sebagai penyangga elektroforesis dicampur. Kemudian sebanyak 3 μ l ketika dimasukkan ke dalam sumur agarose. Elektroforesis dielektifikasi pada 220 V selama 35 menit. Band DNA yang berjalan pada elektroforesis dapat dideteksi menggunakan *loading dye* dan divisualisasikan dibawah sinar UV 300 nm. Hasil positif selanjutnya dianalisis menggunakan mesin Sequencing Illumina Miseq di Universitas Rhode Island, USA.

2.5. Analisis Data

Deteksi komposisi makanan antar ikan kerapu (*Epinephelus malabaricus* dan *Epinephelus areolatus*) dilakukan menggunakan pipeline QIIME 2. QIIME 2 berfungsi untuk menganalisis data urutan DNA mentah, dengan hasil (*output*) dari analisis ini berupa data statistik. Klasifikasi taksonomi dilakukan menggunakan database MIDORI yang berfungsi untuk mengklasifikasikan taksa komposisi makanan (Leray 2018). Selanjutnya klasifikasi taksa atau OTU (*Operational Taxonomic Unit*) yang dikelompokkan untuk mendeteksi jenis-jenis makanan dan kelimpahan relative berdasarkan spesies dan famili. OTU yang sudah terdeteksi selanjutnya diidentifikasi menggunakan BLAST di website <https://www.ncbi.nlm.nih.gov>. Selanjutnya komposisi makanan ikan kerapu berdasarkan taksonomi tersebut disajikan dalam *pie chart* untuk memudahkan pembacaan informasi mengenai data komposisi makanan ikan kerapu tersebut.

Analisis interspesifik dan intraspesifik menggunakan Indeks Shannon (H') dan Simpson dengan software R fungsi ggplot. Adapun menentukan indeks Shannon (H') dapat menggunakan rumus:

$$H' = -\sum(P_i \log P_i)$$

Fungsi P_i merupakan proporsi suatu individu tiap ispesies (Hurtubia 1973; Morato *et al.* 2000). Hasil dan visualisasi Indeks Shannon dan Simpson dianalisis menggunakan paket Vegan dengan dataset yang sudah dibuat dalam format csv. Dataset dalam hal ini mencakup sampel (*Epinephelus malabaricus* dan *Epinephelus areolatus*), komposisi makanan dan *sequence read*.

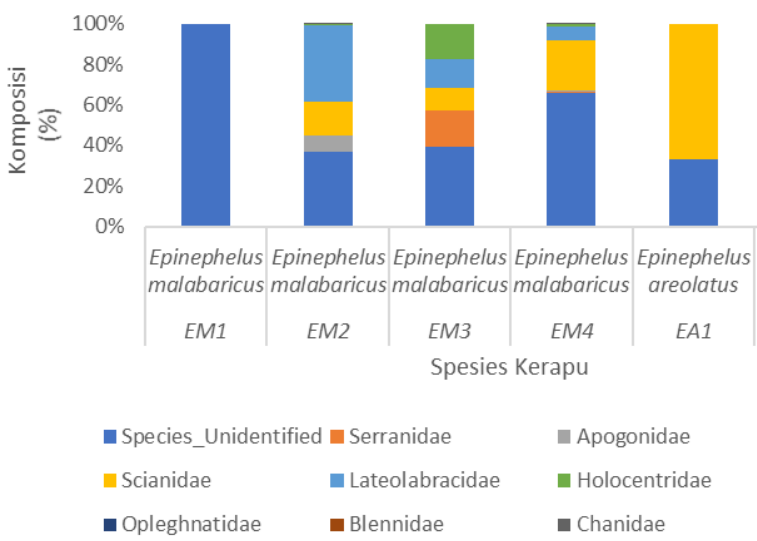
Analisis β diversity menggunakan Jaccard dan Bray-Curtis dissimilarity yang divisualisasikan dalam *Non-Metric Multidimensional Scaling* menggunakan fungsi METAMDS (Harper, 2020). Holyoak (2019) membagi atas keanekaragaman α yakni keanekaragaman dengan menghitung jumlah taksa pada *E. malabaricus* dan *E. areolatus*, keanekaragaman β yakni membandingkan kelimpahan jenis makanan antar *E. malabaricus* dan *Epinephelus areolatus*, dan keanekaragaman γ atau keanekaragaman jenis makanan secara total oleh *Epinephelus malabaricus* dan *Epinephelus areolatus*. Sedangkan uji signifikansi menggunakan Adonis (PERMANOVA) untuk melihat hubungan antara komposisi makanan dengan jumlah sampel antara *Epinephelus malabaricus* dan *Epinephelus areolatus* (Yeh *et al.* 2020).

Untuk konstruksi trofik level menggunakan software R *Package Bipartite* (Harper *et al.* 2020). Paket Bipartite berfungsi untuk memvisualisasikan jejaring makanan serta hubungan antara pemangsa dan *predator* dalam tingkatan ekologi. Fungsi yang digunakan dalam analisis Bipartit adalah *networklevel* (Dorman *et al.* 2008).

3 HASIL DAN PEMBAHASAN

3.1. Deteksi Makanan Ikan Kerapu

Hasil yang telah disekuens dan dianalisis menggunakan QIIME2 dengan primer HCOI12198 dan LCOI1490 (Leray 2013) dari ikan kerapu jenis *Epinephelus areolatus* dengan kode EA1 serta *Epinephelus malabaricus* dengan kode EM1, EM2, EM3 dan EM4 teridentifikasi memiliki komposisi makanan yaitu 8 jenis famili ikan serta 1 spesies yang tak teridentifikasi (Gambar 2).



