

I PENDAHULUAN

1.1 Latar Belakang

Ikan terumbu merupakan komunitas ikan yang sebagian besar hidupnya berada di kawasan ekosistem terumbu karang (Madduppa 2014). Karang sendiri merupakan ekosistem yang sangat penting bagi kehidupan semua organisme yang berada di dalamnya. Selain itu persentase tutupan karang sangat mempengaruhi terhadap kehadiran atau kelimpahan ikan (Bell dan Galzin 1984), serta pola pertumbuhan dan reproduksi ikan banyak dipengaruhi oleh pola lingkungan hidupnya atau habitat asalnya (Galzin *et al.* 1994; Chabanet *et al.* 1997; Eschmeyer *et al.* 2010) . Sepuluh besar famili utama dari ikan terumbu adalah Gobiidae, Labridae, Pomacentridae, Apogonidae, Bleniidae, Serranidae, Muraenidae, Syngnathidae, Chaetodontidae, dan Lutjanidae (Allen dan Adrim 2003). Berdasarkan fungsi pemanfaatan dan aspek ekologi, ikan terumbu dapat dikelompokkan menjadi tiga yakni ikan target, ikan indikator, dan kelompok lain-lain (*major groups*) (Adrim *et al.* 2012).

Ikan sendiri merupakan kelompok vertebrata yang paling kaya spesies dan menjadi salah satu tolak ukur dalam pemantauan kesehatan lingkungan ekosistem laut. Perairan pesisir Lombok didominasi oleh ekosistem terumbu karang yang memiliki kekayaan jenis ikan terumbu karang yang tinggi dan menjadi mata pencarian nelayan. Hasil penelitian Arifin dan Yulianda (2003) di perairan Gili Lawang, Gili Sulat, dan Gili Bidara ditemukan 53 spesies yang termasuk ke dalam 17 famili, di mana Pomacentridae, Labridae, dan Chaetodontidae merupakan marga ikan yang paling banyak dijumpai. Daerah penangkapan utama untuk ikan karang berpusat di kawasan Lombok timur khususnya pada Gili Sulat dan Gili Lawang (Mustaruddin *et al.* 2013). Kelimpahan ikan karang berdasarkan kebiasaan makannya, didominasi oleh kelompok *planktivore* di perairan Gili Matra, Gili Air, dan Gili Meno (Setiawan *et al.* 2017).

Menurut Ampou *et al.* (2020) ditemukan sebanyak 11 famili ikan target, dengan 10 ikan mayor dan ikan famili Chaetodontidae sebagai ikan indikator. Kondisi ini mengalami penurunan jika dilihat dari hasil penelitian Syakur dan Wiadnyana (2006), yang mana ditemukan sebanyak 14 famili ikan target dan 15 famili ikan mayor. Kondisi penurunan hasil identifikasi famili ikan yang ditemukan mendukung untuk tujuan pemantauan (*biomonitoring*) yang lebih baik untuk proses pengidentifikasian dan perhitungan stok pada bidang perikanan terutama bagi perikanan hiu dan pari yang terus mengalami penurunan akibat tingginya tingkat penangkapan (Sentosa *et al.* 2016).

Kondisi keanekaragaman hayati akuatik sendiri merupakan informasi kunci dalam memahami berbagai proses ekologis, termasuk di antaranya untuk tujuan *biomonitoring* (Leray *et al.* 2013). Kekayaan biodiversitas ikan sebagai kelompok vertebrata terbesar merupakan salah satu tolak ukur dalam memantau kesehatan lingkungan ekosistem laut. Penurunan jumlah spesies dan populasi ikan karena tingkat eksploitasi yang terus meningkat dapat menggambarkan tingkat keterancaman ekosistem (Hutchings 2000; Jackson *et al.* 2001; Pauly *et al.* 2002; Collette *et al.* 2011). Kegiatan *biomonitoring* ikan kerap dilakukan menggunakan metode sensus visual (Schratzberger *et al.* 2002; Coll *et al.* 2008), sehingga

kemampuan dalam mengidentifikasi ikan karang secara langsung sangat diperlukan.

Teknik DNA lingkungan (eDNA) saat ini dapat menjadi alternatif yang baik dalam menganalisis keanekaragaman ikan (Thomsen *et al.* 2012). Metode DNA lingkungan sangat efektif untuk mendeteksi keberadaan organisme seperti ikan dan takson lain tanpa mengisolasi organisme target (Lodge *et al.* 2012; Laramie *et al.* 2015). Materi genetik tersebut dapat diekstraksi dengan mudah melalui tanah, air, dan udara (Tringe dan Rubin 2005; Barnes dan Turner 2016). Analisis DNA lingkungan melalui sampel air untuk menentukan keberadaan ikan sangat efektif karena ikan melepaskan banyak materi genetik dalam bentuk sel atau kotoran yang dapat dipecah menjadi fragmen-fragmen kecil yang dapat tertahan di perairan kemudian menetap dalam sedimen (Taberlet *et al.* 2012; Takahara *et al.* 2013).

Kekurangan dari metode visual sensus adalah adanya beberapa famili yang luput dari perhitungan seperti famili Apogonidae dan Gobiidae. Famili Apogonidae umumnya merupakan ikan yang keluar pada malam hari (Nybakken 1984), sedangkan pengamatan dilakukan pada siang hari. Ikan-ikan Gobiidae menyerupai warna dasar perairan dan sering membenamkan diri pada substrat, sehingga kurang terinventarisasi saat pengamatan yang dilakukan secara cepat (Arifin dan Yulianda 2003). Adanya keterbatasan dalam proses identifikasi inilah yang mendukung penelitian dilaksanakan menggunakan metode dan analisis DNA Lingkungan dengan target bahwa semua material genetik yang tersimpan di perairan akan terinventarisasi dengan baik.

1.2 Perumusan Masalah

Seiring dengan berkembangnya teknologi metode dalam penelitian juga semakin berkembang, perkembangan tersebut mendorong manusia untuk melakukan pembaruan-pembaruan yang dilakukan dengan tujuan untuk memudahkan dalam kajian penelitian. Informasi mengenai komposisi spesies di suatu perairan juga merupakan hal sangat penting dalam pengkajian keanekaragaman hayati (Minamoto *et al.* 2012). *Metabarcoding* DNA lingkungan merupakan metode yang dapat mengungkapkan struktur komunitas atau kelimpahan ikan terumbu karang yang ada di perairan (Yamamoto *et al.* 2017). Metode DNA lingkungan sendiri mempermudah kita untuk mendapatkan keseluruhan data tanpa melakukan visual sampling dengan proses yang panjang:

Adapun rumusan masalah dari penelitian ini adalah:

1. Bagaimana deteksi kelimpahan dan komposisi jenis ikan terumbu karang pada kolom air dan sedimen di perairan Lombok melalui metode DNA lingkungan?
2. Adakah perbedaan kelimpahan dan komposisi jenis pada wilayah sampling baik pada kolom air dan sedimen di perairan Lombok?

1.3 Tujuan Penelitian

Penelitian ini bertujuan untuk mendeteksi struktur komunitas, kelimpahan dan komposisi jenis ikan di perairan Lombok, serta untuk melihat perbandingan kelimpahan antara kolom air dan sedimen.

1.4 Manfaat Penelitian

Hasil penelitian ini diharapkan menjadi alternatif dalam *biomonitoring* ikan sehingga lebih mudah dalam melakukan pendataan kehilangan jenis atau penambahan jumlah ikan lainnya.

1.5 Hipotesis

Karakteristik lokasi pengambilan sampel pada beberapa kawasan sangat dipengaruhi oleh kegiatan penangkapan dan juga kondisi perairan yang beragam. Kondisi tersebut mendukung hipotesis yang dikemukakan dalam penelitian ini yaitu adanya perbedaan kelimpahan dan komposisi jenis setiap stasiun pengamatan.

@Hak cipta milik IPBUniversity

IPBUniversity



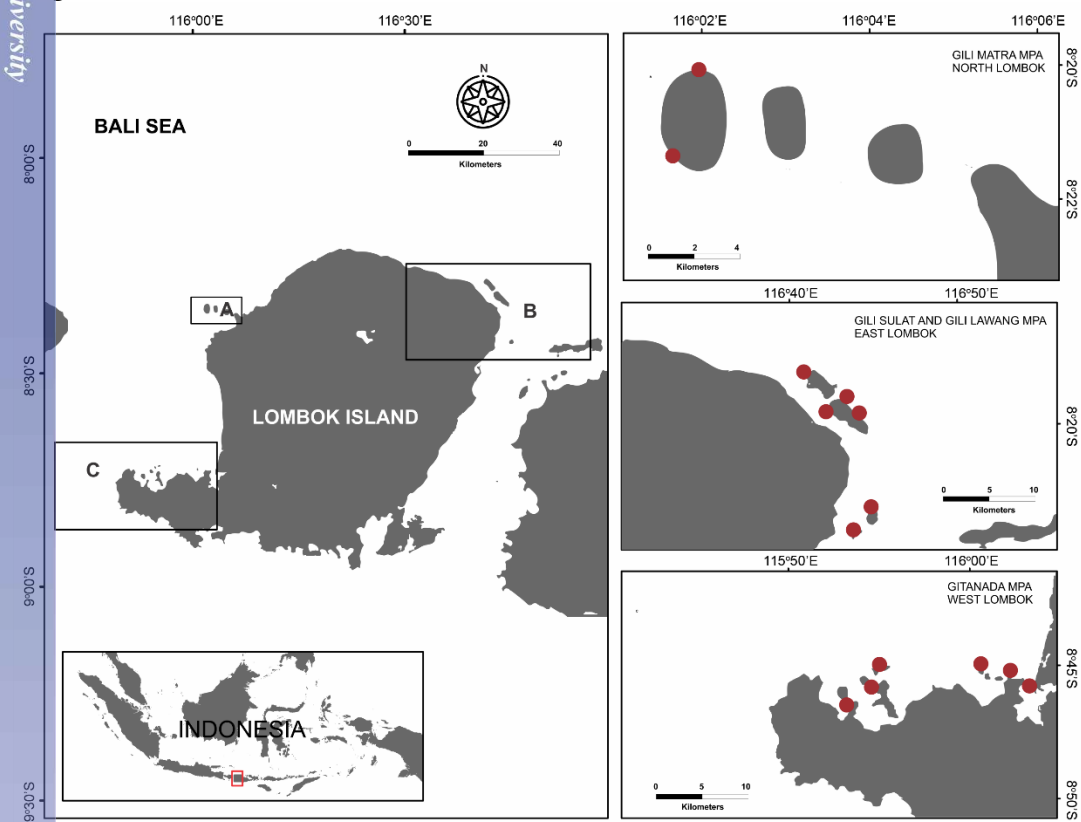
Hak Cipta Dilindungi Undang-undang

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.

