

**LAPORAN AKHIR**  
**PENELITIAN DASAR KOMPETITIF NASIONAL**



**DESAIN KONEKTIVITAS GENETIK IKAN KAKAP (LUTJANIDAE): IMPLIKASINYA  
TERHADAP PENGELOLAAN SUMBERDAYA IKAN KAKAP DI WILAYAH 3T  
(TERDEPAN, TERPENCIL, TERBELAKANG) PERAIRAN KEPALA BURUNG PAPUA**

**TIM PENELITI:**

1. Dr. Ir. Ridwan Sala, M.Si (0024036705)
2. Aradea Bujana Kusuma, M.Si (0030128707)
3. Bayu Pranata, M.P (0005069302)

**LEMBAGA PENELITIAN DAN PENGABDIAN KEPADA MASYARAKAT**  
**UNIVERSITAS PAPUA**  
**2022**

Dibiayai oleh:  
Direktorat Riset, Teknologi dan Pengabdian Kepada Masyarakat  
Direktorat Jenderal Pendidikan Tinggi, Riset dan Teknologi  
Kementerian Pendidikan, Kebudayaan, Riset, dan Teknologi  
Sesuai dengan Kontrak Penelitian  
Nomor: 235/E5/PG.02.00.PT/2022

## HALAMAN PENGESAHAN

1. Judul Kegiatan : Desain Konektivitas Genetik Ikan Kakap (Lutjanidae): Implikasinya Terhadap Pengelolaan Sumberdaya Ikan Kakap di Wilayah 3t (Terdepan, Terpencil, Terbelakang) Perairan Kepala Burung Papua
2. Ketua Peneliti
  - a. Nama : Dr. Ir. Ridwan Sala, M.Si
  - b. NIDN : 0024036705
  - c. Jabatan Fungsional : Lektor Kepala
  - d. Fakultas : Perikanan dan Ilmu Kelautan
  - e. E-mail : ridwansala@gmail.com
3. Anggota (1)
  - a. Nama : Aradea Bujana Kusuma, M.Si
  - b. NIDN : 0030128707
  - c. Jabatan Fungsional : Asisten AhliAnggota (2)
  - a. Nama : Bayu Pranata, M.P
  - b. NIDN : 0005069302
  - c. Jabatan Fungsional : Asisten Ahli
4. Jumlah Mahasiswa yang terlibat : 3 orang
5. Jangka Waktu Penelitian : Tahun ke 1 dari rencana 3 tahun
6. Dana yang disetujui : 145.000.000,-

Manokwari, 20 Desember 2022

Mengetahui:

Dekan Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan



Ketua Peneliti,

Dr. Ir. Ridwan Sala, M.Si  
NIP 196703241991031001



## RINGKASAN

Pemerintah Indonesia melalui the Indonesian Minister of Marine Affairs Decree No. 19/2022 telah menetapkan bahwa status ikan karang di fisheries management area (FMA), misalnya FMA 717 yang mencakup wilayah utara Papua Barat berada pada kondisi over-exploited dengan tingkat pemanfaatan di atas satu. Hal tersebut dapat berdampak pada hilangnya konektivitas genetik antar stok populasi serta menurunnya variasi genetik spesies didalam populasi. Menurunnya variasi genetik dapat berdampak pada kecacatan pada suatu spesies sehingga dapat menyebabkan kepunahan secara perlahan spesies tersebut.

Saat ini pengelolaan sumberdaya Ikan Kakap di Perairan Kepala Burung Papua belum ditetapkan. Padahal, pengelolaan kawasan perikanan yang tepat, bukan hanya akan membantu melestarikan keanekaragaman hayati laut saja, akan tetapi juga dapat membantu nelayan di daerah 3 T (terdepan, terpencil, terbelakang) yang masih membutuhkan bantuan pemerintah.

Pengelolaan kawasan perikanan dapat ditentukan berdasarkan hubungan genetik antar populasi. Konektivitas genetik yang kuat menunjukkan adanya hubungan yang erat antar populasi melalui pasokan migrasi larvanya. Hal tersebut menunjukkan bahwa setiap kawasan tidak dapat berdiri sendiri dalam proses pengelolannya. Beberapa negara telah mengaplikasikan hasil penelitian konektivitas genetik bagi pengelolaan sumberdaya perikanan yang dieksploitasi secara komersial. Sedangkan saat ini, Indonesia belum mengaplikasikan konektivitas genetik sebagai acuan dalam proses manajemen pengelolaan perikananannya.

Oleh karena itu penelitian tentang konektivitas genetik Ikan Kakap pada wilayah Perairan Kepala Burung Papua perlu diteliti sebagai contoh dalam pengembangan pengelolaan kawasan perikanan di Indonesia. Hasil dari penelitian yang akan dilakukan yaitu informasi tentang biodiversitas spesies dan desain peta konektivitas genetik yang dapat menjadi acuan berbasis keilmuan sebagai informasi dasar pengelolaan perikanan tangkap di Perairan Kepala Burung Papua.

Tujuan khusus penelitian ini yaitu menganalisis biodiversitas spesies Ikan Kakap secara morfologi dan genetik serta mendesain peta konektivitas genetik antar populasi Ikan Kakap di Perairan Kepala Burung Papua. Tujuan dan luaran penelitian pertahun yaitu sebagai berikut: Tujuan penelitian Tahun 1: "Menganalisis biodiversitas spesies ikan Kakap Merah menggunakan pendekatan morfologi dan genetik di Perairan Kabupaten Manokwari, Biak-Numfor, Wondama, Nabire, Yapen dan Jayapura" LUARAN WAJIB: Publikasi artikel pada *Egyptian Journal of Aquatic Biology & Fisheries*-Scopus Q3. LUARAN TAMBAHAN: publikasi artikel pada *Biodiversitas Journal of Biological Diversity*-Scopus Q3. Tujuan penelitian Tahun 2: "Menganalisis biodiversitas spesies ikan Kakap Merah menggunakan pendekatan morfologi dan genetik di Perairan Kabupaten Sorong, Sorong Selatan, Raja Ampat dan Teluk Bintuni" LUARAN WAJIB: publikasi artikel pada jurnal *Asian Fisheries Science* (AFS)-Scopus Q3. LUARAN TAMBAHAN: publikasi artikel pada jurnal *AACL BIOFLUX*-Scopus Q3. Tujuan penelitian Tahun 3: "Menganalisis biodiversitas spesies ikan Kakap Merah menggunakan pendekatan morfologi dan genetik di Perairan Kabupaten Fak-Fak, Kaimana dan Merauke, data genetik dari Tahun 1 sampai Tahun ke 3 akan dikompilasi dan dianalisis untuk mendapatkan informasi tentang biodiversitas spesies dan konektivitas genetik antar populasi ikan Kakap Merah di Perairan Papua secara keseluruhan" LUARAN WAJIB: publikasi artikel pada jurnal *Asian Fisheries Science* (AFS)-Scopus Q3. LUARAN TAMBAHAN: publikasi pada *Turkish Journal of Aquatic Sciences*-Scopus Q3 dan prosiding Seminar Internasional.

Hasil penelitian tahun ke 1 sampai tahun ke 3 akan dikompilasi untuk analisis konektifitas genetik ikan Kakap Merah, hasil analisis tersebut akan dibuat buku cetak yang berjudul “Konektifitas Genetik Ikan Kakap di Perairan Kepala Burung Papua” dan paten sederhana peta konektifitas genetik Ikan Kakap. Tingkat kesiapan teknologi yang dicapai pada tahun 2024 adalah TKT 3.

## KATA PENGANTAR

Stok ikan di perairan laut Papua merupakan sumber daya penting bagi perekonomian nasional dan masyarakat pesisir yang mengandalkan pemanfaatan sumber perikanan sebagai mata pencahariannya. Sumber daya perikanan merupakan aset bagi kemakmuran rakyat. Kontribusi perikanan terhadap perekonomian akan optimal bila stok ikan dalam kondisi sehat. Untuk mengoptimalkan kontribusi sumber daya perikanan terhadap perekonomian masyarakat, diperlukan pengelolaan sumber daya perikanan. Diperlukan strategi pengelolaan yang tepat untuk mempertahankan stok sumberdaya ikan dan mengoptimalkan manfaat ekonomi dari pemanfaatan sumber daya perikanan ini, sebagaimana diamanatkan oleh Undang-Undang Perikanan No. 31 tahun 2004.

Identifikasi stok pada seluruh unit pengelolaan sangat penting dilakukan untuk memastikan bahwa tujuan pengelolaan perikanan dapat dicapai secara efektif. Oleh karena itu, penting untuk menggambarkan batas stok. Stok tersebut secara biologis adalah unit pembiakan alami atau populasi yang sebagian besar terisolasi secara reproduktif dari populasi intraspesifik lainnya. Individu ikan dalam stoknya dapat menunjukkan karakteristik fenotipe tertentu, yang dipengaruhi oleh lingkungannya. Meskipun karakteristik genetiknya sama, penampilan morfologis suatu individu dapat berbeda ketika hidup dalam kondisi lingkungan unik yang berbeda.

Untuk mendukung upaya pengelolaan perikanan tangkap Kakap Merah (*Lutjanidae*), maka perlu dilakukan identifikasi unit stok di Perairan Papua. Kakap Merah merupakan kelompok spesies ikan karang yang menjadi target tangkapan utama nelayan di Perairan Papua. Identifikasi unit stok seluruh famili *Lutjanidae* tersebut, dilakukan dengan melakukan studi genetik dan morfometrik. Studi dilaksanakan selama 3 Tahun dan saat ini penelitian Tahun 1 telah selesai dilakukan.

Laporan ini menyajikan hasil kajian genetik dan morfometrik untuk mendelineasi batas stok sebagai masukan untuk pengelolaan perikanan yang efektif. Penelitian ini juga diharapkan dapat mengisi kekurangan informasi tentang Ikan Kakap Merah di Perairan Papua. Studi ini, yang menggabungkan informasi tentang karakter genetik dan morfometrik stok, menyediakan model untuk memahami struktur populasi yang dibutuhkan oleh pengelola perikanan untuk menentukan kesatuan stok untuk perikanan yang dikelola dengan baik. Terakhir, kami ingin menyampaikan penghargaan dan terima kasih yang setinggi-tingginya kepada Direktorat Riset, Teknologi dan Pengabdian Kepada Masyarakat Direktorat Jenderal Pendidikan Tinggi, Riset dan Teknologi Kementerian Pendidikan, Kebudayaan, Riset, dan Teknologi, yang telah mendukung dan membiayai penelitian ini dengan Kontrak Penelitian Nomor: 235/E5/PG.02.00.PT/2022.