Gambar 2 Presentase Komposisi Makanan *Epinephelus malabaricus* dan *Epinephelus areolatus*

Sampel EM1 memiliki satu jenis komponen makanan yaitu *unidentified species*. Hal ini disebabkan karena pembacaan sekuens menyebabkan komposisi makanan yang terdeteksi sangat sedikit. Sampel EM2 memiliki lima jenis komponen makanan. Sampel EM3 memiliki enam jenis komponen makanan, sampel EM4 memiliki sembilan jenis komponen makanan. Sampel EA1 memiliki dua jenis komponen makanan. Adapun komposisi makanan yang mendominasi ikan tersebut terdiri atas Famili Serranidae, Apogonidae, Lateolabracidae, Holocentridae, Opleghnatidae, Blennidae Chanidae, dan Scianidae (Tabel 1). Berdasarkan Tabel 1 bahwasanya ikan yang cukup banyak dikonsumsi berasal dari Famili Scianidae oleh *Epinephelus malabaricus* EM4 dan *Epinephelus areolatus* EA1, sedangkan ikan yang banyak dikonsumsi oleh *Epinephelus malabaricus* EM3 adalah dari famili Holocentridae, untuk *Epinephelus malabaricus* EM2 adalah Famili Lateolabracidae. Terdapat spesies yang tidak teridentifikasi (*unidentified species*) dengan nilai cukup tinggi. Penelitian oleh Mohammadi *et al.* (2007) melaporkan bahwa ikan *Epinephelus areolatus* memiliki preferensi makanan sebagai berikut: ikan sebesar 73% kemudian diikuti kepiting (11%), udang (8,8%), cumi (3,9%), gastropoda (1,7%) dan bivalvia (0,4%). Ikan diketahui merupakan sumber makanan utama bagi *Epinephelus areolatus*, sementara kepiting, udang diduga merupakan sumber makanan sekunder. Penggunaan primer HCOI2198 dan LCOI1490 yang dimodifikasi oleh Leray

Hak Cipta Dilindungi Undang-undang
1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPBUniversity.
2. Dilarang mengumumkkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPBUniversity.

(2013) pada penelitian sebelumnya diketahui dapat mendeteksi jenis ikan. Identifikasi ikan dapat dikonfirmasi oleh COI dengan panjang fragmen 313 *base pair* (bp) (Leray 2013). Selain itu manfaat lain dari modifikasi COI adalah dapat digunakan untuk mencirikan keanekaragaman spesies yang dikonsumsi dari isi usus sampel target. Studi sebelumnya menunjukkan COI dapat digunakan untuk membaca target lebih dari 90% ikan dalam satu sampel (Clarke *et al.* 2018).

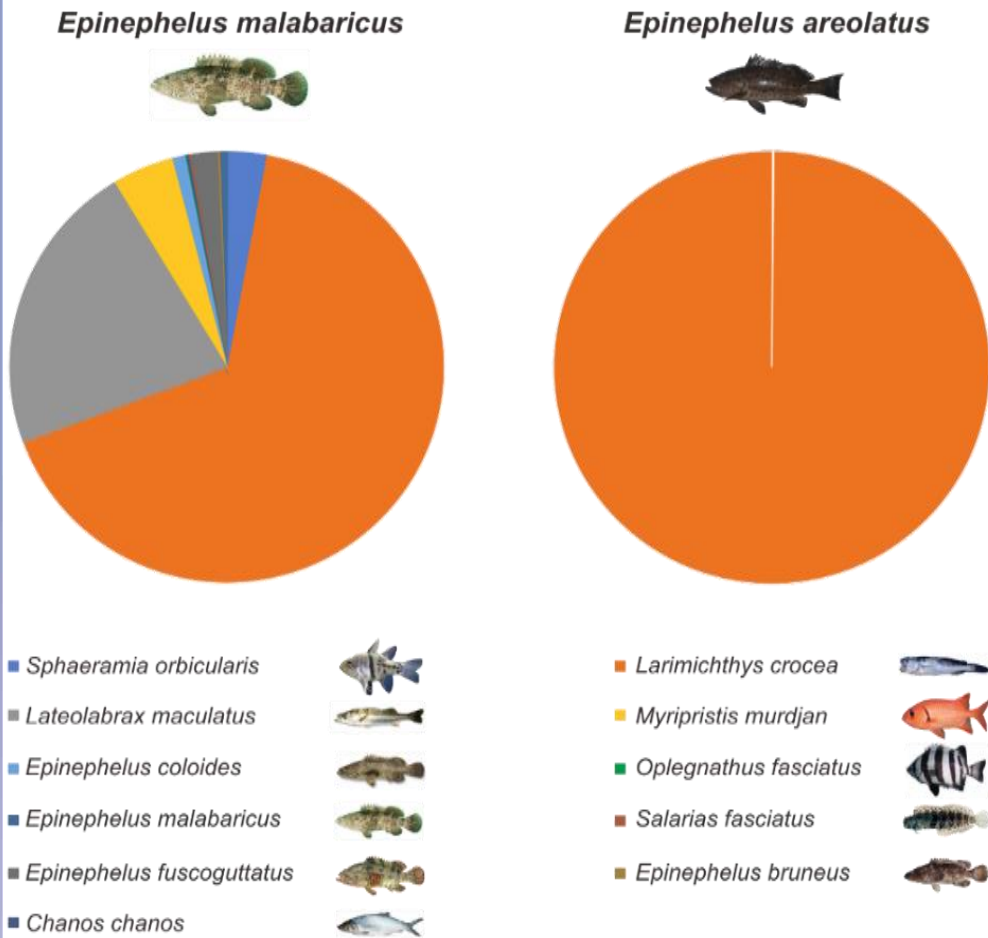
Tabel 1 Komposisi makanan *Epinephelus areolatus* dan *Epinephelus malabaricus* berdasarkan spesies dan famili dengan pembacaan sequencing