II METODE

2.1 Waktu dan Lokasi Penelitian

Penelitian ini dilaksanakan di Perairan Laut Lombok pada tanggal 5 – 12 Agustus 2018. Pengambilan sampel dilakukan pada 14 titik pengamatan yaitu: Gili Sulat (1), Gili Sulat (2), Gili Sulat (3), Gili Lawang, Gili Petagan, Gili Kondo, Gili Nanggu, Bunutan, Bintuan, Gili Rengit, Gili Goleg, Gili Gede, Gili Trawangan (1) dan Gili Trawangan (2) (Gambar 1). Analisis karakter molekuler dilakukan di Laboratorium Biodiversitas dan Biosistematika Kelautan, Departemen Ilmu dan Teknologi Kelautan, Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan Institut Pertanian Bogor.



Gambar 1 Lokasi Pengambilan Sampel di Daerah Perlindungan Laut Lombok (●).

2.2 Teknik Persiapan Sampel

Pengambilan sampel dilakukan pada bagian kolom perairan dan sedimen dengan menggunakan botol sampel volume 4 L. Sampel air kemudian divakum oleh pompa peristaltik MASTERFLEX nomor 13-310-662 dan disaring dengan kertas millipore 0.4 μm (Bakker *et al.* 2017). Kertas saringan dipotong menjadi dua bagian, yang digunakan sebagai replikasi (Pesant *et al.* 2015; Gimmler *et al.* 2016). Kertas saring dimasukkan ke dalam 2 ml *cryotube* yang telah terisi cairan DNA Shield \pm 1 ml. Proses persiapan pengambilan sampel disajikan dalam Tabel 1.

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.

Tabel 1 Tahapan persiapan sampel

Tahapan	Prosedur
Pengambilan Sampel	Pengambilan sampel dilakukan pada 2 bagian perairan yaitu: kolom air atas dan sedimen perairan dengan menggunakan botol sampel volume 4 L.
Penyaringan Sampel	Sampel air yang telah diambil, kemudian dilakukan penyaringan menggunakan saringan ukuran 0,4 μm .
Persiapan Pompa Peristaltik	Sampel yang telah tersaring kemudian dipompa menggunakan pompa peristaltik dengan tahapan sebagai berikut: <ol style="list-style-type: none"> 1. Kertas saring ukuran 0,4 μm disiapkan. 2. Selang penghubung antara <i>cartridge</i> dengan filter pompa peristaltik disiapkan sebanyak dua buah dengan ukuran berbeda. 3. Selang dipotong menjadi dua bagian yaitu: selang pertama berukuran sepanjang 70 cm untuk penghubung sampel melalui <i>cartridge</i> menuju tabung filter, kemudian selang kedua berukuran sepanjang 40 cm untuk menyalurkan air (sampel) menuju botol pembuangan. 4. Kertas saring dimasukkan kedalam masing masing tabung filter. 5. Jika proses persiapan selesaidilakukan, mesin dioperasikan dengan kecepatan 60 rpm. Lakukan hingga semua air sampel dalam botol habis.
Pengawetan Sampel	<ol style="list-style-type: none"> 1. Kertas saring dipotong menjadi dua bagian dengan menggunakan gunting yang telah di sterilisasi dengan menggunakan bleach 70%. 2. Kertas saring kemudian dimasukkan pada <i>cryotube</i> 2 ml 3. Setiap <i>cryotube</i> diisi dengan DNA shield sebanyak 1 ml.

2.3 Ekstraksi DNA

Ekstraksi DNA adalah prosedur umum dalam memisahkan dan mengumpulkan DNA untuk analisis molekuler. Ekstraksi DNA bertujuan untuk menghancurkan dinding sel sampel jaringan, melepaskan DNA, menghasilkan ekstrak murni, dan melindungi DNA dari degradasi. DNA pada setiap kertas saring diekstraksi dengan menggunakan kit ZR Soil DNA Miniprep (Zymo Research, USA) sesuai protokol pabrik (Verma dan Satyanarayana 2011; Li *et al.* 2018).

2.4 Amplifikasi DNA

Proses amplifikasi DNA atau *Polymerase Chain Reaction* (PCR) dengan target gen *Cytochrome Oxidase I* (COI) menggunakan primer kombinasi PCR primer *forward* mlCOIintF (Leray *et al.* 2013) dan primer *reverse* dgHCO2198

(Meyer 2003). Kombinasi ini telah terbukti bekerja dengan baik untuk mendeteksi berbagai taksa dalam target fragmen COI 313 bp (Leray *et al.* 2013; Leduc *et al.* 2019). Proses PCR dilakukan menggunakan *thermocycler* yang diprogram untuk melakukan 35 siklus. Setiap siklus terdiri dari proses pra denaturasi pada 95 °C selama 5 menit, denaturasi pada 94 °C selama 1 menit, penempelan pada 48 °C selama 45 detik dan ekstensi pada 72 °C selama 30 detik. Ekstensi akhir pada 72 °C selama 10 menit (Leray *et al.* 2016).

2.5 DNA Elektroforesis

Elektroforesis merupakan suatu metode pemisahan senyawa kimia yang berprinsip pada laju pergerakan molekul dalam aliran listrik (Madduppa *et al.* 2016). Elektroforesis bertujuan untuk menguji ada tidaknya dan potensi kualitas relatif dari produk PCR DNA. DNA divisualisasikan pada gel agarose 1,5% dalam 1x TAE Buffer. Pertama, gel agarose 1,5% dibuat dengan 0,75 gram 1x TAE dan 50 ml buffer TAE sebagai media elektroforesis. Agarose dipanaskan dalam microwave, kemudian dibiarkan dingin dan ditambahkan 3 µl Biotium GelRed. Produk PCR digunakan sebanyak 3 µl ketika dimasukkan ke dalam sumur-sumur agarose. Elektroforesis dilakukan pada 100 V selama 35 menit. Band hasil elektroforesis divisualisasikan dengan menggunakan sinar ultraviolet pada transilluminator UV.

2.6 DNA Sekuensing

Replikasi PCR dikumpulkan, selanjutnya dimurnikan menggunakan magnetic KAPA Pure Beads (bead: sample ratio 1.6: 1) dan dihitung menggunakan Qubit dsDNA HS Assay. Jumlah produk PCR yang ekuimolar yang diperkuat dengan primer PCR dikumpulkan sebelum dilakukan ligasi adaptor indeks tunggal yang mengikuti protokol kit LT PCR Illumina TruSeq. Semua preparasi diukur menggunakan fluorometer Qubit, jumlah ekuimolar dikumpulkan ke dalam satu tabung, dan produk akhir divalidasi menggunakan kit kuantifikasi KAPA qPCR (KAPA Biosystems, Wilmington, Massachusetts, USA). Persiapan diurutkan pada Illumina MiSeq dengan kit Illumina MiSeq v2 500 siklus.

2.7 Analisis Data

2.7.1 Analisis Bioinformatik

Pemfilteran kualitas awal dari hasil sekuensing dilakukan dengan menggunakan perangkat lunak online mBrave (<http://mBrave.net>). Urutan primer *forward* dan *reverse* dihilangkan, untuk kemungkinan ketidakcocokan dalam urutan primer. Urutan rantai basa yang memenuhi kriteria ini selanjutnya difilter kembali pada kisaran 140 - 300 bp. Hanya pasangan basa yang memenuhi kriteria yang dimasukkan untuk analisis lebih lanjut. Pembacaan taksonomi dari urutan COI dilakukan pembuatan database. Database terdiri dalam file taksonomi yang terkait dengan file urutan referensi dari BOLD (Ratnasingham dan Hebert 2007).

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.

2.7.2 Analisis Data Struktur Komunitas

Analisis keanekaragaman ikan karang menggunakan rumus dari Shannon-Wiener (Magurran 2004), sebagai berikut:

$$H' = -\sum p_i \ln(p_i) \quad (1)$$

Keterangan:

H' : indeks keanekaragaman Shannon-Wiener
 p_i : perbandingan jumlah spesies ke-i (n_i) terhadap jumlah total ikan karang (N), sehingga $p_i = \frac{n_i}{N}$

Menurut Jørgensen *et al.* (2005) Kategori untuk kisaran nilai indeks keanekaragaman Shannon-Wiener adalah:

$H' < 1$: Keanekaragaman rendah
 $1 < H' < 3$: Keanekaragaman sedang
 $H' > 3$: Keanekaragaman tinggi

Indeks dominansi digunakan untuk mengetahui jenis biota yang paling banyak ditemukan di lokasi penelitian. Indeks ini berkisar antara 0 – 1. Semakin mendekati angka 1 maka komunitas semakin kompleks atau adanya jenis tertentu yang mendominasi. Dominansi suatu jenis ikan karang dianalisis menggunakan indeks dominansi Simpson (Magurran 2004) sebagai berikut:

$$D = \sum p_i^2 \quad (2)$$

Keterangan:

D : indeks dominansi Shannon-Wiener
 p_i : perbandingan jumlah spesies ke-i (n_i) terhadap jumlah total ikan karang (N), sehingga $p_i = \frac{n_i}{N}$

Indeks keragaman Shannon-Wiener (H'), indeks dominansi Simpson (D) dihitung menggunakan paket vegan dalam R studio (Oksanen *et al.* 2019). Kemudian, hasil dari nilai keanekaragaman Shannon-Wiener (H') diuji tingkat signifikansi antara data stasiun dan zonasi menggunakan analisis ANOSIM.