Penulis

Dr. Ir. Ridwan Sala, M.Si

## DAFTAR ISI

<b>Lembar Pengesahan</b> .....	i
<b>Ringkasan</b> .....	ii
<b>Kata Pengantar</b> .....	iii
<b>Daftar Isi</b> .....	iv
<b>Daftar Tabel</b> .....	v
<b>Daftar Gambar</b> .....	vi
<b>Daftar Lampiran</b> .....	vii
<b>I. PENDAHULUAN</b> .....	1
1.1. Latar Belakang .....	1
1.2. Perumusan Masalah .....	1
1.3. Tujuan dan Manfaat .....	2
<b>II. TINJAUAN PUSTAKA</b> .....	3
2.1. Klasifikasi, Ekologi dan Reproduksi Ikan Kakap (Lutjanidae) .....	3
2.2. Kawasan Konservasi di Perairan Kepala Burung Papua .....	3
2.3. Peran Penelitian Genetik Bagi Pengelolaan Perikanan .....	4
2.4. Penanda Molekuler <i>Gen Cytochrome Oxidase c subunit I (COI)</i> .....	4
2.5. Road Map Penelitian .....	4
<b>III. METODE PENELITIAN</b> .....	5
3.1. Waktu dan Lokasi .....	5
3.2. Prosedur Penelitian .....	5
3.3. Analisis Data .....	6
<b>IV. HASIL DAN PEMBAHASAN</b> .....	7
4.1. Biodiversitas Famili Lutjanidae .....	7
4.2. Karakter Karakteristik Morfologi Famili Lutjanidae .....	9
4.3. Karakteristik Molekuler Family Lutjanidae .....	14
4.4. Jarak Genetik dalam Spesies antar Lokasi Penelitian .....	14
4.5. Hubungan Evolusi Family Lutjanidae dan Pengelolaannya .....	16
4.6. Konektifitas Genetik Family Lutjanidae di Perairan Papua .....	19
4.7. Studi Kasus Hubungan Morfologi dan Genetik .....	19
4.8. Capaian Luaran .....	24
<b>V. RENCANA TAHAP SELANJUTNYA</b> .....	30
<b>VI. KESIMPULAN DAN SARAN</b> .....	26
6.1. Kesimpulan .....	26
6.2. Saran .....	26

## DAFTAR PUSTAKA

## DAFTAR TABEL

<b>Tabel 1.</b> Hasil Identifikasi dengan Metode BLAST .....	7
<b>Tabel 2.</b> Hasil Identifikasi dengan Metode BLAST .....	8
<b>Tabel 3.</b> Hasil Identifikasi dengan Metode BLAST .....	8
<b>Tabel 4.</b> Hasil Identifikasi dengan Metode BLAST .....	8
<b>Tabel 5.</b> Hasil Identifikasi dengan Metode BLAST .....	9
<b>Tabel 6.</b> Hasil Identifikasi dengan Metode BLAST .....	9
<b>Tabel 7.</b> Komposisi Ukuran (Perbandingan hasil penelitian dengan referensi) .....	12
<b>Tabel 8.</b> Jarak Genetik spesies <i>L. timoriensis</i> antar Lokasi Penelitian .....	14
<b>Tabel 9.</b> Jarak Genetik spesies <i>L. rufolineatus</i> antar Lokasi Penelitian .....	15
<b>Tabel 10.</b> Jarak Genetik spesies <i>L. vitta</i> antar Lokasi Penelitian .....	15
<b>Tabel 11.</b> Jarak Genetik spesies <i>L. multidentis</i> antar Lokasi Penelitian .....	15
<b>Tabel 12.</b> Jarak Genetik spesies <i>A. rutilans</i> antar Lokasi Penelitian .....	15
<b>Tabel 13.</b> Jarak Genetik spesies <i>P. lewisi</i> antar Lokasi Penelitian .....	15
<b>Tabel 14.</b> Jarak Genetik spesies <i>L. bohar</i> antar Lokasi Penelitian .....	15
<b>Tabel 15.</b> Jarak Genetik spesies <i>L. erythropterus</i> antar Lokasi Penelitian .....	15
<b>Tabel 16.</b> Jarak Genetik spesies <i>L. monostigma</i> antar Lokasi Penelitian .....	16
<b>Tabel 17.</b> Jarak Genetik spesies <i>L. semicinctus</i> antar Lokasi Penelitian .....	16
<b>Tabel 18.</b> Jarak Genetik spesies <i>L. ehrenbergii</i> antar Lokasi Penelitian .....	16
<b>Tabel 19.</b> Jarak Genetik spesies <i>L. fulvus</i> antar Lokasi Penelitian .....	16
<b>Tabel 20.</b> Korelasi Karakter Morfometrik Spesies <i>L. gibbus</i> antar Lokasi Penelitian .....	19
<b>Tabel 21.</b> Karakter meristik spesies <i>L. gibbus</i> .....	22
<b>Tabel 22.</b> Jarak Genetik <i>L. gibbus</i> .....	22

## DAFTAR GAMBAR

<b>Gambar 1.</b> <i>Lutjanus papuensis</i> .....	3
<b>Gambar 2.</b> Road Map Kegiatan Penelitian .....	4
<b>Gambar 3.</b> Peta Lokasi Penelitian .....	5
<b>Gambar 4.</b> Diagram Analisis Molekuler .....	6
<b>Gambar 5.</b> Biodiversitas Spesies Ikan Kakap Merah (Lutjanidae) .....	13
<b>Gambar 6.</b> Hasil Elektroforesis Sekuen DNA .....	14
<b>Gambar 7.</b> Hubungan Evolusi Family Lutjanidae .....	18
<b>Gambar 8.</b> Rekonstruksi Dendogram .....	20



## DAFTAR LAMPIRAN

<b>Lampiran 1.</b> Dokumentasi Penelitian .....	32
<b>Lampiran 2.</b> Luaran Luaran Penelitian .....	35

## I. PENDAHULUAN

### 1.1. Latar Belakang

Perairan Papua merupakan salah satu wilayah potensi penghasil sumberdaya Ikan Kakap. Berdasarkan Peraturan Menteri Kelautan dan Perikanan Republik Indonesia Nomor 18/PERMEN-KP/2014, perairan Papua termasuk dalam Wilayah Pengelolaan Perikanan Negara Republik Indonesia (WPPNRI), yaitu WPPNRI 715, 717 dan 718.

Ikan Kakap merupakan target utama tangkapan nelayan di Papua. Berdasarkan Keputusan Menteri Kelautan dan Perikanan RI Nomor 50/KEPMEN-KP/2017, status tingkat eksploitasi sumberdaya Ikan Karang, salah satunya Ikan Kakap di WPPNRI 715, 717 dan 718 yaitu fully-exploited dan over-exploited. Pemanfaatan sumberdaya ikan Kakap di Perairan Kepala Burung Papua telah masuk pada kategori over-fishing.

Salah satu dampak dari penangkapan ikan yang berlebihan yaitu hilangnya konektifitas genetik antar populasi dan menurunnya variasi materi genetik. Konektifitas genetik antar populasi terjadi melalui pasokan stok dalam bentuk larva planktonik dan migrasi. Tingkat variasi genetik yang rendah berdampak pada penurunan kemampuan adaptasi terhadap perubahan lingkungan, reproduksi, pertumbuhan dan perkembangan, serta daya tahan terhadap penyakit (1).

Penelitian tentang konektifitas genetik terutama bagi spesies yang dieksploitasi secara komersial, sangat penting untuk pengelolaan sumberdaya tersebut. Pengelolaan dapat dilakukan pada skala lokal, regional atau global. Pengelolaan perikanan tangkap dapat ditentukan berdasarkan tingkat konektifitas genetik antar populasi. Uni Eropa (U.E) telah mengaplikasikan hasil penelitian konektifitas genetik bagi pengelolaan sumberdaya perikanan yang dieksploitasi secara komersial (2,3,4). Saat ini, pengelolaan sumberdaya Ikan Kakap di Perairan Kepala Burung Papua belum berdasarkan pada informasi konektifitas genetik antar stok populasi. Disisi lain, tingkat eksploitasi sumberdaya Ikan Kakap sudah masuk pada tahap over fishing.

Pada tahun sebelumnya, kegiatan penelitian tentang identifikasi genetik dan morfometrik Ikan Kakap spesies *Lutjanus malabaricus* di Perairan Sorong, Raja Ampat, Biak dan Nabire Papua Kata kunci maksimal 5 kata Latar belakang penelitian tidak lebih dari 500 kata yang berisi latar belakang dan permasalahan yang akan diteliti, tujuan khusus dan studi kelayakannya. Pada bagian ini perlu dijelaskan uraian tentang spesifikasi keterkaitan skema dengan bidang fokus atau restra penelitian PT. telah dilakukan (5). Penelitian lain juga tentang struktur genetik populasi Ikan Kakap (*Lutjanus malabaricus* dan *Lutjanus erythropterus*) di Indonesia bagian tengah dan timur serta Australia bagian utara telah dilakukan (6). Selain itu, penelitian lainnya mengidentifikasi spesies baru Ikan Kakap di Teluk Cendrawasih Papua berdasarkan data genetik dan morfologi (7). Berdasarkan pada fakta bahwa penelitian sebelumnya lebih fokus untuk mengidentifikasi karakteristik genetik dan morfologi pada spesies tertentu dan cakupan lokasi kajian yang terbatas, maka kajian terbaru tentang konektifitas genetik Ikan Kakap pada wilayah Perairan Kepala Burung Papua yang lebih luas perlu diteliti.

### 1.2. Perumusan Masalah

Banyaknya permintaan Ikan Kakap menimbulkan tingginya eksploitasi yang berlebih. Selain itu adanya aktivitas manusia yang tidak ramah lingkungan menyebabkan banyaknya pencemaran dan juga mengakibatkan perubahan lingkungan sehingga dapat mempengaruhi keragaman, konektivitas genetik Ikan Kakap. Penerapan perlindungan sumberdaya genetik mendesak untuk dilakukan karena semakin banyaknya pencurian sumberdaya genetik Indonesia oleh pihak asing. Daerah 3T merupakan daerah yang rentan terhadap kerusakan dikarenakan pencurian yang disebabkan oleh minimnya pengawasan. Oleh karena itu, penelitian ini mempunyai prospek yang sangat besar dalam mendukung program pemerintah untuk melindungi kekayaan genetik Indonesia

dari pencurian. Penelitian ini diharapkan dapat digunakan sebagai acuan untuk pengelolaan dan pemanfaatan sumberdaya yang terkandung di daerah 3T di Indonesia, sehingga mempermudah dalam proses membangun perekonomian kawasan pesisirnya.