Komposisi makanan berdasarkan Spesies dan Class/Sample Id	<i>Epinephelus malabaricus</i> (EM1)	<i>Epinephelus malabaricus</i> (EM2)	<i>Epinephelus areolatus</i> (EA1)	<i>Epinephelus malabaricus</i> (EM3)	<i>Epinephelus malabaricus</i> (EM4)
Serranidae					
<i>Epinephelus areolatus</i>	0	0	0	19	28
<i>Epinephelus malabaricus</i>	0	0	0	4	6
<i>Epinephelus lanceolatus</i>	0	0	0	0	48
<i>Epinephelus bruneus</i>	0	0	0	4	0
<i>Epinephelus fuscoguttatus</i>	0	0	0	55	40
Apogonidae					
<i>Sphaeramia orbicularis</i>	0	34	0	2	102
Scianidae					
<i>Larimichthys crocea</i>	0	67	4	49	3058
Lateolabracidae					
<i>Lateolabrax maculatus</i>	0	154	0	67	823
Holocentridae					
<i>Myripristis murdjan</i>	0	2	0	80	136
Oplegnathidae					
<i>Oplegnathus fasciatus</i>	0	0	0	0	2
Blennidae					
<i>Salarias fasciatus</i>	0	0	0	0	7
Chanidae					
<i>Chanos chanos</i>	0	2	0	0	25
<i>Species_Unidentified</i>	2	150	2	181	8124

3.2. Keanekaragaman Jenis Makanan

Hasil OTU dari BLAST menunjukkan bahwa komposisi makanan didominasi oleh Famili Scianidae sebesar 86%. Berdasarkan tingkat spesies, komposisi makanan yang terdeteksi dengan nilai tertinggi adalah *Larimichthys crocea* pada spesies *Epinephelus malabaricus* dan *Epinephelus areolatus* (Gambar 3). Ikan kerapu (Serranidae) adalah ikan karnivora predator yang memakan berbagai jenis crustacea, molluska dan ikan-ikan kecil. Ikan ini memiliki habitat di koral, celah-celah kecil dan *sea-grass* (López 2005). Haq *et al.* (2015) menyatakan bahwa ikan kerapu *Epinephelus*

malabaricus merupakan salah satu jenis ikan yang bersifat karnivora dan juga pemakan makro plankton. Ikan kerapu dari jenis *Epinephelus areolatus* juga diketahui termasuk ke dalam hewan karnivora sama seperti *Epinephelus malabaricus*. Ikan ini mengkonsumsi *juvenile*, ikan-ikan kecil, krustasea, ataupun moluska di perairan Mediterania (Heemster *et al.* 1993). Namun dalam komposisi makanan yang ditemukan pada penelitian ini, materi genetik (DNA) *Epinephelus malabaricus* maupun *Epinephelus areolatus* juga teridentifikasi di dalamnya Hal ini diduga berasal dari jaringan dari DNA ikan tersebut dan beberapa jaringan masih ikut terbawa ketika ekstraksi DNA (Sousa *et al.* 2016).



Gambar 3 Komposisi Makanan Ikan *Epinephelus malabaricus* dan *Epinephelus areolatus*

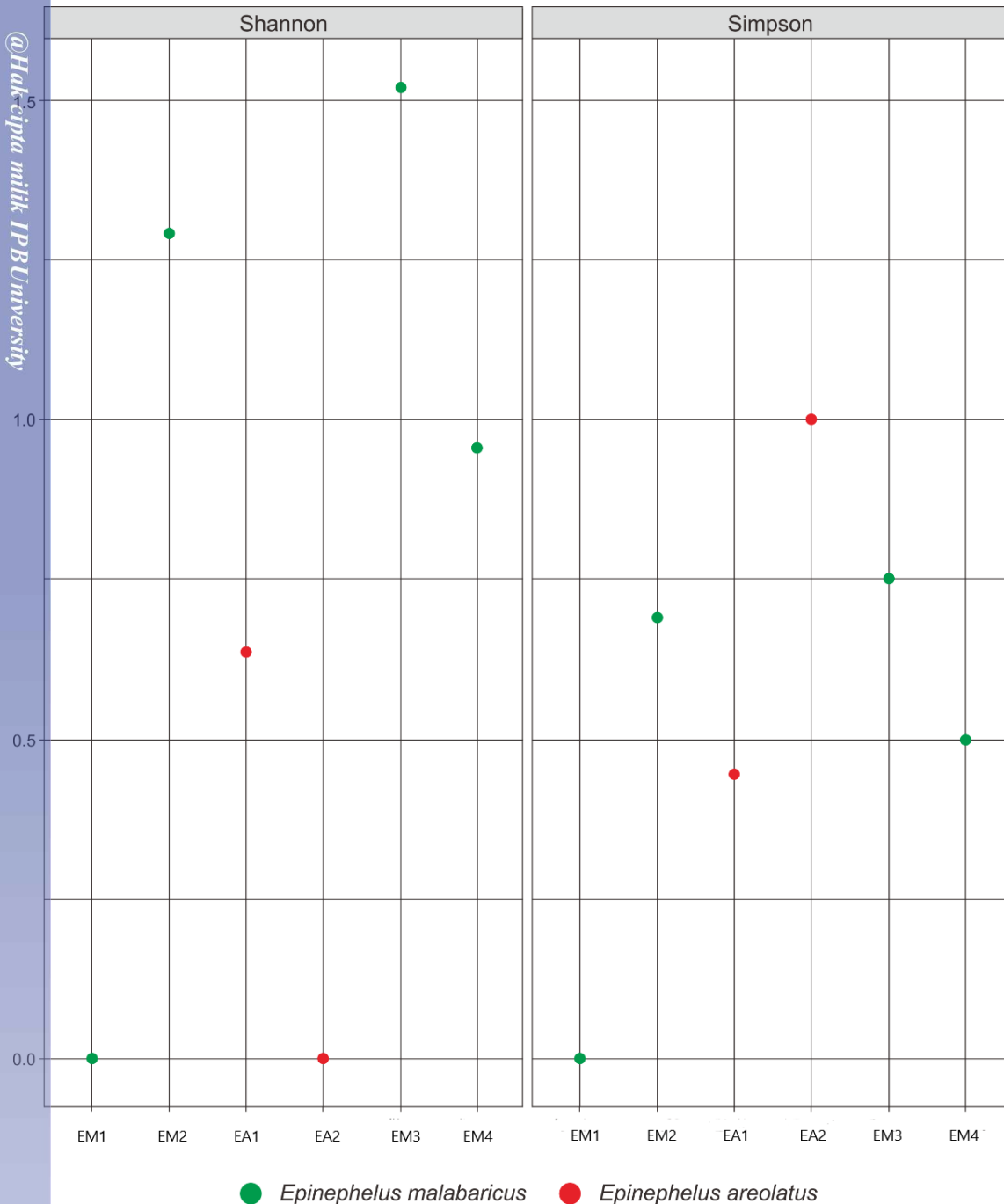
3.3. Diversitas Komposisi Makanan Kerapu