2.7.3 Komposisi dan Kelimpahan Ikan

Hasil identifikasi taksa berdasarkan famili dan genera divisualisasikan menggunakan diagram lingkaran dari 14 lokasi pada peta. Komposisi spesies dan kelimpahan relatif spesies ikan antara kolom air dan sedimen diurutkan menggunakan Excel. Semua analisis statistik dilakukan dan divisualisasikan pada R Studio (v.3.6.2, <http://r-projekt.org>), menggunakan paket ggplot2 (Wickham 2009).



2.7.4 Perbandingan Kolom dan Sedimen

Perbandingan kolom dan sedimen disajikan dalam sebuah diagram venn penentu kesamaan kemunculan pada spesies ikan. Pembuatan diagram venn menggunakan R studio dan di gambar ulang menggunakan Corel draw. Melihat perbedaan dalam komposisi *reads sequence* antara kolom perairan dan sampel sedimen, tabel kelimpahan *reads sequence* diubah menjadi matriks kehadiran dan indeks jarak Bray-Curtis dihitung. Indeks jarak Bray-Curtis kemudian dianalisis dengan *non-metric multidimensional scaling* (NMDS) menggunakan paket vegan termasuk PERMANOVA Adonis untuk membuktikan kebenaran hasil perhitungan indeks jarak dan melihat tingkat signifikan antara data analisis (McMurdie dan Holmes 2013).

© 2014 Open Access 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.

III HASIL DAN PEMBAHASAN

3.1 Struktur Komunitas Ikan Terumbu

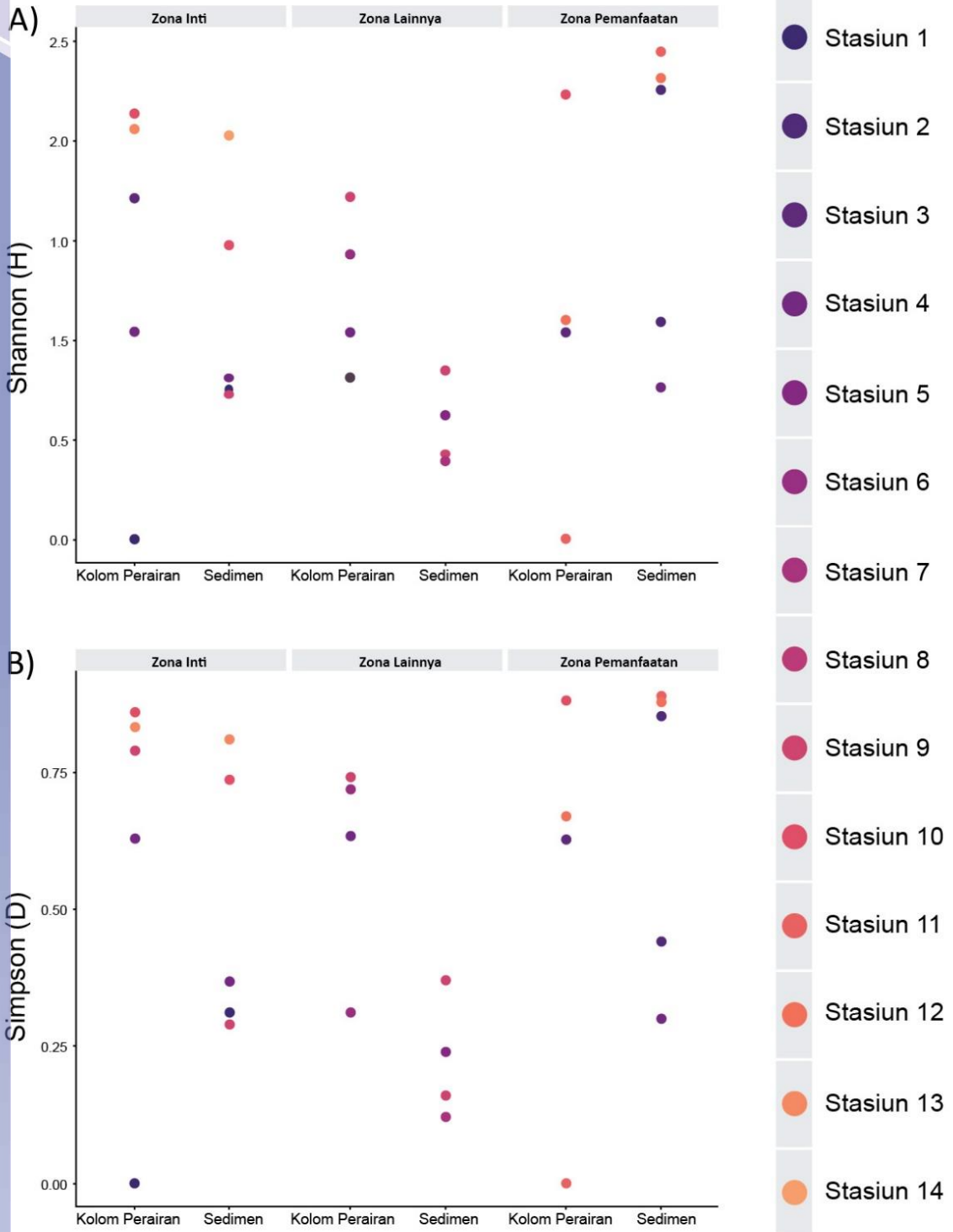
Hasil indeks keanekaragaman pada kolom perairan maupun sedimen menunjukkan nilai yang berada pada kategori rendah hingga sedang ($1 < H' < 3$) dengan kisaran H' indeks antara 0,64 – 2,58 (Gambar 2). Zona pemanfaatan memiliki nilai keanekaragaman sedang baik pada sampling kolom perairan maupun sedimen. Zona kawasan terbuka sebaliknya, indeks keanekaragaman tergolong rendah tetapi memiliki nilai dominan yang tinggi baik di kolom perairan maupun sedimen. Penentuan keseimbangan pada suatu ekosistem dapat dilihat dari nilai indeks keanekaragaman yang merupakan salah satu penentu tingkat kestabilan suatu komunitas.

Hasil penelitian menggambarkan adanya kondisi yang tidak stabil terhadap komunitas ikan terumbu karang karena adanya spesies ikan yang mendominasi pada setiap zona pengamatan. Nilai indeks keseragaman dan nilai indeks dominansi (D) akan selalu berbanding terbalik. Nilai keseragaman mendekati nilai 1 maka nilai indeks dominansi akan mendekati nilai 0. Nilai indeks dominansi mendekati 0 menunjukkan bahwa hampir tidak ada biota atau spesies yang mendominasi dalam wilayah penelitian (Muniah *et al.* 2016).

Hasil perhitungan indeks keanekaragaman (H') dan indeks dominansi (D) dilakukan pengujian ANOSIM dengan nilai uji untuk indeks keanekaragaman (H') menghasilkan nilai R statistik sebesar 0,11 dengan penarikan kesimpulan bahwa tidak adanya perbedaan antara zonasi pada setiap titik pengamatan. Kondisi ini juga sama pada hasil uji ANOSIM untuk indeks dominansi (D) dengan nilai ($R=0,04$). Berdasarkan hasil uji dan sebaran nilai indeks keanekaragaman dan indeks dominansi pada Gambar 2, tidak adanya perbedaan antara zonasi dalam pengelompokan spesies teridentifikasi.

Hak Cipta Dilindungi Undang-undang

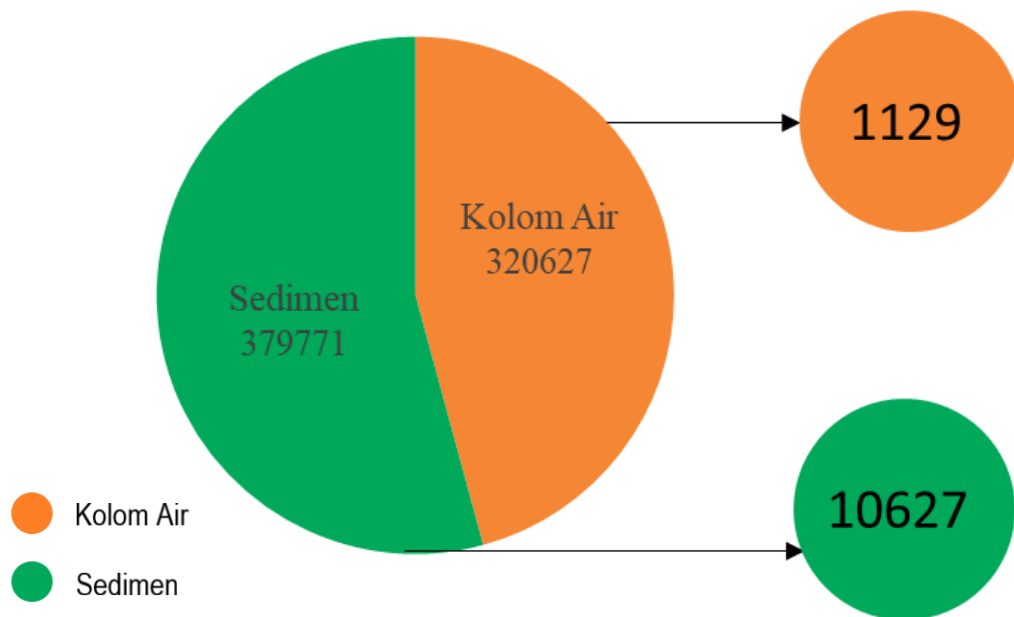
1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan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