### **1.3. Tujuan dan Manfaat**

Tujuan khusus dari penelitian ini adalah untuk menganalisis tingkat biodiversitas spesies Ikan Kakap secara genetik dan mendesain peta konektivitas genetik antar populasi Ikan Kakap di Perairan Kepala Burung Papua. Tujuan Penelitian secara spesifik yaitu pada Tahun 1 menganalisis genetik Ikan Kakap di Perairan Jayapura, Biak-Serui, Nabire, Wondama, Manokwari. Tahun 2 menganalisis genetik Ikan Kakap di Perairan Sorong, Sorong Selatan, Raja Ampat dan Teluk Bintuni. Tahun 3 menganalisis genetik Ikan Kakap di Perairan FakFak, Kaimana dan Merauke. Tujuan tersebut telah sesuai dengan RENSTRA Universitas Papua terkait dengan pengelolaan ekosistem dan keanekaragaman hayati Papua. Penelitian ini penting untuk dilakukan mengingat belum adanya informasi tentang sebaran, jumlah spesies dan hubungan antar stok Ikan Kakap di Perairan Kepala Burung Papua. Bidang fokus penelitian ini yaitu kemaritiman, tema penelitian yaitu teknologi kedaulatan daerah 3T (terdepan, terpendek, terbelakang). Adapun topik riset yaitu eksplorasi dan pemanfaatan sumber daya pesisir dan laut.

## II. TINJAUAN PUSTAKA

### 2.1. Klasifikasi, Ekologi dan Reproduksi Ikan Kakap (*Lutjanidae*)

Ikan kakap merah merupakan ikan demersal yang umumnya ditemukan hidup pada ekosistem terumbu karang. Jenis ikan dalam genus *Lutjanus* berjumlah 72 jenis yang menyebar di perairan seluruh dunia (8). Di Indonesia terdapat sekitar 30 jenis ikan kakap merah (9). Adapun klasifikasi Ikan Kakap merah sebagai berikut: Filum: Chordata, Sub filum: Tinjauan pustaka tidak lebih dari 1000 kata dengan mengemukakan state of the art dalam bidang yang diteliti/teknologi yang dikembangkan. Penyajian dalam bagan dapat dibuat dalam bentuk JPG/PNG yang kemudian disisipkan dalam isian ini. Sumber pustaka/referensi primer yang relevan dan dengan mengutamakan hasil penelitian pada jurnal ilmiah dan/atau paten yang terkini. Disarankan penggunaan sumber pustaka 10 tahun terakhir. Vertebrata, Kelas : Pisces, Sub kelas : Teleostei, Ordo : Percomorphi, Sub ordo: Perciodea, Famili : *Lutjanidae*, Sub famili : *Lutjanidae*, Genus : *Lutjanus*, Spesies : *Lutjanus* sp. Penyebarannya tersebar di perairan subtropis dan tropis di Indo-Pasifik Barat, dari Australia hingga Jepang bagian selatan dan Korea (10). Terdapat 30 jenis ikan Kakap (*Lutjanidae*) ditemukan di perairan Indonesia (9). Ikan Kakap memiliki jenis kelamin yang terpisah dan diferensiasi seksual tetap konstan sepanjang rentang hidup mereka (11). Ikan Kakap merupakan ikan karnivora yang makanan utamanya terdiri dari ikan kecil, krustasea, moluska, dan urochordata pelagis (11).



Gambar 1. *Lutjanus papuensis* (7)

### 2.2. Kawasan Konservasi di Perairan Kepala Burung Papua

Perairan Kepala Burung Papua memiliki biodiversitas sumberdaya perikanan yang tinggi. Wilayah Kepala Burung Papua saat ini memiliki kurang lebih 4,3 juta hektare kawasan konservasi Perairan Pesisir dan Pulau-pulau Kecil atau menyumbang sekitar 18,9% dari luas capaian nasional. Beberapa kawasan konservasi yang ada di wilayah Kepala Burung Papua yaitu a. Taman Nasional Laut Teluk Cendrawasih (TNTC), b. Kawasan Konservasi Kabupaten Raja Ampat, c. Kawasan Konservasi Perairan Nasional Padaido, d. Kawasan Konservasi Perairan Nasional Waigeo Sebelah Barat, e. Kawasan Konservasi Perairan Nasional Raja Ampat, f. Kawasan Konservasi Kabupaten Kaimana, g. Suaka Margasatwa Laut Jamursba Medi, h. Kawasan Konservasi Kabupaten Tambrau (Abun), i. Kawasan Konservasi Kabupaten Biak Numfor (12). Pada tahun 2019 Menteri Kelautan dan Perikanan menetapkan 2 lokasi kawasan konservasi yaitu KKPD Kaimana berdasarkan KepmenKP no 25 tahun 2019 dan KKPD Teluk Berau dan Teluk Nusalasi Fakfak berdasarkan KepmenKP no 79 tahun 2020. Selain itu, pemerintah Provinsi Papua Barat membentuk Unit Pelaksana Teknis Daerah (UPTD) pengelola kawasan konservasi berdasarkan Pergub no 19 tahun 2019 yang akan mengelola kawasan konservasi kaimana, teluk berau dan teluk nusalasi. UPTD ini merupakan UPTD ke tiga setelah UPTD KKP Raja Ampat dan UPTD TP Jeen Womom Tambrau.

### 2.3. Peran Penelitian Genetik Bagi Pengelolaan Perikanan

Perkembangan ilmu genetika telah memunculkan serangkaian teknik genetika yang beragam dan serbaguna yang memiliki potensi untuk memberikan nilai tambah yang signifikan bagi penilaian perikanan (13). Kajian genetika menawarkan beragam analisis yang berguna untuk masalah perikanan yang berkaitan dengan biologi (14). Beberapa penelitian genetika yang memberikan kontribusi besar terhadap pengelolaan sumberdaya perikanan di Uni Eropa (E.U) terutama yang berkaitan dengan identifikasi spesies, konektivitas genetik antara stok populasi yang dieksploitasi secara komersial (2-4), stok perikanan campuran (14), memperkirakan tingkat panen dan kelimpahan (14,15). Teknik genetika dapat memberikan informasi tentang keragaman genetik, kelimpahan dan ketahanan populasi, respons evolusioner terhadap penangkapan ikan, DNA sebagai biomarker umur, pemantauan ekosistem, efek genetik peningkatan stok, deteksi patogen dan invasif spesies dan asal produk dan pengawasan perikanan (13).

### 2.4. Penanda Molekuler Gen Cytochrome Oxidase c subunit I (COI)

Penelitian genetika menggunakan penanda molekuler gen COI telah dilakukan oleh peneliti-peneliti sebelumnya. Gen COI merupakan wilayah protein coding dari genom mitokondria. Secara global gen COI terpilih sebagai alat standar untuk taksonomi molekuler dan identifikasi. Gen COI telah digunakan oleh beberapa peneliti yang mengkaji tentang identifikasi genetika (7), struktur dan konektivitas genetik (16), dan filogenetika Ikan Kakap (17).

### 2.5. Road Map Penelitian

Kajian tentang genetika sumberdaya perikanan di Perairan Kepala Burung Papua telah penulis lakukan sejak Tahun 2018. Kajian genetika telah dilakukan pada sumberdaya perikanan yang mempunyai nilai ekonomis dan peranan penting dalam ekologi seperti Ikan Kerapu dan Lobster. Hasil penelitian dari Tahun 2018-2021 telah dipublikasikan pada Jurnal AACL Bioflux (terindeks scopus Q3), Jurnal Fisheries and Aquatic Science (terindeks scopus Q4), Jurnal Internasional BIOTIKA dan Jurnal Enggano (terindeks SINTA 3). Selanjutnya kegiatan penelitian tentang konektivitas genetik sumberdaya perikanan Kakap akan dilaksanakan dalam 3 tahun ke depan (2022-2024) (Gambar 2). Hasil utama penelitian ini yaitu biodiversitas spesies dan desain peta konektivitas genetik antar stok sumberdaya Ikan Kakap. Hasil tersebut dapat menjadi basis data untuk pengelolaan sumberdaya perikanan Kakap di Perairan Kepala Burung Papua.

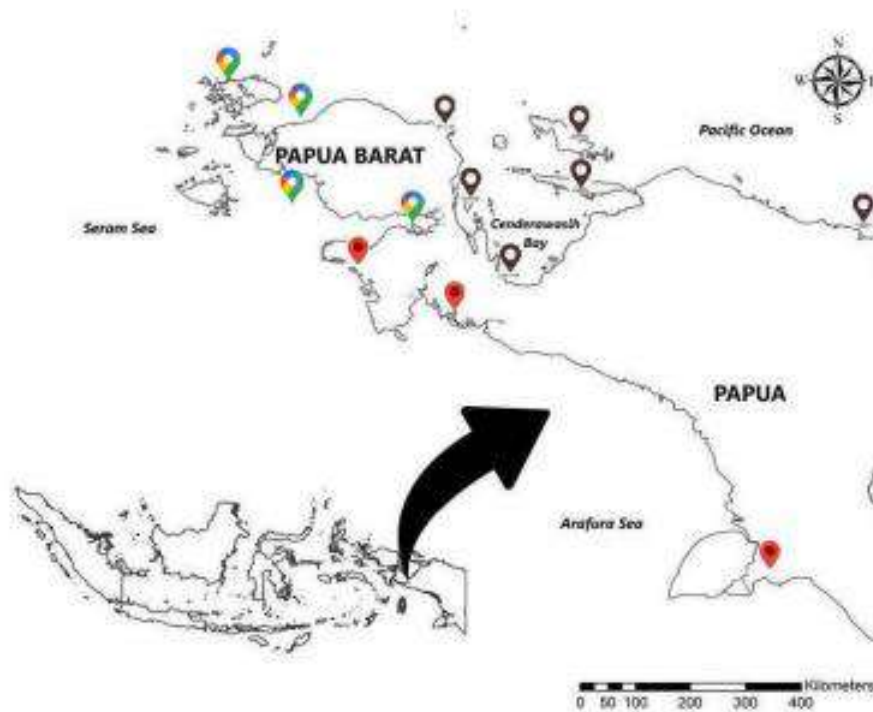


Gambar 2. Road Map Kegiatan Penelitian yang Telah Dilaksanakan Sejak Tahun 2018-2021 dan Rencana Kegiatan Tahun 2022-2024

### III. METODE PENELITIAN

#### 3.1. Waktu dan Lokasi

Penelitian akan dilaksanakan mulai Tahun 2022 sampai 2024. Lokasi penelitian yaitu di perairan Kepala Burung Papua Provinsi Papua dan Papua Barat (Gambar 3). Analisis molekuler akan dilakukan di Laboratorium Molekuler Universitas Papua, Manokwari.