Analisis keanekaragaman β yakni membandingkan kelimpahan jenis makanan antar *Epinephelus malabaricus* dan *Epinephelus areolatus* (Holyoak 2019) dengan cara divisualisasikan menggunakan program R dengan fungsi ggplot untuk melihat indeks Shannon dan indeks Simpson. Hasil keragaman menunjukkan nilai indeks Shannon bahwa *Epinephelus malabaricus* (EM1, EM3, EM2 dan EM4) memiliki nilai keanekaragaman yang berbeda dibandingkan dengan *Epinephelus areolatus* (EA1).

Gambar 4 menunjukkan nilai *Epinephelus malabaricus* (EM3) memiliki nilai indeks Shannon sebesar 1,6. Nilai yang paling rendah adalah EM1 dan EA1 yang

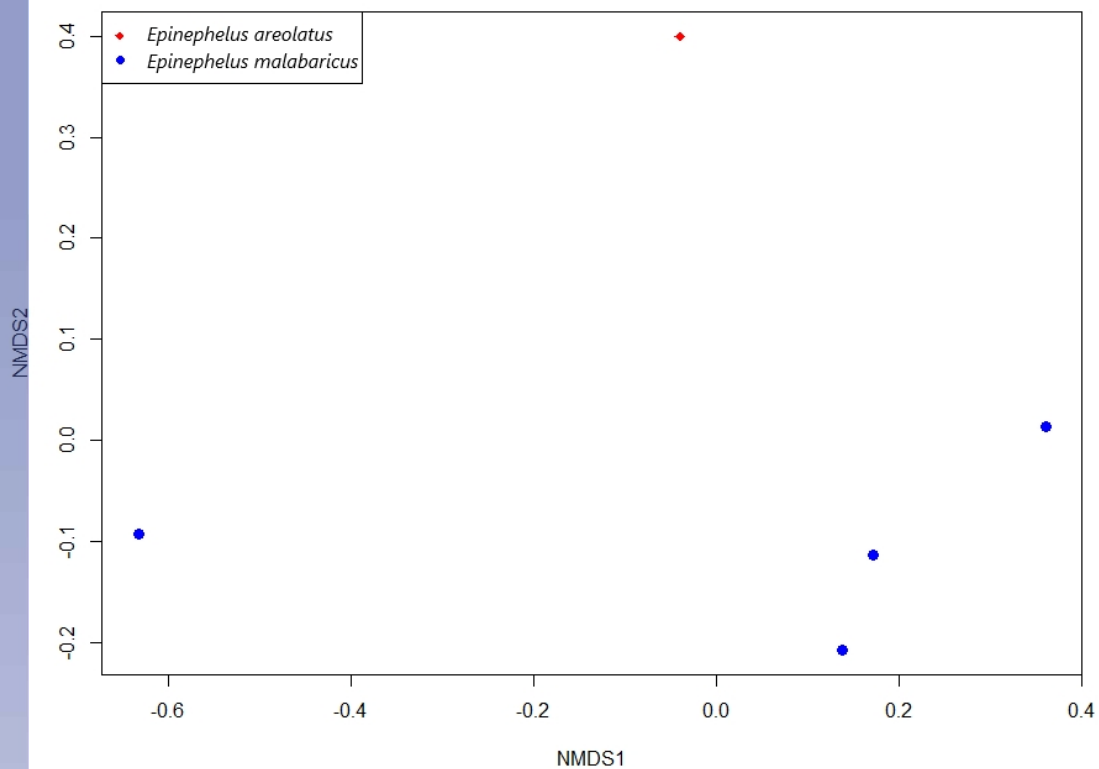
Hak Cipta Dilindungi Undang-undang
1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPBUniversity.
2. Dilarang mengumumkannya dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPBUniversity.

memiliki indeks sebesar 0. Indeks Simpson menunjukkan bahwa *Epinephelus areolatus* (EA1) memiliki nilai indeks 1,0 sedangkan *Epinephelus malabaricus* (EM1) memiliki nilai indeks 0.