Gambar 2 Struktur komunitas ikan terumbu berdasarkan nilai indeks keanekaragaman (H') dan indeks dominansi (D)

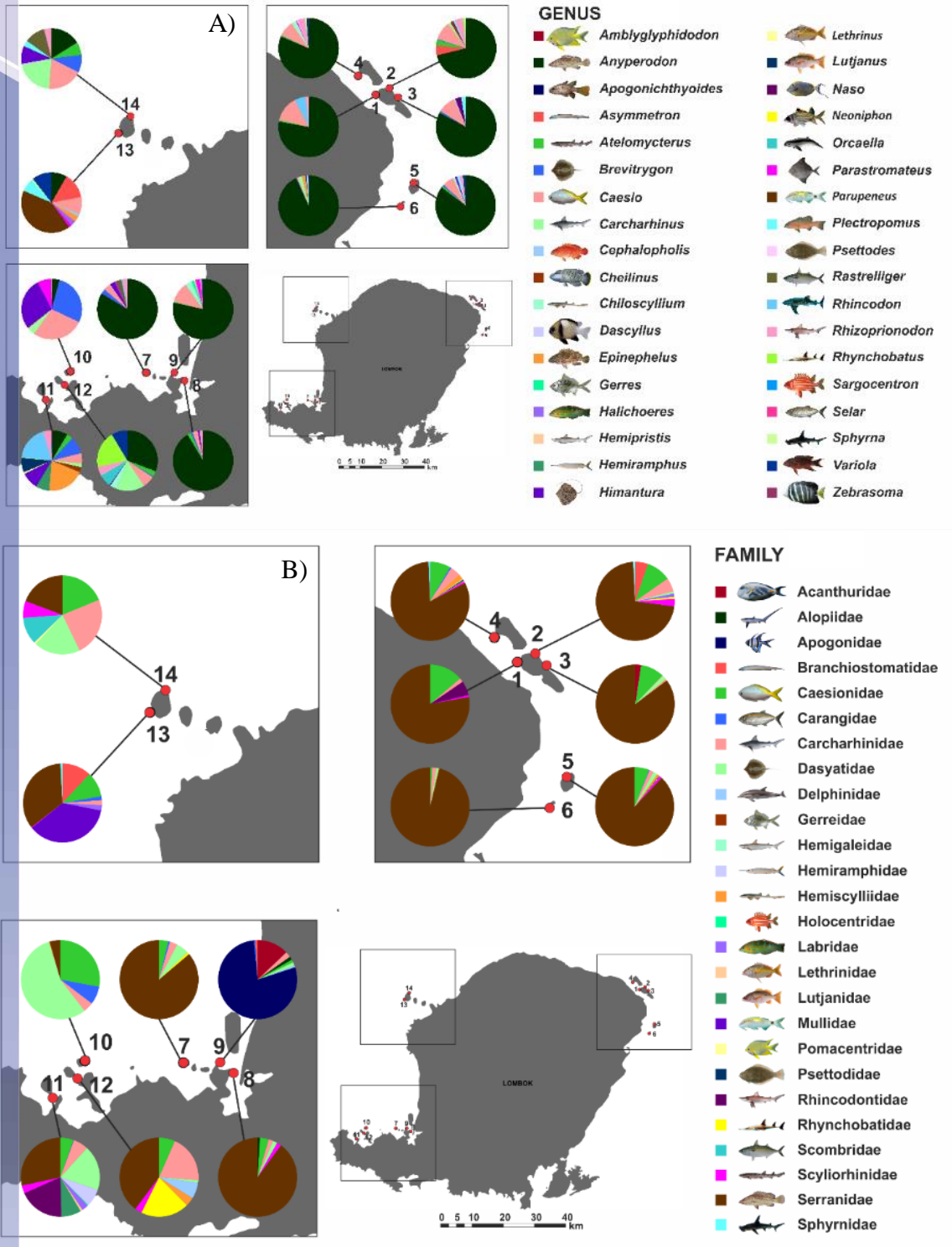
3.2 Kelimpahan Total Ikan Terumbu

Terdapat 320.627 pembacaan sekuen pada semua sampel kolom air yang terbaca dari hasil analisis mBRAVE dan teridentifikasi sebanyak 1.129 sekuen untuk spesies ikan yang ditemukan di Perairan Lombok. Pembacaan sekuen pada sampel sedimen menunjukkan nilai yang jauh lebih besar dibandingkan sampel kolom air sebesar 379.771 pembacaan sekuen dengan total pembacaan spesies sebesar 10.627 (Gambar 3, Lampiran 1).



Gambar 3 Persentase pembacaan sekuen total dan spesies sekuen teridentifikasi untuk sampel kolom air dan sedimen

Hasil analisis, ditemukan sebanyak 26 famili dan 36 genera yang teridentifikasi dari total pembacaan sekuen pada Gambar 3 dengan persentase kelimpahan terbanyak adalah famili Serranidae (Gambar 4). Proses pembacaan hasil sekuen data menggunakan marka COI menunjukkan nilai yang cukup baik. Hasil yang teridentifikasi setara dengan penelitian sebelumnya yang menggunakan marka DNA yang sama mendapatkan persentase hasil sebanyak 84% (Leray *et al.* 2013), dan 90,4% (Leray *et al.* 2019) kecocokan pada tingkatan taksonomi. Famili Pomacentridae merupakan salah satu famili yang sangat sedikit teridentifikasi. Penurunan tutupan karang di perairan Lombok menjadi salah satu penyebab menurunnya famili Pomacentridae (Setiawan *et al.* 2017). Tingginya penurunan famili Pomacentridae merupakan dampak dari pemanasan global dalam fenomena pemutihan karang atau *bleaching* meningkat sehingga hewan pada polip karang menghilang.



Gambar 4 (A) Persentase kemunculan ikan berdasarkan Famili yang ditemukan pada setiap titik pengamatan, (B) Persentase kemunculan ikan berdasarkan genus yang ditemukan pada setiap titik pengamatan

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 IPB University.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.

3.3 Kelimpahan Jenis Ikan Terumbu pada Kolom dan Sedimen

Kelimpahan total ikan teridentifikasi sebanyak 58 jenis ikan, 36 jenis ikan ditemukan pada kolom perairan dan 47 jenis pada sedimen (Gambar 5). Kelimpahan tertinggi pada kolom perairan adalah ikan ekor kuning (*Caesio cuning*), yang paling banyak teridentifikasi pada setiap titik sampling. Jenis *Anyperodon leucogrammicus* juga tergolong memiliki kelimpahan tinggi di kolom air, hanya saja jenis ini dominan pada titik sampling 5 yang terletak di Gili Petagan pada kawasan terbuka. Jenis ini paling banyak ditemukan di setiap titik sampling.

Gambar 5 juga menunjukkan materi genetik pada sedimen lebih banyak dari pada kolom perairan. Kelimpahan ikan pada sedimen menunjukkan tingkat dominasi yang tinggi oleh salah satu jenis, sementara pada kolom perairan jenis ikan lebih beragam. Hal ini mengkonfirmasi pernyataan Turner *et al.* (2014) yang menyatakan bahwa sedimen mengandung lebih banyak DNA dibandingkan dengan kolom karena sedimen dapat menyimpan materi genetik untuk periode yang cukup lama. Hasil penelitian ini, bertolak belakang dengan Shaw *et al.* (2016) yang menemukan lebih banyak jenis ikan dalam kolom air dibandingkan dengan sedimen. Perbedaan ini diduga berkaitan dengan morfologi dasar perairan dan kondisi oseanografis yang memengaruhi proses transport massa air. Transport DNA lingkungan menurut Deiner dan Altermatt (2014) sangat penting bagi organisme akuatik, di mana materi ikan dan invertebrata dapat ditemukan ± 10 km dari habitat asalnya berada bergantung pada kondisi perairan itu sendiri.

Hasil uji ANOSIM didapatkan nilai ($R=0,66$) yang berarti bahwa kelimpahan spesies ikan terumbu karang memiliki perbedaan pada setiap tipe sampling di setiap stasiun maupun zonasi pada kawasan pengamatan. Sedangkan secara visualisasi berdasarkan *bar plot* pada (Gambar 4) dapat dilihat jumlah spesies yang ditemukan pada masing masing tipe sampling sangat beragam dan adanya kondisi yang sangat unik dimana pada lokasi pengamatan cenderung didominasi oleh spesies tertentu.

Komposisi jenis ikan banyak teridentifikasi pada ikan target ekonomis penting, salah satunya banyak ditemukan ikan ekor kuning (*Caesio cuning*) banyak ditemukan. *Caesio cuning* ini sendiri dalam rantai makanan merupakan ikan pemakan plankton. Famili Serranidae juga terhitung sebagai famili yang banyak teridentifikasi. Serranidae sendiri merupakan jenis ikan yang umumnya aktif di malam hari (*nocturnal*) dan merupakan salah satu predator puncak dalam ekosistem terumbu karang.