Gambar 4. Peta Lokasi Penelitian di Kepala Burung Papua  
(Tahun 1; Tahun 2; Tahun 3)

#### 3.2. Prosedur Penelitian

##### a. Teknik Pengambilan Sampel

Pengambilan sampel secara purposive random sampling Ikan Kakap akan dikumpulkan dari Tempat Pendaratan Ikan (TPI), Pasar Ikan dan lokasi penangkapan. Identifikasi awal secara morfologi mengacu pada buku identifikasi Moore dan Colas (18) dan White et al. (19). Analisis tingkat biodiversitas spesies dilakukan pada semua spesies yang ditemukan pada lokasi penelitian. Sedangkan analisis konektifitas genetik dilakukan pada spesies yang dominan dan ditemukan minimal pada 2 lokasi penelitian yang berbeda. Pengambilan jaringan sirip dorsal Ikan Kakap sepanjang 0.5 cm, jaringan tersebut dimasukkan dalam tube yang telah diisi ethanol 80% (20).

##### b. Teknik Molekuler

###### *Ekstraksi dan Isolasi DNA*

Isolasi DNA dilakukan dengan cara mencuci jaringan Ikan Kakap dengan akuades kemudian dipindahkan sebanyak 25 mg jaringan ke dalam tabung mikrosentrifus 1,5 ml. Tambahkan 200  $\mu$ l GST Buffer dan 20  $\mu$ l Proteinase K kemudian vortex hingga rata. Inkubasi pada suhu 60°C semalaman atau sampai sampel menjadi jernih. Ekstraksi DNA mengikuti instruksi dari Genomic DNA Mini Kit untuk jaringan, produk dari GENE AID (5).

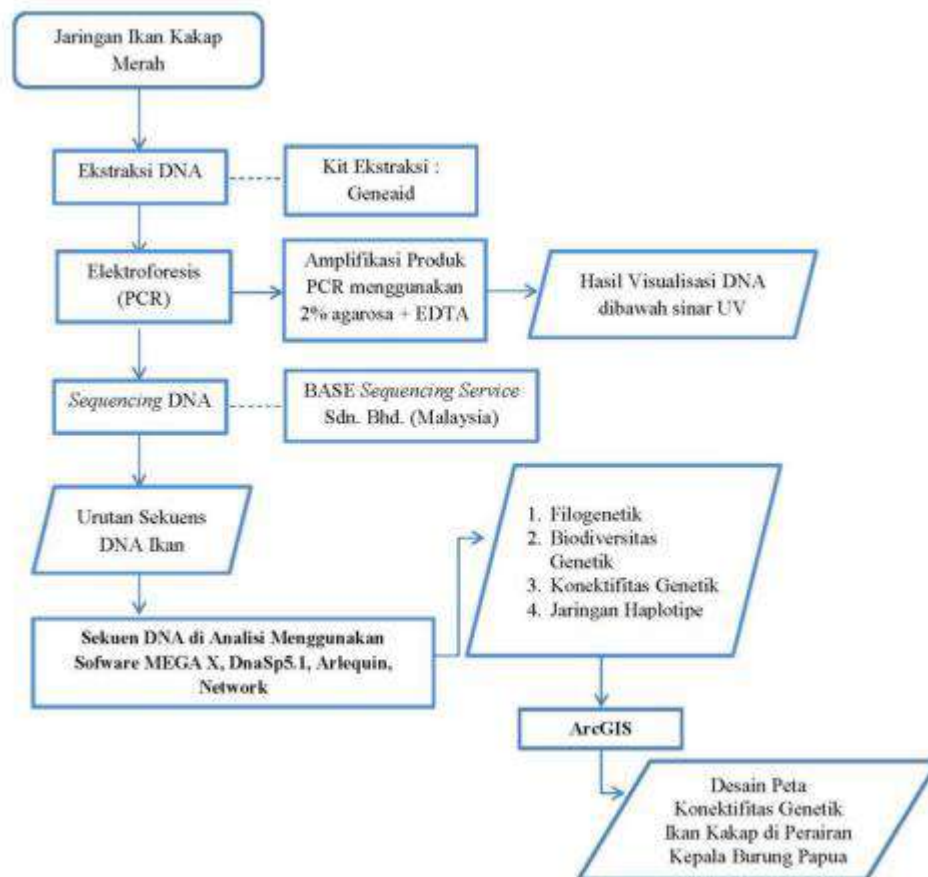
###### *Amplifikasi, Visualisasi dan Sekunseing DNA*

Amplifikasi pada gen cytochrome oxidase subunit I (COI) menggunakan satu set primer COI yang dikembangkan oleh Ward et al. (21) : F1 5'-TCA ACC AAC CAC AAA GAC ATT GGC

AC-3' dan R1 5'-TAG ACT TCT GGG TGG CCA AAG AAT CA-3'. Amplifikasi menggunakan protocol PCR Kit yang akan digunakan. Pengaturan siklus termal adalah 95°C selama 2 menit denaturasi awal, diikuti oleh 35 siklus (94°C selama 45 detik, 56°C selama 45 detik dan 1 menit pada 72°C) dan inkubasi akhir pada (72°C) selama 10 menit. Hasil amplifikasi di elektroforesis untuk memvisualisasikan keberadaan DNA pada produk PCR. Hasil PCR yang dimurnikan kemudian dikirim ke 1st BASE Sequencing Service Sdn. Bhd. (Malaysia) untuk tujuan pengurutan.

### 3.4. Analisis Data

Semua urutan diedit dengan menggabungkan urutan forward dan reversedan menggunakan MEGA versi X (22). Urutan yang diperoleh diidentifikasi di Pusat Informasi Bioteknologi Nasional (NCBI) menggunakan alat pencarian BLASTn. Analisis keragaman nukleotida ( $\pi$ ), haplotype (h), DNA polimorfik, menggunakan DnaSP 5.1 (23). Analisis filogenetik dan jarak genetik dengan metode Maximum Likelihood Trees (24), model Kimura-2 parameter dan nilai bootstrap 1000× dengan menggunakan sofeware MEGA X. Analisis konektifitas genetik menggunakan software Arlequin dan Network. Data biodiversitas spesies dan konektifitas genetik Ikan Kakap di overlay kedalam peta Papua menggunakan aplikasi ArcGIS.



Gambar 4. Diagram Analisis Molekuler

## IV. HASIL DAN PEMBAHASAN

### 4.1. Biodiversitas Famili Lutjanidae

Ikan Kakap Merah merupakan kelompok ikan demersal yang termasuk dalam famili Lutjanidae, dan genus *Lutjanus*. Ikan Kakap Merah umumnya ditemukan hidup pada ekosistem terumbu karang dan tersebar di Pasifik Timur dan Indo-Barat, Atlantik Timur dan Barat (25). Terdapat 43 spesies ikan Kakap (Lutjanidae) di kawasan (7). Ekosistem terumbu karang merupakan ekosistem yang paling dominan ditemukan di Perairan Utara Papua. Sehingga beberapa kawasan di Perairan Utara Papua terdapat kawasan Taman Nasional Teluk Cenderawasih dan Taman Wisata Perairan (TWP) Kepulauan Padaido. Ikan-ikan yang tertangkap di perairan tersebut didominasi oleh ikan terumbu karang seperti Kakap Merah dan Kerapu.

Ikan kakap dan beberapa jenis ikan karang lainnya seperti kerapu termasuk ikan ekonomis penting dan hal ini memicu terjadinya eksploitasi secara intensif terhadap sumber daya ikan karang di berbagai wilayah perairan di Indonesia. Pemerintah Indonesia melalui *the Indonesian Minister of Marine Affairs Decree No. 19/2022* telah menetapkan bahwa status ikan karang di *fisheries management area* (FMA), misalnya FMA 717 yang mencakup wilayah utara Papua Barat berada pada kondisi *over-exploited* dengan tingkat pemanfaatan di atas satu. Batasan utama dalam pengelolaan perikanan kakap merah yaitu kurangnya identifikasi tangkapan yang tepat. Pada umumnya istilah kakap merah merujuk pada spesies *L. malabaricus*, *L. timoriensis* dan *L. erythropterus*, sementara jumlah spesies ikan Kakap Merah di Indo-Barat Pasifik mencapai 43 spesies (7).

#### a. Famili Lutjanidae di Perairan Kepulauan Yapen

Spesies ikan family Lutjanidae di Perairan Kepulauan Yapen berjumlah 10 spesies. Hasil identifikasi molekuler dengan metode *Basic Local Aligment Searc Tool* (BLAST) di *National Center for Biotechnologi Information* (NCBI) dapat dilihat pada Tabel 1. BLAST bertujuan untuk mengetahui tingkat kemiripan sekuen DNA hasil penelitian dengan database yang ada di genbank. Metode BLAST tersebut akan memberikan informasi mengenai taksonomi spesies yang diteliti. Kami mengidentifikasi 10 spesies dengan tingkat kemiripan sekuen DNA dengan database NCBI yaitu 99.68% - 100%.

**Tabel 1.** Hasil Identifikasi dengan Metode BLAST

Specimen code	Species	Similarity	Accession Number
BKS06	<i>Lutjanus malabaricus</i>	99.53%	KF009618
BKS36	<i>Lutjanus ehrenbergii</i>	99.54%	KP194151
BKS47	<i>Lutjanus fulvus</i>	99.68%	KF009613
BKS29	<i>Lutjanus vitta</i>	99.84%	NC042930
BKS07	<i>Lutjanus erythropterus</i>	100%	GU673202
BKS12	<i>Lutjanus rufolineatus</i>	100%	MN870075
BKS17	<i>Lutjanus semicinctus</i>	99.84%	MN870144
BKS18	<i>Aphareus rutilans</i>	99.53%	KF009564
BKS21	<i>Pristipomoides multidens</i>	99.84%	KF430626
BKS 35	<i>Lutjanus timoriensis</i>	99.68%	KJ202176.1

#### b. Famili Lutjanidae di Perairan Nabire

Spesies ikan family Lutjanidae di Perairan Nabire berjumlah 9 spesies. Hasil identifikasi molekuler dengan metode *Basic Local Aligment Searc Tool* di *National Center for Biotechnologi Information* dapat dilihat pada Tabel 2. Teridentifikasi 9 spesies dengan tingkat kemiripan sekuen DNA dengan database NCBI yaitu 99.69% - 99.04%.