Gambar 4 Interpretasi Keanekaragaman β Menggunakan Indeks Shannon dan Simpson dimana absis y menunjukkan nilai indeks Shannon dan Simpson serta absis x menunjukkan sampel *Epinephelus malabaricus* dan *Epinephelus areolatus*

Hasil analisis NMDS (*Non-Metric Multidimensional Scaling*) berdasarkan similaritas Jaccard dan Bray Curtis menggunakan fungsi METAMDS (Gambar 5) menunjukkan bahwa terdapat perbedaan keragaman komposisi makanan antara *Epinephelus areolatus* dan *Epinephelus malabaricus*. Nilai stress uji NMDS adalah 0. Analisis ukuran sampel dilakukan uji signifikansi menggunakan adonis (PERMANOVA) dimana $Pr > F$ dengan nilai 0,4 dan dikategorikan sebagai nilai yang tidak signifikan. Jenis makanan *Epinephelus malabaricus* lebih mendominasi daripada *Epinephelus areolatus*. Hal ini dikarenakan secara komposisi makanan, *Epinephelus malabaricus* lebih beragam daripada *Epinephelus areolatus*. Hal ini dapat mengindikasikan terjadinya kompetisi intraspesifik antara *Epinephelus malabaricus*. Sementara kompetisi interspesifik dapat terjadi antara *Epinephelus malabaricus* atau *Epinephelus areolatus* tergantung dari tingkat trofik dalam suatu ekosistem (Donaldson *et al.* 1995). Selanjutnya, persaingan ikan karang (misalnya kerapu) dapat menyebabkan masalah dalam komunitas ikan karang. Sebagian besar berdampak seperti kekurangan makanan. Predasi dapat menjadi pemicu kematian ketika ikan bersaing untuk bertahan hidup (Forrester 2015).



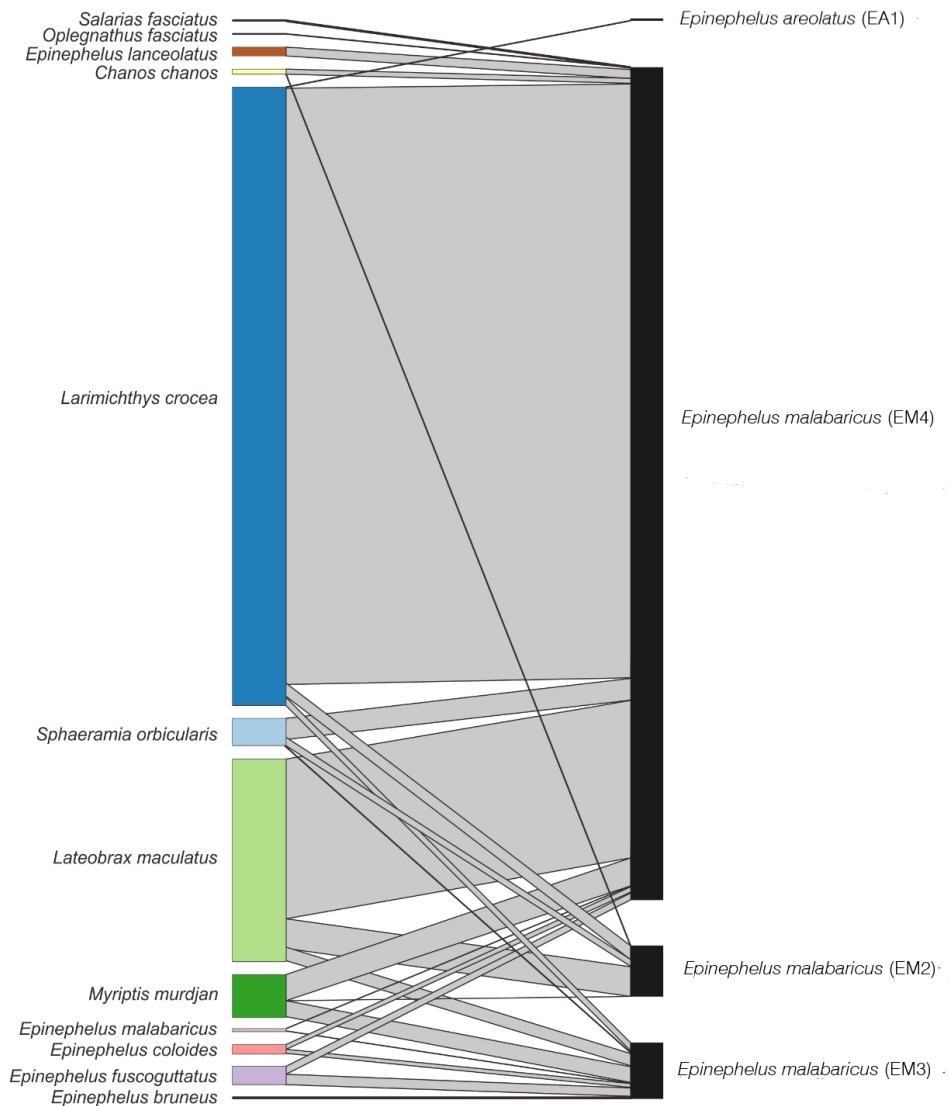
Gambar 5 Perbandingan Antara *Epinephelus malabaricus* dan *Epinephelus areolatus* Menggunakan Plot NMDS (*Non-Metric Multidimensional Scaling*)

3.4. Trofik Level

Trofik level (Gambar 6) menggunakan bipartit menunjukkan bahwa *Epinephelus malabaricus* mendominasi sebagai predator terlihat dari jenis yang dimakan oleh EM4, EM2 dan EM3. Ini mengindikasikan terjadinya kompetisi intraspesifik sesama spesies *Epinephelus malabaricus* (EM4, EM2 and EM3). Spesies ini memangsa *Larimichtys crocea*, *Sphaeramia orbicularis*, *Lateolabrax maculatus*, dan family Serranidae.

- Hak Cipta Dilindungi Undang-undang
1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPBUniversity.
 2. Dilarang mengumumkannya dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPBUniversity.