Tabel 2 Kehadiran jenis ikan beserta status IUCN dan perdagangan

Spesies	IUCN	CITES	Ditemukan di-	
			Kolom Perairan	Sedimen
<i>Alopias pelagicus</i>	EN	II	√	-
<i>Amblyglyphidodon curacao</i>	LC	-	√	-
<i>Anyperodon leucogrammicus</i>	LC	-	√	√
<i>Apogonichthyoides nigripinnis</i>	NE	-	√	-
<i>Atelomycterus erdmanni</i>	NE	-	√	√
<i>Brevitrygon heterura</i>	NE	-	√	√
<i>Caesio cuning</i>	LC	-	√	√
<i>Caesio teres</i>	LC	-	√	√
<i>Caesio lunaris</i>	LC	-	√	√
<i>Carcharhinus amblyrhynchoides</i>	NT	-	√	√
<i>Carcharhinus brevipinna</i>	VU	-	√	√
<i>Carcharhinus falciformis</i>	VU	II	√	√
<i>Carcharhinus leucas</i>	NT	-	-	√
<i>Carcharhinus limbatus</i>	NT	-	√	√
<i>Carcharhinus sorrah</i>	NT	-	√	√
<i>Carcharhinus tilstoni</i>	LC	-	√	√
<i>Cephalopholis argus</i>	LC	-	√	-
<i>Cephalopholis boenak</i>	LC	-	√	-
<i>Cephalopholis miniata</i>	LC	-	-	√
<i>Cheilinus chlorourus</i>	LC	-	-	√
<i>Chiloscyllium plagiosum</i>	NT	-	√	√
<i>Dascyllus trimaculatus</i>	VU	-	√	-
<i>Epinephelus areolatus</i>	LC	-	√	√
<i>Epinephelus bleekeri</i>	DD	-	-	√
<i>Epinephelus coioides</i>	LC	-	-	√
<i>Epinephelus fuscoguttatus</i>	VU	-	√	-
<i>Epinephelus malabaricus</i>	LC	-	-	√
<i>Epinephelus merra</i>	LC	-	-	√
<i>Gerres shima</i>	NE	-	-	√
<i>Halichoeres hortulanus</i>	LC	-	√	-
<i>Hemipristis elongata</i>	VU	-	-	√
<i>Hemiramphus far</i>	NE	-	-	√
<i>Himantura walga</i>	NT	-	√	√
<i>Lethrinus ornatus</i>	LC	-	-	√
<i>Lutjanus decussatus</i>	LC	-	√	√
<i>Lutjanus semicinctus</i>	LC	-	-	√
<i>Naso minor</i>	LC	-	-	√
<i>Neoniphon argenteus</i>	LC	-	-	√
<i>Orcaella brevirostris</i>	EN	I	-	√
<i>Parastromateus niger</i>	LC	-	√	√
<i>Parupeneus crassilabris</i>	LC	-	-	√
<i>Parupeneus multifasciatus</i>	LC	-	-	√
<i>Plectropomus leopardus</i>	LC	-	√	√

Kehadiran Jenis Ikan beserta status IUCN dan Perdagangan (lanjutan)

<i>Plectropomus oligacanthus</i>	LC	-	√	-
<i>Psettodes erumei</i>	DD	-	√	√
<i>Pseudanthias huchtii</i>	LC	-	√	-
<i>Rastrelliger brachysoma</i>	DD	-	-	√
<i>Rastrelliger kanagurta</i>	DD	-	-	√
<i>Rhincodon typus</i>	EN	II	-	√
<i>Rhizoprionodon oligolinx</i>	LC	-	√	√
<i>Rhynchobatus australiae</i>	CR	II	√	√
<i>Rhynchobatus springeri</i>	CR	II	√	√
<i>Sargocentron inaequalis</i>	DD	-	-	√
<i>Selar boops</i>	LC	-	-	√
<i>Sphyrna lewini</i>	CR	II	√	√
<i>Variola albimarginata</i>	LC	-	√	√
<i>Variola louti</i>	LC	-	√	√
<i>Zebrasoma scopas</i>	LC	-	√	-

Sebanyak 58 spesies ikan yang sudah terdeteksi pada penelitian ini kemudian diklasifikasikan menjadi 7 jenis kategori status IUCN berdasarkan *International Union Conservation of Nature* (<https://www.iucnredlist.org/>). Lima jenis kategori IUCN tersebut adalah *critically endangered* (CR) *endangered* (EN), *vulnerable* (VU), *near threatened* (NT), *least concern* (LC), *data deficient* (DD) dan *not evaluated* (NE). Penyajian data mengenai jenis status konservasi ikan yang berhasil terdeteksi pada Perairan Lombok disajikan pada Tabel 2. Dari 58 spesies yang berhasil terdeteksi pada Perairan Lombok, diketahui bahwa terdapat 3 spesies yang memiliki status IUCN *critically endangered* (CR), 3 spesies yang memiliki status *endangered* (EN), 5 spesies dengan status *vulnerable* (VU), 6 spesies dengan status *near threatened* (NT), 31 spesies dengan status *least concern* (LC), 5 spesies dengan status *data deficient* (DD), dan 5 spesies dengan status *not evaluated* (NE).

Hasil identifikasi juga menunjukkan data pengkategorian status CITES spesies ikan berdasarkan *Convention on International Trade in Endangered Species* (CITES) disajikan pada Tabel 2. Dari total spesies yang berhasil terdeteksi, tujuh diantaranya masuk kedalam daftar Apendiks I dan II CITES. Spesies-spesies yang masuk ke dalam daftar tersebut adalah *Alopias pelagicus*, *Carcharhinus falciformis*, *Orcaella brevirostris*, *Rhincodon typus*, *Rhynchobatus australiae*, *Rhynchobatus springeri*, dan *Sphyrna lewini*.

Secara ekologis 58 spesies ikan yang telah teridentifikasi terbagi menjadi 3 kategori sifat hidup yaitu ikan pelagis, ikan demersal, dan ikan terumbu karang. Spesies yang termasuk dalam ikan pelagis tercatat sebanyak 9 spesies yaitu *Carcharhinus amblyrhynchoides*, *Carcharhinus tilstoni*, *Rastrelliger brachysoma*, *Rastrelliger kanagurta*, *Rhynchobatus springeri*, dan 3 diantaranya merupakan ikan pelagis oseanik yang melakukan migrasi luas adalah *Alopias pelagicus*, *Rhincodon typus*, dan *Sphyrna lewini*. Ikan pelagis yang tercatat pada Tabel 2, ditemukan sebanyak 2 spesies dengan status *endangered* (EN), dan 2 spesies dengan status *critically endangered* (CR).

Alopias pelagicus merupakan spesies hiu yang tercatat pada status CITES Apendiks II dengan status *endangered* (EN) pada IUCN yang sampel DNA hanya teridentifikasi pada tipe sampling kolom air. *Alopias pelagicus* sendiri merupakan

- 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.

hewan *oceanodromous* yang bersifat kosmopolit yang melakukan migrasi tinggi karena rute migrasi seukuran dengan cekungan samudra, oleh karena itu spesies ini diduga saat pengambilan sampel sedang melakukan migrasi maka dari itu hanya ditemukan jejak DNA pada kolom air saja. Selain *Alopias pelagicus*, spesies ikan pelagis yang memiliki status IUCN *endangered* (EN) lainnya adalah *Rhincodon typus* dikarenakan populasi global dari spesies hiu ini telah menurun hingga lebih dari 50% selama 75 tahun terakhir (Pierce dan Norman 2016).

Sphyrna lewini dan *Rhynchobatus springeri* merupakan spesies ikan pelagis yang memiliki status IUCN *critically endangered* (CR). *Sphyrna lewini* sendiri tercatat lebih dari 60-90% tertangkap dengan jaring di Indonesia belum mencapai ukuran kematangan reproduksi (White *et al.* 2008). Hadi *et al.* 2020 mengungkapkan kombinasi tekanan penangkapan yang tinggi, selektivitas penangkapan yang rendah dan terhambatnya proses regenerasi dapat mempercepat penurunan populasi *Sphyrna lewini* di alam. Selain itu rendahnya keanekaragaman genetik dan perbedaan yang signifikan dalam struktur genetik antar populasi membuat spesies hiu ini menjadi rentan terhadap kepunahan (Hadi *et al.* 2019). *Rhynchobatus springeri* merupakan spesies ikan neritik yang umumnya banyak dikonsumsi di kalangan masyarakat. Simeon *et al.* 2019 mengungkapkan terjadinya penurunan *Rhynchobatus* spp. sebanyak 85% di Indonesia pada tahun 2005-2011.

Ikan demersal ditemukan sebanyak 7 spesies diantaranya *Brevitrygon heterura*, *Epinephelus bleekeri*, *Gerres shima*, *Hemipristis elongata*, *Himantura walga*, *Psettodes erumei*, *Rhynchobatus australiae*. *Rhynchobatus australiae* sendiri memiliki status IUCN yang sama dengan *Rhynchobatus springeri*, hal ini menunjukkan betapa tingginya tingkat penangkapan dan penjualan pada ikan pari di Indonesia. Kategori terakhir adalah ikan terumbu karang yang ditemukan sebanyak 41 spesies. Spesies ikan ini sangat berasosiasi kuat dengan terumbu karang dimana sebagian besar siklus hidupnya berada di kawasan terumbu karang.

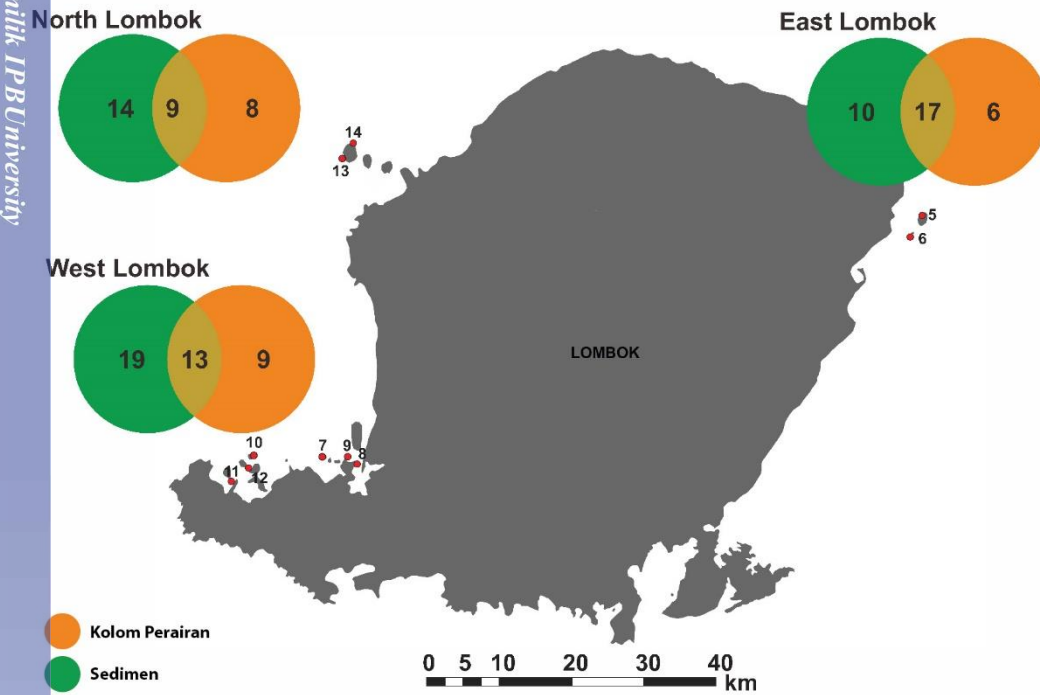
Keseluruhan data pada Tabel 2 dapat merepresentasikan tingginya DNA yang terkandung pada sedimen dari pada pada kolom perairan, hal ini terjadi karena material genetik dapat tersimpan untuk waktu yang lama (Turner *et al.* 2014). Perbedaan ini terkait dengan kondisi topografi dan oseanografi yang mempengaruhi proses pengangkutan air karena data DNA lingkungan dipengaruhi oleh faktor seperti suhu air, bahan organik, pH, arus, serta jenis dan jumlah bahan yang digunakan. Selama pengambilan sampel (Gilbey *et al.* 2021). Di lingkungan lepas pantai, DNA lingkungan terdegradasi lebih lambat daripada di wilayah pesisir. Faktor lingkungan, seperti parameter oseanografi, biologi, dan kimia menyebabkan partikel DNA yang sangat bervariasi (Collins *et al.* 2018; Hansen *et al.* 2018).