**Tabel 2.** Hasil Identifikasi dengan Metode BLAST

Specimen code	Species	Similarity	Accession Number
NKN1	<i>Pristipomoides multidentis</i>	99.39%	KF430626.1
NKN13	<i>Lutjanus timoriensis</i>	99.69%	KJ202176.1
NKN 03	<i>Etelis coruscans</i>	99.68 %	MT888950.1
NKN11	<i>Lutjanus vitta</i>	99.54%	NC042930.1
NKN 23	<i>Aphareus rutilans</i>	99.38 %	KF009564.1
NKN 25	<i>Lutjanus bohar</i>	99.04 %	MN870347.1
NKN 26	<i>Lutjanus gibbus</i>	98.76 %	MF409615.1
NKN 27	<i>Lutjanus papuensis</i>	99.04%	HM422401.1
NKN 28	<i>Pinjalo lewisi</i>	99.35 %	GU674005.1

**c. Famili Lutjanidae di Perairan Jayapura**

Spesies ikan family Lutjanidae di Perairan Jayapura berjumlah 9 spesies. Hasil identifikasi molekuler dengan metode *Basic Local Alignment Search Tool* di *National Center for Biotechnology Information* dapat dilihat pada Tabel 3. Teridentifikasi 9 spesies dengan tingkat kemiripan sekuen DNA dengan database NCBI yaitu 100% - 99.89%.

**Tabel 3.** Hasil Identifikasi dengan Metode BLAST

Specimen code	Species	Similarity	Accession Number
DKJ15	<i>Lutjanus malabaricus</i>	98.90%	EU600114.1
DKJ 1	<i>Lutjanus rufolineatus</i>	99.69 %	MN870075.1
DKJ 2	<i>Lutjanus xanthopimmis</i>	96.63%	LC071439.1
DKJ11	<i>Lutjanus sebae</i>	99.69%	FJ824742.1
DKJ12	<i>Lutjanus erythropterus</i>	99.84%	GU673202.1
DKJ 14	<i>Lutjanus johnii</i>	99.84%	EF609396.1
DKJ 18	<i>Lutjanus gibbus</i>	99.89%	MF409615.1
DKJ 67	<i>Lutjanus timoriensis</i>	99.85%	KJ202176.1
DKJ 77	<i>Lutjanus russellii</i>	100%	EF514208.1

**d. Famili Lutjanidae di Perairan Biak-Numfor**

Spesies ikan family Lutjanidae di Perairan Biak-Numfor berjumlah 13 spesies. Hasil identifikasi molekuler dengan metode *Basic Local Alignment Search Tool* di *National Center for Biotechnology Information* dapat dilihat pada Tabel 4. Teridentifikasi 13 spesies dengan tingkat kemiripan sekuen DNA dengan database NCBI yaitu **100% - 99.84%**.

**Tabel 4.** Hasil Identifikasi dengan Metode BLAST

Specimen code	Species	Similarity	Accession Number
BKBN02	<i>Lutjanus semincinctus</i>	100 %	MN870132.1
BKBN06	<i>Lutjanus fulvus</i>	100%	MG816701.1
BKBN18	<i>Lutjanus gibbus</i>	100%	MF409615.1
BKBN48	<i>Lutjanus johnii</i>	99.84%	EF609396.1
BKBN42	<i>Lutjanus bohar</i>	99.84%	KU050105.1
BKBN46	<i>Lutjanus fulviflamma</i>	100%	EU600123.1
BKBN49	<i>Lutjanus monostigma</i>	100%	MK566974.1
BKBN55	<i>Pristipomoides multidentis</i>	100%	LC484245.1
BKBN58	<i>Lutjanus rufolineatus</i>	99.84%	MN870325.1
BKBN61	<i>Lutjanus ehrenbergii</i>	100%	KP194151.1
BKBN62	<i>Lutjanus kasmira</i>	100%	MZ606158.1
BKBN71	<i>Aphareus rutilans</i>	100%	LC484264.1
BKBN111	<i>Pinjalo lewisi</i>	99.35 %	GU674005.1

**e. Famili Lutjanidae di Perairan Wondama-Ransiki**

Spesies ikan family Lutjanidae di Perairan Wondama-Ransiki berjumlah 9 spesies. Hasil identifikasi molekuler dengan metode *Basic Local Alignment Search Tool* di *National Center for Biotechnology Information* dapat dilihat pada Tabel 5. Teridentifikasi 9 spesies dengan tingkat kemiripan sekuen DNA dengan database NCBI yaitu 100% - 99.85%.

**Tabel 5.** Hasil Identifikasi dengan Metode BLAST

Specimen code	Species	Similarity	Accession Number
BKR1	<i>Lutjanus timoriensis</i>	92.77%	KJ202175.1
BKR26	<i>Pristipomoides multidentis</i>	99.84%	KF430626.1
BKR29	<i>Pristipomoides argyrogrammicus</i>	100%	KP266778.1
BKR3	<i>Pristipomoides typus</i>	94.75%	KF009649.1
BKR13	<i>Lutjanus dodecacanthoides</i>	99.84%	KF009611.1
BKR21	<i>Pinjalo lewisi</i>	99.68%	GU674005.1
BKR9	<i>Etelis boweni</i>	99.50%	MW138047.1
BKR58	<i>Lutjanus rufolineatus</i>	99.84%	MN870325.1
BKR 25	<i>Aphareus rutilans</i>	99.85%	KF009564.1

#### f. *Famili Lutjanidae di Perairan Manokwari*

Spesies ikan family Lutjanidae di Perairan Manokwari berjumlah 15 spesies. Hasil identifikasi molekuler dengan metode *Basic Local Alignment Search Tool* di *National Center for Biotechnology Information* dapat dilihat pada Tabel 6. Teridentifikasi 15 spesies dengan tingkat kemiripan sekuen DNA dengan database NCBI yaitu 100% - 99.53%.

**Tabel 6.** Hasil Identifikasi dengan Metode BLAST

Specimen code	Species	Similarity	Accession Number
AKM3	<i>Pinjalo pinjalo</i>	99.69%	MT260426.1
AKM24	<i>Aphareus rutilans</i>	99.89%	KF009564.1
AKM46	<i>Lutjanus rivulatus</i>	99.69%	KU682554.1
AKM 52	<i>Lutjanus gibbus</i>	99.85%	MF409615.1
AKM63	<i>Lutjanus timoriensis</i>	99.53%	KJ202176.1
AKM65	<i>Lutjanus rufolineatus</i>	99.84%	MN870325.1
AKM78	<i>Lutjanus monostigma</i>	99.68%	KF009619.1
AKM 90	<i>Lutjanus quinquelineatus</i>	99.87%	KU682549.1
AKM4	<i>Paracaesio kusakarii</i>	99.86%	JN311706.1
AKM35	<i>Aprion virescens</i>	99.89%	MT888884.1
AKM32	<i>Etelis radiosus</i>	99.78%	LC484234.1
AKM30	<i>Pristipomoides multidentis</i>	99.84%	KF430626.1
AKM93	<i>Lutjanus madras</i>	100%	KF009616.1
AKM90	<i>Lutjanus bohar</i>	99.84%	KU050105.1
AKM87	<i>Lutjanus kasmira</i>	100%	MZ606158.1

## 4.2. Karakter Karakteristik Morfologi Famili Lutjanidae

### a. *Deskripsi Karakteristik Morfologi*

#### *Genus Lutjanus*

Ikan Kakap Merah, terutama dari Genus *Lutjanus* memiliki ukuran tubuh kecil hingga besar, tubuh berbentuk lonjong with triangular heads. Kakap bervariasi dalam warna, sering memiliki warna latar belakang kemerahan, kuning, abu-abu, atau coklat dengan pola garis-garis atau batang yang lebih gelap dan sering ditandai dengan bintik kehitaman besar di sisi atas di bawah sirip lunak depan sirip punggung (26). Beberapa spesies dalam family Lutjanidae memiliki morfologi yang sangat mirip dan spesies bergaris kuning yang baru-baru ini direvisi (27). Kemiripan morfologi yang tinggi di antar spesies dan genus dapat mempersulit proses identifikasi. Kemiripan secara morfologi berpotensi terjadi kesalahan dalam identifikasi.

Genus *Lutjanus* yang ditemukan dalam penelitian ini umumnya memiliki tubuh berukuran kecil hingga besar. Bentuk tubuh lonjong, relative dalam hingga ramping dan berbentuk fusiform (26). Genus *Lutjanus* memiliki sirip punggung yang bersambung dan sering kali memiliki sedikit sayatan antara bagian yang berduri dan bagian yang lunak. Kakap merah memiliki pola warna yang bervariasi, sering memiliki warna latar belakang kemerahan, kuning, abu-abu, atau coklat dengan pola garis-garis atau batang yang lebih gelap dan sering ditandai dengan bintik kehitaman besar di sisi atas di bawah sirip punggung. Beberapa spesies seperti *L. vitta*, *L. semicinctus*, *L. ehrenbergii*, *L. timoriensi*, *L. fulviflamma*, *L. russellii*, *L. monostigma*, *L. bohar*, *L. rivulatus*, *L. madras*, *L. kasmira*, *L. dodecacanthoides*, *L. xanthopinnis*, *L. sebae*, *L. quinquelineatus* dan *L.*

*rufolineatus* memiliki garis-garis atau bar dan bercak hitam pada tubuh. Pada beberapa spesies ikan, bercak pada tubuh akan hilang seiring bertambahnya usia ikan. Namun, ada beberapa spesies yang tidak memiliki garis dan bercak pada tubuh seperti *L. fulvus*, *L. erythropterus*, *L. gibbus* dan *L. papuensis*.

### **Genus *Aphareus***

Genus *Aphareus* adalah jenis ikan kakap merah yang memiliki bentuk tubuh yang berbeda dengan genus *Lutjanus*, *Pinjalo* dan *Paracaesio*. Genus *Aphareus* memiliki tubuh yang memanjang dan fusiform (26). Spesies *A. rutilans* dan *A. virescens* adalah spesies dari genus *Aphareus* yang diidentifikasi dalam penelitian ini. Selain bentuk tubuh, *A. rutilans* dan *A. virescens* tidak memiliki gigi taring dan gigi vomerine seperti pada genus *Lutjanus*. *A. rutilans* dan *A. virescens* hanya memiliki gigi kecil-kecil pada rahangnya. Bentuk ekor dari genus *Aphareus* yaitu forked, berbeda dengan genus *Lutjanus* yang memiliki bentuk ekor antara emarginate dan truncate. Sirip punggung pada *A. rutilans* bersambung dan tanpa ada lekukan antar bagian berduri keras dan lunak. Jari sirip punggung dan dubur bagian terakhir memanjang.

### **Genus *Pristipomoides***

Genus *Pristipomoides* merupakan jenis ikan kakap merah yang memiliki tubuh yang mirip dengan genus *Aphareus*. Spesies *P. multidentis* dan *P. auricilla* adalah spesies dari genus *Pristipomoides* yang diidentifikasi dalam penelitian ini. Beberapa kesamaan karakter morfologi antara *P. multidentis*, *P. typus* dan *P. argyrogrammicus* dengan *A. rutilans* yaitu memiliki sirip punggung bersambung dan tanpa ada lekukan antar bagian berduri keras dan lunak, jari sirip punggung dan dubur bagian terakhir yang memanjang, bentuk ekor yaitu forked. *P. multidentis* memiliki gigi taring di bagian depan rahang dan gigi vomerine. Perbedaan yang paling mencolok antar *P. multidentis* dan *P. argyrogrammicus* yaitu pada pola warna tubuh mereka.