Sedangkan *Epinephelus areolatus* hanya memangsa beberapa jenis ikan saja. Dalam predasi sekunder, ikan-ikan kecil dimangsa oleh ikan besar lainnya. Serranidae adalah hewan nocturnal sehingga perlu pemantauan untuk pengambilan sampel. Penelitian terkait analisis kandungan usus sebelumnya dibuktikan dengan menggunakan *faeces*/kotoran hewan air sehingga cukup terbatas dengan target komposisi makanan yang dimakan oleh spesies tersebut (Britton *et al.* 2006). Adanya DNA *Metabarcoding*, memudahkan informasi mengenai predasi dalam trofik level dan komposisi yang dimakan oleh hewan lainnya (King *et al.* 2008; Pompanon *et al.* 2012).



Gambar 6 Trofik Level Antara *Epinephelus malabaricus* dan *Epinephelus areolatus* dengan mangsa menggunakan Bipartit (*Packaged R*) dimana antara pemangsa dan predator (*Epinephelus malabaricus* dan *Epinephelus areolatus*) sangat jelas. *Epinephelus malabaricus* (EM4) mendominasi untuk memangsa.

4 SIMPULAN DAN SARAN

4.1. Simpulan

Analisis komposisi makanan antara *Epinephelus malabaricus* dan *Epinephelus areolatus* menggunakan DNA *Metabarcoding* mendeteksi 8 famili ikan dengan 12 spesies. Famili ikan yang dominan dari jenis makanan tersebut adalah famili Scaniaeadae dan tidak ada persaingan makan inter-spesifik antara ikan kerapu *Epinephelus areolatus* dan *Epinephelus malabaricus*. Hal ini disebabkan variasi jenis makanan yang dikonsumsi kerapu *Epinephelus areolatus* lebih sedikit dari *Epinephelus malabaricus* tetapi terjadi kompetisi intraspesifik antara *Epinephelus malabaricus* dan *Epinephelus malabaricus* sehingga terjadinya relung (*niche*) di ekosistem tersebut.

4.2. Saran

Dalam penelitian ini perlu divariasikan waktu pengambilan sampel dan ada penangkapan waktu siang atau malam hari sehingga terlihat perbandingan komposisi makanan antara kedua Serranidae.

DAFTAR PUSTAKA

- Allgeier JE, Wenger SJ, Rosemond AD, Schindler DE, Layman CA. 2015. Metabolic theory and taxonomic identity predict nutrient recycling in a diverse food web. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* 112, E2640–E2647. Published online 2015 Apr 15. <https://doi.org/10.1073/pnas.1420819112>
- Bohmann K, Monadjem A, Lehmkuhl NC, Rasmussen M, Zeale MRK, Clare E, Gilbert MTP. 2011. Molecular diet analysis of two African Free-Tailed Bats (Molossidae) using high throughput sequencing. *PLoS ONE* 6(6):e21441. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0021441>
- Britton JR, Pegg J, Shepherd JS. 2006. Revealing the prey items of the otter *Lutra lutra* in South West England using stomach contents analysis. *Folia Zoologica* 55:167-174
https://www.researchgate.net/profile/Josie_Pegg/publication/224852412_Revealing_the_preay_items_of_the_otter_Lutra_lutra_in_South_West_England_using_stomach_contents_analysis/links/0a85e53072fd7652c1000000.pdf
- Bshary R, Hohner A, Ait-el-Djoudi K, Fricke H. 2006. Interspecific communicative and coordinated hunting between kerapus and giant moray eels in the Red Sea. *PLoS Biol.* 4(12):e431. <https://doi.org/10.1371/journal.pbio.0040431>
- Clarke LJ, Trebilco R, Walters A, Polanowski AM, Deagle BE. 2018. DNA-based diet analysis of mesopelagic fish from the Southern Kerguelen Axis. *Deep Sea Research Part II: Topical Studies in Oceanography*.
<https://doi.org/10.1016/j.dsr2.2018.09.001>
- Coremap dan Dinas Perikanan dan Kelautan Kabupaten Raja Ampat. 2007. Laporan akhir penyusunan rencana strategi pengelolaan terumbu karang kabupaten Raja Ampat. Dinas Perikanan dan Kelautan Kabupaten Raja Ampat. CV Mandiri Cakti Perkasa Raja Ampat. <https://www.scribd.com/doc/48477551/Renstra-RAJA-AMPAT>
- Donaldson TJ. 1995. Partitioning behavior and intra-and interspecific interactions: a comparison between male and female kerapus, *Cephalopholis spiloparaea* (Pisces: Serranidae: Epinephelinae). *Marine Biology* 121(4):581-584. <https://doi.org/10.1007/BF00349292>
- Dormann CF, Gruber B, Fründ J. 2008. Introducing the bipartite package: analysing ecological networks. *interaction*, 1(0.2413793).
https://www.researchgate.net/publication/228861770_Introducing_the_bipartite_Package_Analysing_Ecological_Networks
- Eya AA, Dorothy GL, Aileen, Espra. 2011. Gut content analysis of selected commercially important species of coral reef fish in the Southwest Part of Iligan Bay, Northern Mindanao, Phillippines. *Publ. Seto Mar. Biol. Lab.* 41:35-49. <https://doi.org/10.5134/159484>
- FAO. 2016. Fishery and aquaculture statistics. Global aquaculture production 1950- 2014 (FishstatJ). In FAO fisheries and aquaculture department. <http://www.fao.org/fishery/statistics/software/fishstatj/en>. Rome Updated 2016.
- Forrester GE. 2015. Competition in reef fishes. *Ecology of fishes on coral reefs*. Cambridge Univ Pr, Cambridge, UK, 34-40.
<https://doi.org/10.1017/CBO9781316105412.006>