Kualitas DNA juga sangat mempengaruhi waktu pada DNA tersebut dapat bertahan di kolom perairan. Jika konsentrasi semakin tinggi lama kelamaan DNA akan tercuci dan mengendap di sedimen atau terbawa menuju kolom perairan lainnya oleh bantuan arus air. Deiner dan Altermatt (2014) mengemukakan bahwa material genetik ikan dan avertebrata lainnya dapat ditemukan ± 10 km dari habitat aslinya.



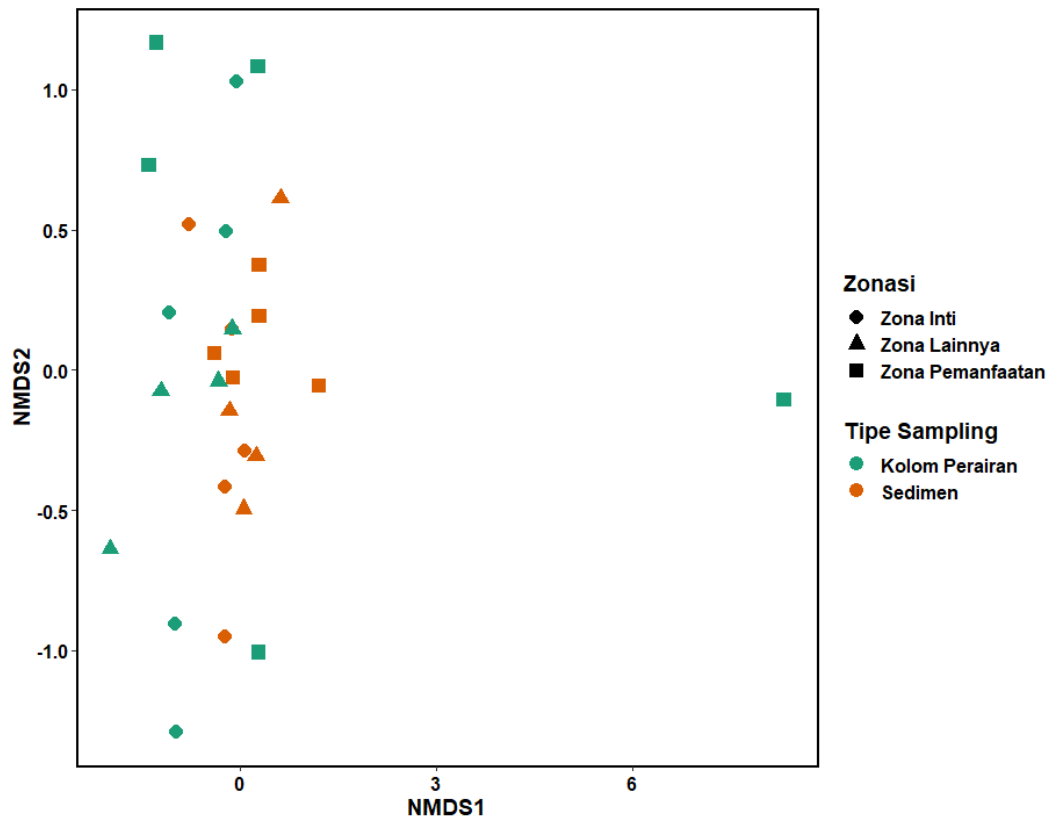
3.4 Perbandingan Kolom dan Sedimen

Perbedaan antara kelimpahan dan komposisi jenis pada kolom perairan dan sedimen bisa terjadi karena adanya proses pengendapan materi genetik ataupun kondisi faktor fisika kimia yang dapat mendegradasi DNA dan memengaruhi persistensi eDNA (Andruszkiewicz *et al.* 2019; Li *et al.* 2019). Perbedaan komposisi jenis pada tiga kawasan perlindungan laut masing masing memiliki perbedaan antara Lombok Utara, Timur dan Barat (Gambar 6).



Gambar 6 Diagram Venn yang menunjukkan perbedaan komposisi jenis ikan pada tiga kawasan perlindungan laut mulai dari Lombok Timur, Lombok Utara hingga Lombok Barat

Kelimpahan jenis ikan terumbu karang terjadi adanya perbedaan nyata terhadap tipe sampling (Gambar 7) dengan hasil perhitungan Adonis Pr ($>F$) = 0,001. Indeks jarak Bray-Curtis tervisualisasikan dengan nilai stress 0,154 memperlihatkan bahwa keragaman jenis ikan tidak ada perbedaan yang signifikan antara titik pengamatan dan tipe sampling, ANOVA Pr ($> F$) = 0,09 dengan nilai lebih dari 0,05. Kondisi hasil identifikasi menunjukkan adanya perbedaan antar jenis ikan terumbu karang pada masing masing tipe sampling, namun tidak adanya perbedaan yang signifikan terhadap titik pengamatan.



Gambar 7 Perbandingan komposisi jenis berdasarkan stasiun dan tipe sampling pada ikan terumbu, *Non-metric Multidimensional Scaling* (NMDS) dengan menggunakan metode jarak Bray-Curtis dengan nilai stress 0,154

Data hasil analisis *Non-metric Multidimensional Scaling* (NMDS) menunjukkan adanya data pencilan, dimana data tersebut merupakan data dari hasil spesies teridentifikasi yang hanya satu satunya ditemukan pada salah satu stasiun pengamatan seperti data pada Gambar 5. Kondisi ini tidak mempengaruhi pada hasil uji statistik yang memang menunjukkan adanya perbedaan nyata antara stasiun pengamatan dengan spesies yang ditemukan.

Perbandingan kelimpahan dan komposisi jenis pada kolom perairan dan sedimen dipengaruhi beberapa faktor. Sedimen sejauh ini dianggap sebagai reservoir DNA terbesar di lautan dengan konsentrasi mewakili >90% namun jumlah tersebut bergantung pada kondisi lingkungan perairan (Dell'Anno dan Danovaro, 2005). Degradasi DNA pada kolom perairan bisa berlangsung selama beberapa jam, hari bahkan minggu bergantung pada kondisi biotik dan abiotiknya (Thomsen *et al.* 2012; Barnes *et al.* 2014).

3.5 Implikasi Penelitian

Mengukur kekayaan dan kelimpahan spesies dalam ekosistem akan terus menjadi tujuan dalam banyak studi ekologi. Selain memperkirakan kekayaan spesies, bidang utama penelitian ekologi adalah menentukan apakah perubahan komunitas yang diamati melampaui ambang batas yang dapat diterima untuk fungsi ekosistem tertentu yang diinginkan (Jackson *et al.* 2016). Penelitian

keanekaragaman hayati pada ekosistem memerlukan pengidentifikasian spesies dalam berbagai kelompok taksonomi dan tingkat trofik, bersama dengan perubahan fungsi ekosistem. DNA lingkungan memiliki potensi untuk memfasilitasi penelitian dalam mengestimasi keanekaragaman hayati serta pengidentifikasian kekayaan spesies. Penelitian ini juga dapat memandu dalam penarikan keputusan mengenai pengelolaan ekosistem berdasarkan hubungan yang ditunjukkan (Bohan *et al.* 2017).

Mengingat laju penurunan keanekaragaman hayati yang cepat di seluruh dunia (Butchart *et al.* 2010), sangatlah penting bagi kita untuk mempermudah dalam pengidentifikasian keanekaragaman hayati pada setiap tingkatan ekosistem terutama komoditas ikan. Oleh karena itu, pengembangan metode yang memungkinkan penilaian keanekaragaman hayati yang cepat, hemat biaya dan spesies kriptik merupakan sesuatu yang penting. Perkiraan yang lebih baik tentang distribusi spesies yang rentan akan memfasilitasi pengembangan kebijakan dan memungkinkan penargetan yang efisien dari upaya pengelolaan lintas habitat (Kelly *et al.* 2014; Thomsen dan Willerslev, 2015). Misalnya, mendokumentasikan keberadaan spesies yang terancam di habitat dapat memicu serangkaian tindakan berdasarkan undang-undang yang berkaitan dengan konservasi keanekaragaman hayati (Deiner *et al.* 2017).