### **Genus *Etelis***

Genus *Etelis* berukuran sedang dengan tubuh ramping dan fusiform. Rahangnya dilengkapi dengan gigi kecil berbentuk kerucut dan mereka memiliki 1 atau 2 pasang gigi taring. Genus ini memiliki sirip punggung bersambung dan ada lekukan antar bagian berduri keras dan lunak. Sirip punggung dan sirip dubur memiliki jari-jari terakhir yang memanjang. Sirip ekornya bercabang. Spesies *E. boweni*, *E. coruscans* dan *E. radiosus* adalah spesies dari genus *Etelis* yang teridentifikasi dalam penelitian ini.

### **Genus *Aprion***

Genus *Aprion* memiliki bentuk tubuh memanjang dan fusiform. Genus ini memiliki sirip punggung bersambung dan tanpa ada lekukan antar bagian berduri keras dan lunak. Sirip punggung dan sirip dubur memiliki jari-jari terakhir yang memanjang. Sirip ekornya bercabang. Spesies *A. virescens* adalah spesies dari genus *Aprion* yang teridentifikasi dalam penelitian ini.

### **Genus *Pinjalo***

Genus *Pinjalo* berukuran sedang dan memiliki tubuh yang cukup dalam dengan kepala yang relatif kecil dan moncong yang runcing. Sirip punggung bersambung, tanpa lekukan di sekitar pertemuan bagian sirip yang berduri dan berbulu halus. Warna keseluruhannya adalah merah muda atau merah pada tubuh bagian atas, keputihan atau keperakan pada sisi bawah dan perut, dengan sirip yang mungkin berwarna kemerahan, merah muda, kuning, atau keputihan, seringkali dengan tepi tipis kehitaman (26). Spesies *P. pinjalo* dan *P. lewisi* adalah spesies dari genus *Pinjalo* yang teridentifikasi dalam penelitian ini.

Uraian di atas menjelaskan bahwa secara morfologi terdapat penciri khusus yang menjadi pembeda antara genus *Lutjanus*, *Aphareus*, *Pinjalo*, *Etelis*, *Aprion* dan *Protipomoides* dan antar species di dalam satu genus. Namun demikian, terdapat ciri-ciri merisitik yang relatif sama pada ketiga genus tersebut. Penelusuran berbasis molekular diharapkan dapat memperjelas pemisahan kelompok-kelompok ikan tersebut dalam level spesies.

### **b. Komposisi Ukuran Family Lutjanidae**

Kami mendokumentasikan komposisi ukuran beberapa spesies ikan family Lutjanidae yang tertangkap. Tujuannya yaitu untuk mengetahui apakah ukuran ikan family Lutjanidae yang tertangkap telah mencapai panjang total maksimum yang dapat dicapai pada garis lintang Indonesia, ukuran panen optimal dan ukuran pertama kali memijah atau matang gonad. Kami membandingkan hasil penelitian kami dengan hasil penelitian Mous *et al.*, 2021 tentang ukuran panen optimum, ukuran pertama kali matang gonad atau memijah dan ukuran panjang maksimum yang dapat dicapai oleh family Lutjanidae (Tabel 7).

Jenis ikan yang paling dominan tertangkap oleh nelayan di perairan lokasi penelitian yaitu jenis ikan karang, terutama ikan Kakap Merah. Ikan tersebut memiliki nilai ekonomis tinggi, terutama untuk spesies *L. malabaricus*, *L. erythropterus*, *L. johnii* dan *P. multidentis*. Keempat spesies tersebut tertangkap dengan berat maksimum mencapai 2611 gr. Penangkapan ikan dilakukan secara intensif untuk memenuhi permintaan pasar lokal. Beberapa informasi species yang penting bagi pengelolaan ikan kakap di perairan Utara Papua, antara lain berkaitan dengan struktur ukuran individu. Jika mengacu pada Tabel 7, maka ukuran ikan yang tertangkap, beberapa individu spesies *L. malabaricus* yang tertangkap telah mencapai ukuran optimum yang dapat ditangkap. Sedangkan ukuran selain spesies *L. malabaricus* belum memenuhi ukuran optimum untuk dipanen, mungkin dalam keadaan pertama kali matang gonad atau belum matang gonad. Beberapa individu dari spesies *L. malabaricus*, *L. erythropterus*, *L. gibbus*, *L. vitta*, *Pinjalo lewisi* dan *Pristipomoides multidentis* dalam penelitian kami telah melewati ukuran pertama kali matang gonad, tetapi ada juga yang belum. Sementara spesies yang lainnya belum mencapai ukuran pertama kali matang gonad.

Penangkapan yang berlebih dan tidak selektif menyebabkan penurunan jumlah stok populasi ikan di alam. Disisi lain, penilain seperti ukuran pertama kali matang gonad terhadap stok populasi ikan kakap di Perairan Utara Papua, belum dilakukan. Namun, berdasarkan data pada Table 7 bahwa rata-rata ikan yang tertangkap belum mencapai ukuran pertama kali matang gonad atau memijah. Dampak lain dari kegiatan penangkapan yang berlebihan yaitu hilangnya keanekaragaman hayati, baik pada tingkat spesies maupun molekuler. Penelitian kami memberikan informasi dasar tentang jenis ikan Kakap Merah yang diperdagangkan pada pasar lokal. Informasi tersebut dapat menjadi database keberadaan jenis ikan Kakap Merah di Perairan Papua. Kami mengidentifikasi ikan Kakap Merah dengan pendekatan morfologi dan molekuler, sehingga hasil yang kami dapatkan sangat akurat. Kombinasi pendekatan morfologi dan molekuler dapat mengurangi ketidakpastian taksonomi pada spesies yang diamati (28). Kombinasi kedua pendekatan tersebut sangat dibutuhkan karena kemiripan morfologi yang tinggi antar spesies ikan kakap merah maupun antar genus.

Perubahan paradigma pengelolaan sumber daya perikanan dari pengelolaan secara tradisional berbasis species ke ekosistem Approach to Fisheries Management (EAFM) (29, 30), tidak otomatis menghilangkan perhatian atas pentingnya pemahaman karakteristik dari spesies sumber daya yang dikelola. Pengabaian perhatian tentang karakteristik sumber daya pada level species diduga menyebabkan berjalan lambatnya penerapan EAFM dalam pengelolaan sumber daya perikanan (31). Pentingnya pengelolaan dengan memperhatikan katakteristik pada level species adalah bahwa masing-masing spesies ikan memiliki respon yang berbeda-beda terhadap intervensi pengelolaan yang diterapkan. Misalnya respons terhadap upaya penangkapan dan struktur ukuran hasil tangkapan yang bervariasi.

Data kepastian taksonomi dapat digunakan untuk mendesain peta biodiversitas spesies, identifikasi spesies yang mempunyai potensi untuk pengembangan budidaya dan bernilai ekonomi tinggi serta kebijakan perlindungan hukum bagi spesies yang terancam punah. Saat ini, pemerintah pusat menetapkan status penangkapan ikan Kakap Merah di perairan Teluk Cenderawasih dan sekitarnya pada kategori *Fully-eksploited*. Pemerintah hanya menetapkan ikan Kakap Merah

secara umum, sementara jumlah spesies ikan Kakap Merah di Indo-Barat Pasifik mencapai 43 spesies. Di sisi lain, masing-masing spesies mungkin memiliki kerentanan yang berbeda terhadap penangkapan. Oleh karena itu, memerlukan kebijakan pengelolaan yang berbeda untuk memastikan penangkapan yang berkelanjutan. Bagaimana mungkin mengembangkan rencana konservasi dan strategi pengelolaan jangka panjang tanpa mengetahui spesies apa yang terlibat, dan juga apakah ada subpopulasi (32). Sehingga, pelestarian tidak hanya dilakukan pada tingkat family atau genus, tetapi harus dilakukan pada tingkat spesies. Berdasarkan uraian di atas, keberhasilan suatu pengelolaan sumber daya perikanan memerlukan dukungan informasi spesies yang menjadi target pengelolaan. Hal ini memerlukan upaya untuk menelusuri spesies melalui studi dengan pendekatan molekuler untuk dapat memastikan karakteristik spesies secara benar.

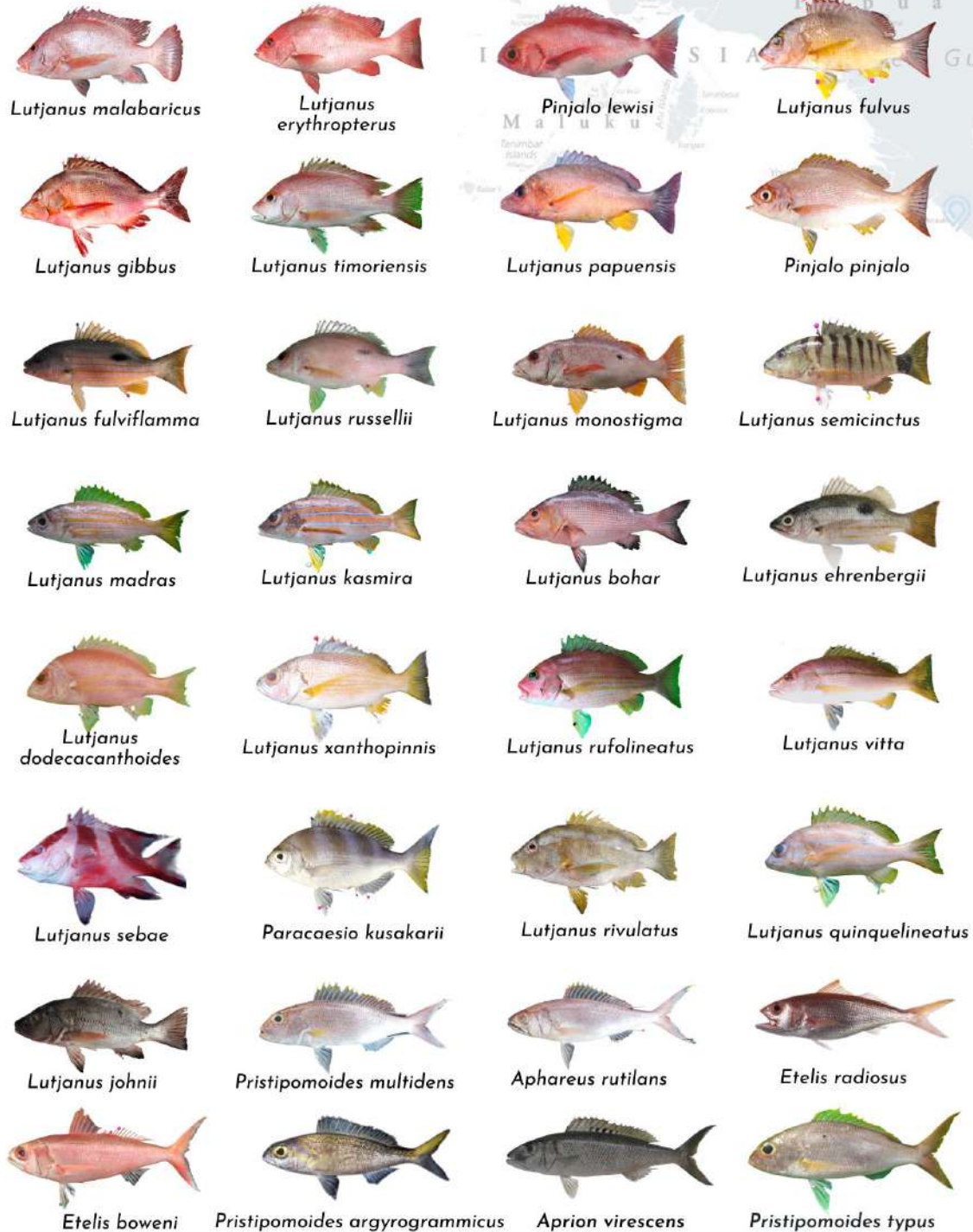
**Tabel 7.** Komposisi Ukuran (Perbandingan hasil penelitian dengan referensi)