- Haq MA, Srinivasan M, Tiwary C, Vaitheeswari S, Kalaiselvi M, Sikder MNA, Min WW. 2016. Food and feeding biology of fish *Epinephelus malabaricus* of Palk Bay and Gulf of Mannar coastal waters. Volume:1.pag: 12-19. https://www.researchgate.net/publication/327795883_Food_and_feeding_Biology_of_Fish_Epinephelus_malabaricus_of_Palk_Bay_and_Gulf_of_Mannar_coastal_waters.
- Harper LR, Watson HV, Donnelly R, Hampshire R, Sayer CD, Breithaupt T, & Hänfling B. 2020. DNA metabarcoding shows strong potential for investigating diet and niche partitioning in the native European Otter (*Lutra lutra*) and invasive American Mink (*Neovison vison*). bioRxiv. <https://doi.org/10.1101/2020.07.03.186346>
- He S, Mork J, Larsen WB, Møller PR, Berumen ML. 2020. Morphology and genetic investigation of flatfish interspecies hybrids (*Pleuronectes platessa* X *Platichthys flesus*) from the Baltic Sea. *Fisheries Research*, 225, 105498. <https://doi.org/10.1016/j.fishres.2020.105498>
- Heemster PC, Golani D. 1993. Clarification of the Indo-Pacific kerapus (Pisces: Serranidae) in the Mediterranean Sea. *J. Zool. Israel.*, 9: 381-390. <https://doi.org/10.1080/00212210.1993.10688729>
- Hillebrand H, Blenckner T. 2002. Regional and local impact on species diversity from pattern to processes. *Oecologia*, 132, 479–491. <https://doi.org/10.1007/s00442-002-0988-3>.
- Hinlo R, Gleeson D, Lintermans M, Furlan E. 2017. Methods to maximise recovery of environmental DNA from water samples. *PLoS ONE*, 12(6), e0179251. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0179251>.
- Hixon MA. 2015. Predation: piscivory and the ecology of coral reef fishes. *Ecology of fishes on coral reefs*, 41-53. <https://doi.org/10.1017/CBO9781316105412.007>
- Holyoak. 2019. Metacommunities. University of California, Davis, CA, United States. *Encyclopedia of Ecology*, 2nd edition, Volume 3. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-409548-9.11114-5>
- Hurtubia J.1973.Trophic diversity measurement in sympatric predatory species. *Ecology*, 54(4), 885-890. <https://doi.org/10.2307/1935684>
- King RA, Read DS, Traugott M, Symondson WOC. 2008. Molecular analysis of predation: a review of best practice for DNA-based approaches. *Molecular Ecology* 17: 947–963. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294x.2007.03613.x>
- Kryndushkin DS, Alexandrov IM, Ter-Avanesyan MD, Kushnirov VV. 2003. Yeast [PSI+] prion aggregates are formed by small Sup35 polymers fragmented by Hsp10. *Journal of Biological Chemistry*.278 (49): 49636. <https://doi.org/10.1074/jbc.M307996200>
- Lagler KF. 1977. *Ichthyology*. 2nd ed. John Wiley and Sons, New York
- Leray M, Yang JY, Meyer CP, Mills SC, Agudelo N, Ranwez V, & Machida RJ. 2013. A new versatile primer set targeting a short fragment of the mitochondrial COI region for metabarcoding metazoan diversity: application for characterizing coral reef fish gut contents. *Front. Zool.* 10:34. <https://doi.org/10.1186/1742-9994-10-34>

- Leray M, Ho Shian-LH, I-Jeng Lin, Ryuji JM. 2018. MIDORI server : A web server for taxonomic assignment of unknown metazoan mitochondrial- encoded sequences using a curated database. *Bioinformatics*: 1–2. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bty454>
- López VG, & Orvay FC. 2005. Food habits of kerapu *Epinephelus marginatus* (Lowe, 1834) and *Epinephelus costae* (Steindachner, 1878) in the Mediterranean Coast of Spain. *Hidrobiológica*, 15(1), 27-34. <http://www.scielo.org.mx/pdf/hbio/v15n1/v15n1a2.pdf>
- McKee C, Hercules, Cory P, Paul L. 2018. Electrophoresis receptacles and methods. applicant : Bio - Rad Laboratories , Inc . , Hercules , Ca Us. <https://patentimages.storage.googleapis.com/87/9a/92/fc35d7c7c98963/US10732145.pdf>
- Meynard CN, Devictor V, Mouillot D, Thuiller W, Jiguet F, Mouquet N. 2011. Beyond taxonomic diversity patterns: How do a, b and c components of bird functional and phylogenetic diversity respond to environmental gradients across France? *Global Ecology and Biogeography*, 20, 893–903. <https://doi.org/10.1111/j.1466-8238.2010.00647.x>
- Mohammadi GH, Meysam K, H Emadi and Sayyed MBN. 2007. The food habit of *Epinephelus coioides* (Hamilton, 1822) in Khuzestan Coastal Waters (Persian Gulf). *Pakistan Journal of Biological Sciences*, 10: 4029-4035. <https://doi.org/10.3923/pjbs.2007.4029.4035>
- Morato T, Santos RS, Andrade JP. 2000. Feeding habits, seasonal and ontogenetic diet shift of blacktail comber, *Serranus atricauda* (Pisces: Serranidae), from the Azores, north-eastern Atlantic. *Fisheries Research*, 49(1), 51-59. [https://doi.org/10.1016/S0165-7836\(00\)00189-2](https://doi.org/10.1016/S0165-7836(00)00189-2)
- Nagelkerken WP. 1979. Biology of the graysby. *Epinephelus cruentatus* of the coral reef of Curacao. *Studies Fauna Curacao* 60: I-118. <https://repository.naturalis.nl/pub/506230>
- Pachiadaki Maria G, Michail MY, Violetta L, Edward L, Virginia E. 2014. Unveiling microbial activities along the halocline of thetis, a deep-sea hypersaline anoxic basin. *The ISME Journal* (2014), 1–12. <https://doi.org/10.1038/ismej.2014.100>
- Pimm SL. 2002. *Food Webs*. University of Chicago Pr, Chicago, Illinois.
- Pompanon F, Deagle BE, Symondson WOC, Brown DS, Jarman SN, Taberlet P. 2012. Who is eating what: diet assessment using next generation sequencing. *Molecular Ecology* 21:1931–1950. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2011.05403.x>
- Randall J.E, V.E. Brock. 1960. Observations on the ecology of Epinepheline and Lutjanid fishes of Society Islands, with emphasis on food habits. *Trans. Amer. Fish. Soc.* 89: 9-16. [https://doi.org/10.1577/1548-8659\(1960\)89\[9:OOTE0E\]2.0.CO;2](https://doi.org/10.1577/1548-8659(1960)89[9:OOTE0E]2.0.CO;2)
- Rimmer MA, Glamuzina B. 2019. A review of kerapu (Famili Serranidae: Subfamili Epinephelinae) aquaculture from a sustainability science perspective. *Reviews in Aquaculture Vol.11* : pg 58-87. <https://doi.org/10.1111/raq.12226>
- Sousa LL, Xavier R, Costa V, Humphries NE, Trueman C, Rosa R, Queiroz N. 2016. DNA barcoding identifies a cosmopolitan 10 diet in the ocean sunfish. *Scientific Reports*, 6, 28762. <https://doi.org/10.1038/srep28762>
- Sow A, Haran J, Benoit L, Galan M, Brévault T. 2020. DNA Metabarcoding as a Tool for Disentangling Food Webs in Agroecosystems. *Insects*, 11(5), 294. <https://doi.org/10.3390/insects11050294>