Pemantauan berbasis DNA lingkungan kemungkinan akan menjadi keuntungan besar bagi lembaga publik yang seringkali kekurangan dana yang dituntut untuk mematuhi undang-undang yang menuntut data. Secara khusus, *metabarcoding* DNA akan berguna untuk memantau komunitas ketika banyak spesies menjadi perhatian konservasi. Namun DNA lingkungan tidak dapat digunakan untuk membedakan antara organisme hidup dan mati atau memperkirakan banyak parameter demografis yang penting dalam analisis viabilitas populasi (Deiner *et al.* 2017).



IV SIMPULAN DAN SARAN

4.1 Simpulan

Struktur komunitas ikan terumbu karang yang diamati dalam penelitian ini menunjukkan bahwa metode *metabarcoding* DNA lingkungan merupakan salah satu metode yang efektif untuk proses biomonitoring. Terdapat perbedaan yang signifikan pada komposisi spesies sampel kolom air dan sedimen, serta perbedaan struktur komunitas antar zona perlindungan. Tingkat efektifitas antara pembacaan kelimpahan dan komposisi jenis ikan lebih efektif pada sampel sedimen dimana sampel sedimen ditemukan 48 spesies teridentifikasi dan pada kolom air hanya ditemukan 36 spesies teridentifikasi. Selain itu, ditemukan bahwa eDNA berhasil diterapkan sebagai *biomonitoring* ikan di perairan laut tropis, serta membantu program konservasi dan pemantauan di kawasan tropis dengan meningkatkan kapasitas untuk memetakan catatan kejadian untuk keanekaragaman spesies.

4.2 Saran

Permutakhiran dataset untuk membantu proses indentifikasi yang jauh lebih baik juga sangat dibutuhkan untuk menunjang peningkatan hasil penelitian. Membandingkan setiap marka untuk melihat hasil indentifikasi yang lebih baik juga bisa dilakukan untuk penelitian selanjutnya.

DAFTAR PUSTAKA

- Adrim M, Harahap S, Wibowo K. 2012. Struktur Komunitas Ikan Karang di Perairan Kendari (Community Structure of Coral Reef Fishes at Kendari Waters). *Indonesian Journal of Marine Sciences*. 17(3):154–163. doi:10.14710/ik.ijms.17.3.154-163.
- Allen GR, Adrim M. 2003. Coral Reef Fishes of Indonesia [ulasan]. *Zoological Studies*. 42(1):1–72.
- Ampou EE, Nugroho SC, Widagti N. 2020. Status Terumbu Karang Dan Ikan Karang Di Gili Matra, Nusa Tenggara Barat. *ECOTROPHIC : Jurnal Ilmu Lingkungan*. 14(1):14. doi:10.24843/ejes.2020.v14.i01.p02.
- Andruszkiewicz EA, Koseff JR, Fringer OB, Ouellette NT, Lowe AB, Edwards CA, Boehm AB. 2019. Modeling environmental DNA transport in the coastal ocean using lagrangian particle tracking. *Frontiers in Marine Science*. 6:1–14. doi:10.3389/fmars.2019.00477.
- Arifin MA, Yulianda F. 2003. Coral reef diversity in East Lombok, Nusa Tenggara Barat. *Jurnal Ikhtologi*. 3:1-8. doi:10.32491/jii.v3i1.268.
- Bakker J, Wangenstein OS, Chapman DD, Boussarie G, Buddo D, Guttridge TL, Hertler H, Mouillot D, Vigliola L, Mariani S. 2017. Environmental DNA reveals tropical shark diversity in contrasting levels of anthropogenic impact. *Scientific Reports*. 1:1–11. doi:10.1038/s41598-017-17150-2.
- Barnes MA, Turner CR, Jerde CL, Renshaw MA, Chadderton WL, Lodge DM. 2014. Environmental conditions influence eDNA persistence in aquatic systems. *Environmental Science Technology*. 48:1819–1827.
- Barnes MA, Turner CR. 2016. The ecology of environmental DNA and implications for conservation genetics. *Conservation Genetics*. 17(1):1–17. doi:10.1007/s10592-015-0775-4.
- Bell J, Galzin R. 1984. Influence of live coral cover on coral-reef fish communities. *Marine Ecology Progress Series*. 15:265–274. doi:10.3354/meps015265.
- Bohan DA, Vacher C, Tamaddoninezhad A, Raybould A, Dumbrell AJ, Woodward G. 2017. Next-Generation Global Biomonitoring: Large-scale, Automated Reconstruction of Ecological Networks. *Trends in Ecology and Evolution*. 32(7):477–487. doi:10.1016/j.tree.2017.03.001.
- Butchart SH, Walpole M, Collen B, Van Strien A, Scharlemann JP, Almond RE, Bruno J *et al.* 2010. Global biodiversity: Indicators of recent declines. *Science*. 328: 1164–1168. doi:10.1126/science.1187512.
- Chabanet P, Ralambondrainy H, Amanieu M, Faure G, Galzin R. 1997. Relationships between coral reef substrata and fish. *Coral Reefs*. 16(2):93–102. doi:10.1007/s003380050063.
- Coll M, Libralato S, Tudela S, Palomera I, Pranovi F. 2008. Ecosystem overfishing in the ocean. *PLoS ONE*. 3(12):e3881. doi:10.1371/journal.pone.0003881.
- Collette BB, Carpenter KE, Polidoro BA, Boustany A, Die DJ, Elfes C, Fox W, Graves J, Nelson R *et al.* 2011. High Value and long life — double jeopardy for tunas and billfishes. *Science Journals*. 333:291–292. doi:10.1126/science.1208730.
- Collins RA, Wangenstein OS, O’Gorman EJ, Mariani S, Sims DW, Genner MJ. 2018. Persistence of environmental DNA in marine systems. *Communications Biology*. 1(1):1–11. doi:10.1038/s42003-018-0192-6.

- Deiner K, Altermatt F. 2014. Transport distance of invertebrate environmental dna in a natural river. *PLoS ONE*. 9(2):e88786. doi:10.1371/journal.pone.0088786.
- Deiner K, Bik HM, Elvira M, Seymour M, Creer S, Bista I, Pfrender ME, Bernatchez L, Altermatt F, Lodge DM, *et al.* 2017. Environmental DNA metabarcoding : transforming how we survey animal and plant communities. *Molecular Ecology*. 26:5872–5895. doi:10.1111/mec.14350.
- Dell'Anno A, danovaro R. 2005. Extracellular DNA plays a key role in deep-sea ecosystem functioning. *Science Journals*. 309:2179.
- Eschmeyer WN, Fricke R, Fong JD, Polack DA. 2010. Marine fish diversity: history of knowledge and discovery (Pices). *Zootaxa*. 2525:19–50. doi:10.11646/zootaxa.2525.1.2
- Galzin R, Planes S, Dufour V, Salvat B. 1994. Variation in diversity of coral reef fish between French Polynesian atolls. *Coral Reefs*. 13(3):175–180. doi:10.1007/BF00301196.
- Gilbey J, Carvalho G, Castilho R, Coscia I, Coulson MW, Dahle G, Derycke S, Francisco SM, Helyar SJ, Johansen T, *et al.* 2021. Life in a drop: Sampling environmental DNA for marine fishery management and ecosystem monitoring. *Marine Policy*. 104331:1-9. doi:10.1016/j.marpol.2020.104331.
- Gimmler A, Korn R, Vargas C De, Audic S, Stoeck T. 2016. The Tara Oceans voyage reveals global diversity and distribution patterns of marine planktonic ciliates. *Nature*. 6:33555. doi:10.1038/srep33555.
- Hadi S, Anggraini NP, Muttaqin E, Simeon BM, Subhan B, Madduppa H. 2019. Genetic diversity of the endangered species *Sphyrna lewini* (Griffith and Smith 1834) in Lombok based on mitochondrial DNA. *IOP Conf. Ser. Earth Environ. Sci.* 236(1):3–8.
- Hadi S, Andayani N, Muttaqin E, Simeon BM, Ichsan M, Subhan B, Madduppa H. 2020. Genetic connectivity of the scalloped hammerhead shark *Sphyrna lewini* across Indonesia and the Western Indian Ocean. *PLoS ONE*. 0230763:1–14. doi:10.1371/journal.pone.0230763.
- Hansen BK, Bekkevold D, Clausen LW, Nielsen EE. 2018. The sceptical optimist : challenges and perspectives for the application of environmental DNA in marine fisheries. *Fish and Fisheries*. 1–18. doi:10.1111/faf.12286.
- Hutchings, J. A. 2000. Collapse and recovery of marine fish. *Nature*. 406:882–885. doi: 10.1038/35022565
- Jackson JBC, Kirby MX, Berger WH, Bjorndal KA, Botsford LW, Bourque BJ, Bradbury RH, Cooke R, Erlandson J, Warner RR *et al.* 2001. Historical overfishing and the recent collapse of coastal ecosystems. *Science Journals*. 293(5530): 629–637. doi:10.1126/science.1059199.
- Jørgensen SE, Xu F-L, Salas F, Marques JC. 2005. Application of indicators for the assessment of ecosystem health. In: Jørgensen S E, Costanza R, Xu F L. (Edition 1). *Handbook of Ecological Indicators for Assessment of Ecosystem Health*. Florida: CRC Pr. Hal 27-28.
- Kelly RP, Port JA, Yamahara KM, Martone RG, Lowell N, Thomsen PF, Mach ME, Bennett M, Prahler E, Caldwell MR *et al.* 2014. Harnessing DNA to improve environmental management. *Science*, 344, 1455–1456. doi:10.1126/science.1251156.