No.	Spesies	$L_{max}$	$W_{mat}$	$L_{mat}$	$L_{opt}$	$L_{max-min}$	$n$
		Mous <i>et al.</i> , 2021 <sup>(33)</sup>				Hasil Penelitian	
1	<i>L. malabaricus</i>	94	1822	29	39	52-29	35
2	<i>L. erythropterus</i>	70	773	37	50	49.5-45	6
3	<i>L. johnii</i>	90	1263	48	63	45.7-38.5	2
4	<i>L. sebae</i>	96	2404	51	68	24-20.5	5
5	<i>L. timorensis</i>	65	532	34	46	30.7-17.1	37
6	<i>L. vitta</i>	43	174	23	31	27.3-22.6	3
7	<i>L. gibbus</i>	54	404	29	39	38.8-19.8	106
8	<i>L. russelli</i>	53	285	28	38	26.5	1
9	<i>L. bohar</i>	88	1732	47	63	33.7-19	12
10	<i>L. rivulatus</i>	84	1882	45	60	27-18.5	14
11	<i>L. fulvus</i>	-	-	-	-	21.5-17.5	13
12	<i>L. rufolineatus</i>	-	-	-	-	27-18.5	16
13	<i>L. papuensis</i>	-	-	-	-	30.1-39.5	3
14	<i>L. fulviflamma</i>	-	-	-	-	28-22	5
15	<i>L. quinquelineatus</i>	-	-	-	-	18	1
16	<i>L. monostigma</i>	-	-	-	-	39-23.8	9
17	<i>L. semicinctus</i>	-	-	-	-	21-17.8	5
18	<i>L. madras</i>	-	-	-	-	20.5-19	2
19	<i>L. kasmira</i>	-	-	-	-	19-18	3
20	<i>L. ehrenbergii</i>	-	-	-	-	26.4-17.7	10
21	<i>L. dodecakanthoides</i>	-	-	-	-	18-17	4
22	<i>L. xanthopinnis</i>	-	-	-	-	21.3-19	2
23	<i>Aprion virescens</i>	107	1869	57	76	37.8	1
24	<i>Paracaesio kusakarii</i>	85	1119	45	60	33-20.8	5
25	<i>Pinjalo lewisi</i>	51	343	31	41	31.2-21.8	22
26	<i>Pinjalo pinjalo</i>	78	678	41	55	37.5-26	4
27	<i>Pristipomoides multidens</i>	92	1356	49	66	49.8-21.5	18
28	<i>Pristipomoides typus</i>	85	773	37	60	31,28,	5
29	<i>Aphareus rutilans</i>	120	2129	64	85	39.4-31	12
30	<i>Etelis radiosus</i>	115	2539	61	82	31.5-28	7
31	<i>Etelis boweni</i>	118	3411	63	84	34-23.5	2
32	<i>Etelis coruscans</i>	120	2128	64	85	34-23.4	5

**Catatan:**  $L_{max}$ : maximum attainable total length at Indonesian latitudes (cm);  $L_{mat}$  = Size at 50% maturity (cm);  $W_{mat}$ : Weight at 50% maturity in gram;  $L_{opt}$ : = Optimum Harvest Size (cm) (33).  $L_{max-min}$ : panjang total (data hasil penelitian);  $n$ : Jumlah individu (data hasil penelitian)

**BIODIVERSITAS SPESIES IKAN KAKAP MERAH (LUTJANIDAE) DI  
PERAIRAN UTARA PAPUA  
(JAYAPURA, YAPEN, NABIRE, BIAK-NUMFOR, MANOKWARI, WONDAMA-RANSIKI)**

Ridwan Sala, Aradea B. Kusuma, Bayu Pranata



Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan  
Universitas Papua

Sumber: Hasil Penelitian Dasar Kompetitif Nasional (PDKN) 2022  
Kementerian Pendidikan, Kebudayaan, Riset, dan Teknologi

**Gambar 5.** Biodiversitas Spesies Ikan Kakap Merah (Lutjanidae) Secara Morfologi di Periran Utara Papua

#### 4.3. Karakteristik Molekuler Family Lutjanidae

Kami menganalisis sebanyak 189 individu dari berbagai spesies family Lutjanidae yang ditemukan pada lokasi penelitian. Dalam penelitian ini, identifikasi spesies menggunakan gen DNA sitokrom oksidase c subunit I (COI) yang merupakan wilayah protein coding dari genom mitokondria (34). Amplifikasi gen COI Ikan Kakap Merah menggunakan primer FishF1 dan FishF2 dengan panjang fragmen 655 bp (*base pairs*) (Gambar 6). Penelitian genetik menggunakan penanda molekuler gen COI telah digunakan oleh beberapa peneliti yang mengkaji tentang identifikasi genetik (7), struktur dan konektivitas genetik (16), dan filogenetik Ikan Kakap (13). Amplifikasi atau biasa disingkat dengan PCR merupakan teknik untuk perbanyak DNA secara *in vitro* menggunakan DNA polymerase. Dalam penelitian ini, amplifikasi menggunakan primer FishF1 dan FishF2 (DNA polymerase) berdasarkan pada penelitian Ward et al. (2005), yang menggambarkan primer DNA untuk *polymerase chain reaction* (PCR) gen COI dari 754 spesies Teleostei, Hiu dan Pari. Hasil penelitian menunjukkan pasangan primer FishF1 dan FishF2 secara konsisten memperkuat fragmen 655 bp gen COI dan menghasilkan urutan informatif untuk analisis filogenetik pada spesies dan tingkat taksonomi (21).



Gambar 6. Hasil Elektroforesis Sekuen DNA

#### 4.4. Jarak Genetik dalam Spesies antar Lokasi Penelitian

Kami menganalisis jarak genetik spesies ikan family Lutjanidae antar lokasi penelitian. Analisis dilakukan hanya pada spesies yang ditemukan pada dua atau lebih lokasi penelitian. Jarak genetik dianalisis menggunakan metode Kimura-2 parameter dan menghasilkan variasi jarak genetik dalam spesies pada lokasi yang berbeda. Secara umum, hasil kami menunjukkan jarak genetik dalam spesies yang sangat dekat antar lokasi penelitian, dengan kisaran antar 0.000 – 0.081.

Temuan kami saat ini menunjukkan bahwa beberapa spesies seperti *L. vitta*, *P. multidentis*, *A. rutilans*, *L. bohar*, *L. erythropterus* dan *L. ehrenbergii* yang ditemukan pada beberapa lokasi penelitian memiliki nilai jarak genetik 0.000. Pada umumnya jarak genetik spesies family Lutjanidae antar lokasi penelitian sangat kecil. Semakin kecil nilai jarak genetik, menunjukkan hubungan genetik yang dekat antar populasi tersebut. Kedekatan secara genetik dapat terjadi karena adanya aliran gen antar populasi melalui proses migrasi atau pasokan stok antar lokasi. Abdullah *et al.*, (2013) menjelaskan bahwa distribusi yang luas pada saat fase larva bersifat planktonik (pergerakan dipengaruhi oleh arus laut), memungkinkan terjadinya pasokan stok antara lokasi (35). Jarak genetik tertinggi yaitu pada spesies *L. timoriensis*, antar perairan Wondama-Ransiki dengan Yapen, Jayapura, Manokwari, Nabire. Jarak genetik yang kecil menunjukkan hubungan genetik yang dekat dan sebaliknya, jarak genetik yang besar menunjukkan hubungan genetik yang jauh. Tingginya nilai jarak genetik *L. timoriensis* dari perairan Wondama-Ransiki dengan lokasi lain boleh jadi disebabkan oleh faktor lingkungan habitat atau tidak ada aliran gen (*gen flow*) yang terjadi antar populasi.