- Taberlet P, Bonin A, Zinger L, Coissac E. 2018. Environmental DNA For Biodiversity Research and Monitoring. *Oxford University Press*.
<https://doi.org/10.1111/mec.15235>
- Takahashi M, DiBattista JD, Jarman S, Newman SJ, Wakefield CB, Harvey ES, Bunce M. 2019. Partitioning of diet between species and life history stages of sympatric and cryptic snappers (famili; Lutjanidae) based on DNA metabarcoding. [http://datadryad.org/\[doi to be announced\]](http://datadryad.org/[doi to be announced]) <https://doi.org/10.1038/s41598-020-60779-9>
- Teichert N, Lepage M, Chevillot X, Lobry J. 2018. Environmental drivers of taxonomic, functional and phylogenetic diversity (alpha, beta and gamma components) in estuarine fish communities. *Journal of Biogeography*, 45(2):406-417.
<https://doi.org/10.1111/jbi.13133>
- Thompson PL, Davies TJ, Gonzalez A. 2015. Ecosystem functions across trophic levels are linked to functional and phylogenetic diversity. *PLoS One* 10:e0117595.
<https://doi.org/10.1371/journal.pone.0117595>
- Yeh HD, Questel JM, Maas KR, Bucklin A. 2020. Metabarcoding analysis of regional variation in gut contents of the copepod *Calanus finmarchicus* in the North Atlantic Ocean. *Deep Sea Research Part II: Topical Studies in Oceanography*, 104738. <https://doi.org/10.1016/j.dsr2.2020.104738>

@Hak cipta milik IPB University

Hak Cipta Dilindungi Undang-undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPBUniversity.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPBUniversity.

RIWAYAT HIDUP



@Hak cipta milik IPB University

Penulis bernama Haqqy Rerian Erlangga, lahir di Pekanbaru, 26 Februari 1991. Anak pertama dari dua bersaudara pasangan Bapak H. Erizon dan Ibu Hj. Ratna Juita ini menyelesaikan pendidikan sarjana (S1) Ilmu Kelautan di Universitas Riau pada program studi Ilmu dan Kelautan tahun 2009. Tahun 2017 penulis melanjutkan pendidikan magister (S2) pada program studi Ilmu Kelautan di Sekolah Pascasarjana Institut Pertanian Bogor. Selama menempuh program magister, penulis aktif mengikuti berbagai kegiatan ilmiah seperti seminar dan pelatihan pada skala nasional maupun internasional. Penulis juga pernah mengikuti pelatihan *Marine Biodiversity and Molecular Ecology Training Course* (BIOMECE) yang diadakan oleh Laboratorium Biodiversitas dan Biosistemika Kelautan IPB tahun 2017 dan 2018 serta mengikuti Pelatihan Online Penanganan Virus SARS-CoV-2 (Covid-19) yang diselenggarakan oleh LIPI (Lembaga Ilmu Pengetahuan Indonesia) pada bulan Mei 2020. Selain itu, penulis juga berkesempatan mengikuti kegiatan volunteer dalam dua *event* besar yaitu ASIAN GAMES DAN ASIAN PARA GAMES tahun 2018. Penulis bersyukur kepada Allah SWT atas nikmat dan limpahan rahmatNya, berterimakasih kepada keluarga, dosen pembimbing dan rekan-rekan di Laboratorium Biodiversitas dan Biosistemika Kelautan IPB bantuan dan kerjasamanya sehingga penulis mampu menyelesaikan studi magister dengan tesis berjudul “Analisis Komposisi Makanan Dan Kompetisi Intra Dan Interspesifik Ikan Kerapu (*Epinephelus malabaricus* dan *Epinephelus areolatus*) Dengan Menggunakan DNA *Metabarcoding*”.

Hak Cipta Dilindungi Undang-undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPBUniversity.
2. Dilarang mengumumkannya dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPBUniversity.