- Laramie MB, Pilliod DS, Goldberg CS. 2015. Characterizing the distribution of an endangered salmonid using environmental DNA analysis. *Biological Conservation*. 183:29–37. doi:10.1016/j.biocon.2014.11.025.
- Leduc N, Lacoursière A, Kimberly R, Archambault P, Sevellec M, Normandeau E, Dispas A, Winkler G, Mckindsey CW, Simard N *et al.* 2019. Comparing eDNA metabarcoding and species collection for documenting Arctic metazoan biodiversity. *Environmental DNA*. 1:1–17. doi:10.1002/edn3.35.
- Leray M, Yang JY, Meyer CP, Mills SC, Agudelo N, Ranwez V, Boehm JT, 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. *Frontiers in Zoology*. 10(1):34. doi:10.1186/1742-9994-10-34.
- Leray M, Haenel Q, Bourlat SJ. 2016. Preparation of amplicon libraries for metabarcoding of marine eukaryotes using illumina miseq: the adapter ligation method. *Marine Genomics*. 1452(14):1-10. doi:10.1007/978-1-4939-3774-5.
- Leray M, Holbrook SJ, Alldredge AL, Schmitt RJ, Yang JY, Meyer CP, Knowlton N, Brooks AJ. 2019. Dietary partitioning promotes the coexistence of planktivorous species on coral reefs. *Molecular Ecology*. 28:2694–2710. doi:10.1111/mec.15090.
- Li J, Handley LJJ, Harper LR, Brys R, Watson HV, Di C, Xiang M, Bernd Z. 2019. Limited dispersion and quick degradation of environmental DNA in fish ponds inferred by metabarcoding. *Environmental DNA*. 1:238–250. doi:10.1002/edn3.24.
- Li Y, Evans NT, Renshaw MA, Jerde CL, Olds BP, Shogren AJ, Pfrender ME. 2018. Estimating fish alpha and beta diversity along a small stream with environmental DNA metabarcoding. *Metabarcoding and Metagenomics*. 2:e24262. doi:10.3897/mbmg.2.24262.
- Lodge DM, Turner CR, Jerde CL, Barnes MA, Chadderton L, Egan SP, Feder JL, Mahon AR, Pfrender ME. 2012. Conservation in a cup of water: estimating biodiversity and population abundance from environmental DNA. *Molecular Ecology*. 21: 2555–2558. doi:10.1111/j.1365-294X.2012.05600.x.
- Madduppa HH. 2014. Bioekologi dan Biosistemika Ikan Terumbu. Bogor (ID): IPB Pr.
- Madduppa H, Ayuningtyas RU, Subhan B, Arafat D, Prehadi. 2016. Exploited but unevaluated: DNA Barcoding reveals skates and stingrays (Chordata, Chondrichthyes) species landed in the Indonesian fish market. *IJMS*. 00(0): 000- 000. doi: 10.14710/ik.ijms.0.0.
- Magurran AE. 2004. Measuring Biological Diversity. Victoria (AU): Blackwell Publishing.
- McMurdie PJ, Holmes S. 2013. Phyloseq: an R package for reproducible interactive analysis and graphics of microbiome census data. *PLoS ONE*. 8:e61217. doi:10.1371/journal.pone.0061217.
- Meyer CP. 2003. Molecular systematics of cowries (Gastropoda: Cypraeidae) and diversification patterns in the tropics. *Biological Journal of the Linnean Society*. 79:401-459.

- Minamoto T, Yamanaka H, Takahara T, Honjo MN, Kawabata Z. 2012. Surveillance of fish species composition using environmental DNA. *Limnology*. 13(2):193–197. doi:10.1007/s10201-011-0362-4.
- Muniaha H, Andi IN, Ramadhani. 2016. Studi kelimpahan ikan karang berdasarkan kondisi terumbu karang di Desa Tanjung Tiram Kabupaten Konawe Selatan. *Jurnal Manajemen Sumber Daya Perairan*. 2(1): 9-19.
- Mustaruddin, Lalu RTS, Pandu S. 2013. Penurunan hasil tangkap ikan karang akibat kegiatan industri pariwisata di kawasan Gili Sulat dan Gili Lawang , Kabupaten Lombok Timur. *Jurnal Ilmu dan Teknologi Kelautan Tropis*. 2(2337):113–120.
- Nybakken JW. 1984. *Biologi Laut : Suatu Pendekatan Ekologis* (terjemahan). Jakarta (ID): Penerbit Gramedia.
- Oksanen J, Blanchet FG, Kindt R, Friendly M, Legendre P, McGlenn D, Minchin PR, O'Hara RB, Simpson GL, Stevens MH *et al.* 2019. The vegan package. *Community Ecology Package*. 10:631-637.
- Pauly D, Christensen V, Guénette S, Pitcher TJ, Sumaila UR, Walters CJ, Zeller D. 2002. Towards sustainability in world fisheries. *Nature*. 418(6898): 689–695. doi:10.1038/nature01017.
- Pesant S, Not F, Picheral M, Kandels-lewis S, Bescot NL, Gorsky G, Iudicone D, Karsenti E, Speich S, Dimier C *et al.* 2015. Open science resources for the discovery and analysis of Tara Oceans data. *Nature*. 2:150023. doi:10.1038/sdata.2015.23.
- Pierce SJ, Norman B. 2016. Rhincodon typus. The IUCN Red List of Threatened Species 2016. doi:10.2305/IUCN.UK.20161.RLTS.T19488A2365291.en.
- Ratnasingham S, Hebert PDN. 2007. BOLD: the barcode of life datasystem. *Molecular Ecology*. 7:355 – 364.
- Schratzberger M, Dinmore A, Jennings S. 2002. Impacts of trawling on the diversity , biomass and structure of meiofauna assemblages. *Marine Biology*. 1:83-93. doi:10.1007/s002270100688.
- Sentosa AA, Widarmanto N, Wiadnyana NN, Satria F. 2016. Perbedaan Hasil Tangkapan Hiu Dari Rawai Hanyut Dan Dasar Yang Berbasis Di Tanjung Luar, Lombok. *Jurnal Penelitian Perikanan Indonesia (JPPI)*. 22(2):105–114.
- Setiawan F, Muttaqin A, Tarigan SA, Sabil A, Pinkan J. 2017. Pemutihan karang akibat pemanasan global tahun 2016 terhadap ekosistem terumbu karang : studi kasus di Twp Gili Matra (Gili Air, Gili Meno Dan Gili Trawangan) Provinsi NTB. *Journal of Fisheries and Marine Science*. 1:39–54. doi:10.21776/ub.jfmr.2017.001.02.1.
- Shaw JLA, Clarke LJ, Wedderburn SD, Barnes TC, Weyrich LS, Cooper A. 2016. Comparison of environmental DNA metabarcoding and conventional fish survey methods in a river system. *Biological Conservation*. 197:131–138. doi:10.1016/j.biocon.2016.03.010.
- Simeon BM, Ichsan M, Muttaqin E, Agustina S, Prasetyo AP, Dharmadi, Yulianto I. 2019. Laporan Teknis: Profil Perikanan Wedgefish di Indonesia, Studi Kasus di Nusa Tenggara Barat dan Aceh. Bogor (ID): Wildlife Conservation Society - Indonesia Program.



- Syakur A, Wiadnyana NN. 2005. Biodiversitas Ikan Karang di Perairan Lombok-Sumbawa, Nusa Tenggara Barat. *Jurnal Penelitian Perikanan Indonesia (JPPI)*. 12(2):139–148.
- Taberlet P, Coissac E, Hajibabaei M, Rieseberg LH. 2012. Environmental DNA. *Molecular Ecology*. 21(8):1789–1793. doi:10.1111/j.1365-294X.2012.05542.x.
- Takahara T, Minamoto T, Doi H. 2013. Using environmental DNA to estimate the distribution of an invasive fish species in ponds. *PLoS ONE*. 8(2):e56584. doi:10.1371/journal.pone.0056584.
- Thomsen PF, Kielgast J, Iversen LL, Møller PR, Rasmussen M, Willerslev E. 2012. Detection of a diverse marine fish fauna using environmental DNA from seawater samples. *PLoS ONE*. 7(8):1–9. doi:10.1371/journal.pone.0041732.
- Thomsen PF, Willerslev E. 2015. Environmental DNA – An emerging tool in conservation for monitoring past and present biodiversity. *Biological Conservation*. 183:4–18. doi:10.1016/j.biocon.2014.11.019.
- Turner CR, Uy KL, Everhart RC. 2014. Fish environmental DNA is more concentrated in aquatic sediments than surface water. *Biological Conservation*. 183: 93–102. doi:10.1016/j.biocon.2014.11.017.
- Tringe SG, Rubin EM. 2005. Metagenomics: DNA sequencing of environmental samples. *Nature*. 6(11):805–814. doi:10.1038/nrg1709.
- Verma D, Satyanarayana T. 2011. An improved protocol for DNA extraction from alkaline soil and sediment samples for constructing metagenomic libraries. *Applied Biochemistry and Biotechnol*. 165:454–464. doi:10.1007/s12010-011-9264-5.
- Wickham H. 2009. ggplot2: Elegant graphics for data analysis. New York: Springer.
- Yamamoto S, Masuda R, Sato Y, Sado T, Araki H, Kondoh M, Minamoto T, Miya M. 2017. Environmental DNA metabarcoding reveals local fish communities in a species-rich coastal sea. *Scientific Reports*. 7:1–12. doi:10.1038/srep40368ny

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

LAMPIRAN

@Hak cipta milik IPBUniversity

IPBUniversity



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 mengummumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPBUniversity.

RIWAYAT HIDUP



Penulis lahir di Kabupaten Sumedang, Provinsi Jawa Barat pada tanggal 24 Desember 1993 dari Ayah Mohammed Nordin dan Ibu Dewi Santi. Penulis adalah putri pertama dari dua bersaudara.

Pada tahun 2011 penulis lulus dari SMA Negeri 4 Tanjungpinang dan pada tahun yang sama penulis melanjutkan pendidikan sarjana di Program Studi Ilmu Kelautan, Fakultas Ilmu Kelautan dan Perikanan, Universitas Maritim Raja Ali Haji (UMRAH). Penulis menyelesaikan pendidikan Sarjana Kelautan pada tahun 2015. Pada tahun 2017 penulis kemudian melanjutkan pendidikan magister di Program Studi Ilmu Kelautan, Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan, Institut Pertanian Bogor.

@Hak cipta milik IPBUniversity

IPBUniversity

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.