a. *Lutjanus timoriensis*

Tabel 8. Jarak Genetik spesies *L. timoriensis* antar Lokasi Penelitian

	1	2	3	4
Yapen				
Wondama-Ransiki	<b>0.081</b>			
Nabire	0.003	0.077		
Jayapura	0.003	0.080	0.002	
Manokwari	0.006	0.081	<b>0.000</b>	0.005

b. *Lutjanus rufolineatus*

Tabel 9. Jarak Genetik spesies *L. rufolineatus* antar Lokasi Penelitian

	1	2	3	4
Yapen				
Wondama-Ransiki	0.003			
Biak-Numfor	0.003	0.003		
Manokwari	<b>0.002</b>	<b>0.002</b>	<b>0.002</b>	
Jayapura	0.005	<b>0.006</b>	0.005	0.003

c. *Lutjanus vitta*

Tabel 10. Jarak Genetik spesies *L. vitta* antar Lokasi Penelitian

	1
Yapen	
Nabire	<b>0.000</b>

d. *Pristipomoides multidens*

Tabel 11. Jarak Genetik spesies *L. multidens* antar Lokasi Penelitian

	1	2	3
Yapen			
Wondama-Ransiki	<b>0.000</b>		
Biak-Numfor	0.002	0.002	
Nabire	0.002	0.002	<b>0.003</b>

e. *Aphareus rutilans*

Tabel 12. Jarak Genetik spesies *A. rutilans* antar Lokasi Penelitian

	1	2	3	4
Yapen				
Nabire	<b>0.000</b>			
Wondama-Ransiki	<b>0.005</b>	<b>0.005</b>		
Biak-Numfor	<b>0.005</b>	<b>0.005</b>	0.002	
Manokwari	0.003	0.003	0.003	0.002

f. *Pinjalo lewisi*

Tabel 13. Jarak Genetik spesies *P. lewisi* antar Lokasi Penelitian

	1
Nabire	
Wondama-Ransiki	0.000

g. *Lutjanus bohar*

Tabel 14. Jarak Genetik spesies *L. bohar* antar Lokasi Penelitian

	1
Biak-Numfor	
Nabire	0.0016



#### *h. Lutjanus erythropterus*

**Tabel 15.** Jarak Genetik spesies *L. erythropterus* antar Lokasi Penelitian

1	
Yapen	
Jayapura	0.0000

#### *i. Lutjanus monostigma*

**Tabel 16.** Jarak Genetik spesies *L. monostigma* antar Lokasi Penelitian

1	
Manokwari	
Biak-Numfor	0.003

#### *j. Lutjanus semicinctus*

**Tabel 17.** Jarak Genetik spesies *L. semicinctus* antar Lokasi Penelitian

1	
Yapen	
Biak-Numfor	0.005

#### *k. Lutjanus ehrenbergii*

**Tabel 18.** Jarak Genetik spesies *L. ehrenbergii* antar Lokasi Penelitian

1	
Yapen	
Biak-Numfor	0.000

#### *l. Lutjanus fulvus*

**Tabel 19.** Jarak Genetik spesies *L. fulvus* antar Lokasi Penelitian

1	
Biak-Numfor	
Yapen	0.003

### 4.5. Hubungan Evolusi Family Lutjanidae dan Pengelolaannya

Analisis hubungan evolusi dengan merekonstruksi pohon filogenetik menggunakan metode Neighbor Joining Method, model Kimura-2 parameter dan nilai bootstrap 1000× dengan bantuan software MEGA X. Pohon filogenetik bertujuan untuk merekonstruksi hubungan genetik dan sejarah evolusi dari spesies atau taksa berdasarkan data molekuler saat ini. Tingkat kepercayaan pohon filogenetik dilakukan dengan uji bootstrap. Probabilitas bootstrap dari suatu cabang merupakan jumlah pohon yang menghasilkan cabang tersebut dibagi dengan jumlah total pengacakan ulang yang dilakukan (36). Semakin tinggi nilai bootstrap (mendekati 100), maka suatu topologi pohon dianggap semakin dapat dipercaya (37). Filogenetika molekuler dan evolusi molekuler menunjukkan korelasi satu dengan lainnya. Evolusi molekuler dapat didefinisikan sebagai proses perubahan selektif (mutasi) pada tingkat molekuler (gen, protein, dll) di berbagai cabang di pohon kehidupan (evolusi). Filogenetika molekuler membuat kesimpulan dari hubungan evolusi yang timbul karena evolusi molekuler dan menghasilkan konstruksi pohon filogenetik.

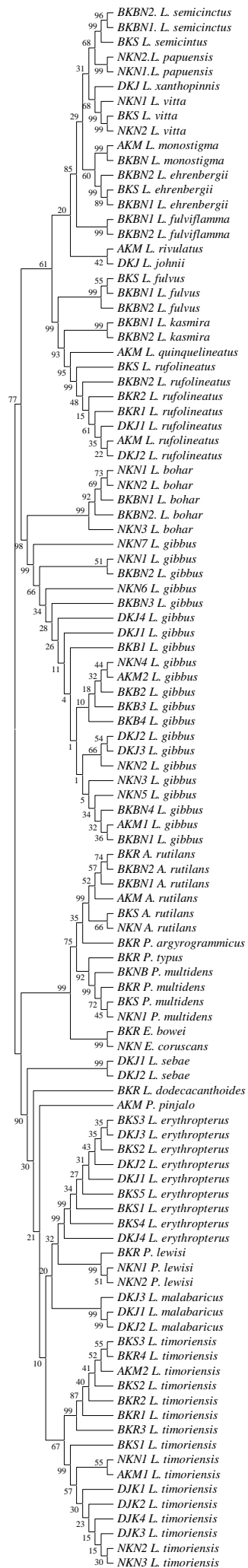
Hasil penelitian kami menunjukkan bahwa spesies yang sama pada lokasi atau populasi yang berbeda membentuk kelompok monofiletik. Kelompok monofiletik adalah kelompok organisme yang membentuk sebuah klad, terdiri dari semua keturunan dari nenek moyang yang sama. Klade adalah adalah suatu kelompok taksonomi yang memiliki satu leluhur bersama dan semua keturunannya juga berasal dari moyang tersebut. Beberapa spesies yang sama pada populasi yang berbeda membentuk kelompok monofiletik yaitu *L. semicinctus*, *L. fulvus*, *L. ehrenbergii* (Yapen, Biak Numfor), *L. vitta* (Yapen-Nabire), *L. monostigma* (Manokwari, Biak Numfor), *L. bohar* (Nabire, Biak Numfor), *L. gibbus* (Nabire-Biak Numfor-Jayapura, Biak, Nabire dan Manokwari), *A. rutilans* (Wondama, Biak-Numfor, Manokwari, Yapen dan Nabire), *L. rufolineatus* (Yapen, Biak Numfor, Wondama, Jayapura dan Manokwari), *P. multidens* (Biak Numfor, Wondama,

Yapen dan Nabire), *L. erythropterus* (Yapen dan Jayapura), *P. lewisi* (Wondama dan Nabire), *L. timoriensi* (Jayapura, Wondama, Manokwari, Nabire dan Yapen).

Hubungan genetik yang kuat menunjukkan adanya hubungan yang erat antar populasi. Lokasi penelitian secara geografis yang saling berdekatan, kondisi ekologi yang sama, transport larva dan migrasi menyebabkan tidak ada struktur genetik yang terjadi antar lokasi. Dapat diduga, bahwa ikan Kakap Merah di Perairan Utara Papua saling berhubungan satu sama lainnya. Namun perlu analisis konektivitas genetik untuk dapat memahami hubungan tersebut. Analisis konektivitas genetik akan kami lakukan pada Tahun ke 3 dengan mengkompilasi data penelitian Tahun ke 1 sampai 3 untuk mendapatkan informasi konektivitas genetik antar populasi di Perairan Papua secara keseluruhan.

Penyebaran larva ikan Kakap Merah dipengaruhi oleh proses oseanografi seperti arus. Arus memungkinkan terjadinya penyebaran larva yang cukup luas antara wilayah. Riginos *et al.* (2011) menjelaskan bahwa arus cenderung menciptakan hambatan dan arah dari penyebaran larva (38). Abdullah *et al.* (2013) menjelaskan bahwa distribusi larva yang luas memungkinkan terjadinya pasokan stok antara lokasi dan proses ini harus dievaluasi sebelum kegiatan perikanan dikembangkan sepenuhnya (35). Hal tersebut menunjukkan bahwa setiap kawasan tidak dapat berdiri sendiri dalam proses pengelolaannya. Beberapa negara telah mengaplikasikan hasil penelitian molekuler bagi pengelolaan sumberdaya perikanan yang dieksploitasi secara komersial. Sedangkan saat ini, Indonesia belum mengaplikasikan konektivitas genetik sebagai acuan dalam proses manajemen pengelolaan perikananannya.

Pengelolaan ikan Kakap Merah di Perairan Utara Papua harus dilakukan secara satu kesatuan untuk menjaga keseimbangan stok sumberdaya ikan Kakap Merah di alam, karena stabilitas suatu populasi bergantung pada impor larva dari populasi yang lain. Misalnya, larva ikan Kakap dari perairan Biak-Numfor dibawa oleh arus dan menetap pada terumbu karang di Nabire, Manokwari dan Jayapura atau sebaliknya. Hubungan tersebut harus seimbangan, sehingga stok populasi di alam terjaga. Maka sangat penting bagi pemerintah setempat, bekerja sama untuk memastikan penangkapan tidak dilakukan secara berlebihan. Prinsip yang sama berlaku untuk karang, tuna dan banyak organisme laut lainnya.



**\*Kode Lokasi Sampel**

- DKJ = Sampel Jayapura
- NKN = Sampel Nabire
- BKS = Sampel Yapen
- AKM = Sampel Manokwari
- BKB1 = Sampel Biak-Numfor
- BKB2 = Sampel Biak
- BKR = Sampel Wondama-Ransiki

**Gambar 7.** Hubungan Evolusi Family Lutjanidae

#### 4.6. Konektifitas Genetik Family Lutjanidae di Perairan Papua

“Desain peta konektifitas genetik ikan Kakap Merah (Lutjanidae) belum dapat kami sajikan dalam penelitian pada Tahun 1. Pada Tahun ke 1 dan 2 fokus penelitian yaitu mengumpulkan data genetik ikan Kakap Merah dari berbagai wilayah di Perairan Papua. Pada Tahun ke 3, data genetik dari Tahun 1 sampai Tahun ke 3 akan dikompilasi dan dianalisis untuk mendapatkan informasi tentang biodiversitas spesies dan konektifitas genetik antar populasi di Perairan Papua secara keseluruhan”.

#### 4.7. Studi Kasus Hubungan Morfologi dan Genetik Spesies *Lutjanus gibbus*

Kami menganalisis 18 karakter morfometrik *L. gibbus* untuk mengidentifikasi apakah spesies *L. gibbus* dari beberapa lokasi penelitian adalah stok populasi yang berbeda atau merupakan satu populasi yang sama. Kami memilih spesies *L. gibbus* karena spesies tersebut dominan ditemukan pada beberapa lokasi penelitian. Delapan belas karakter morfometrik yaitu sebagai berikut: *Total length*, *Standard length*, *Body depth*, *Caudal peduncle depth (CPD)*, *Head length (HL)*, *Predorsal fin length (PRDFL)*, *Head depth (HD)*, *Preventral fin length (PRDFL)*, *Distance between ventral and dorsal fins origin (VDOL)*, *Distance between anal and dorsal fin ends (ADFEL)*, *Dorsal fin base length (DFBL)*, *Distance between the ventral fin origin and the end of anal fin (VOAEFL)*, *Distance between the first spine of the dorsal fin & the end of anal fin (SPDAEF)*, *Distance between dorsal fin end and ventral fin origin (DEVOFL)*, *Distance between the ventral fin and the end of fin origin (VEADFL)*, *Distance between dorsal fin end and dorsal caudal fin origin (DEDCF)*, *Distance between anal fin end and ventral caudal fin origin (AEVCFL)*, *Eye diameter (ED)*. Kami juga mengamati karakter meristik yaitu sebagai berikut: *Pectoral Fin*, *Dorsal fin*, *Dorsal rays*, *Anal spines*, *Anal rays*, *Caudal fin*.

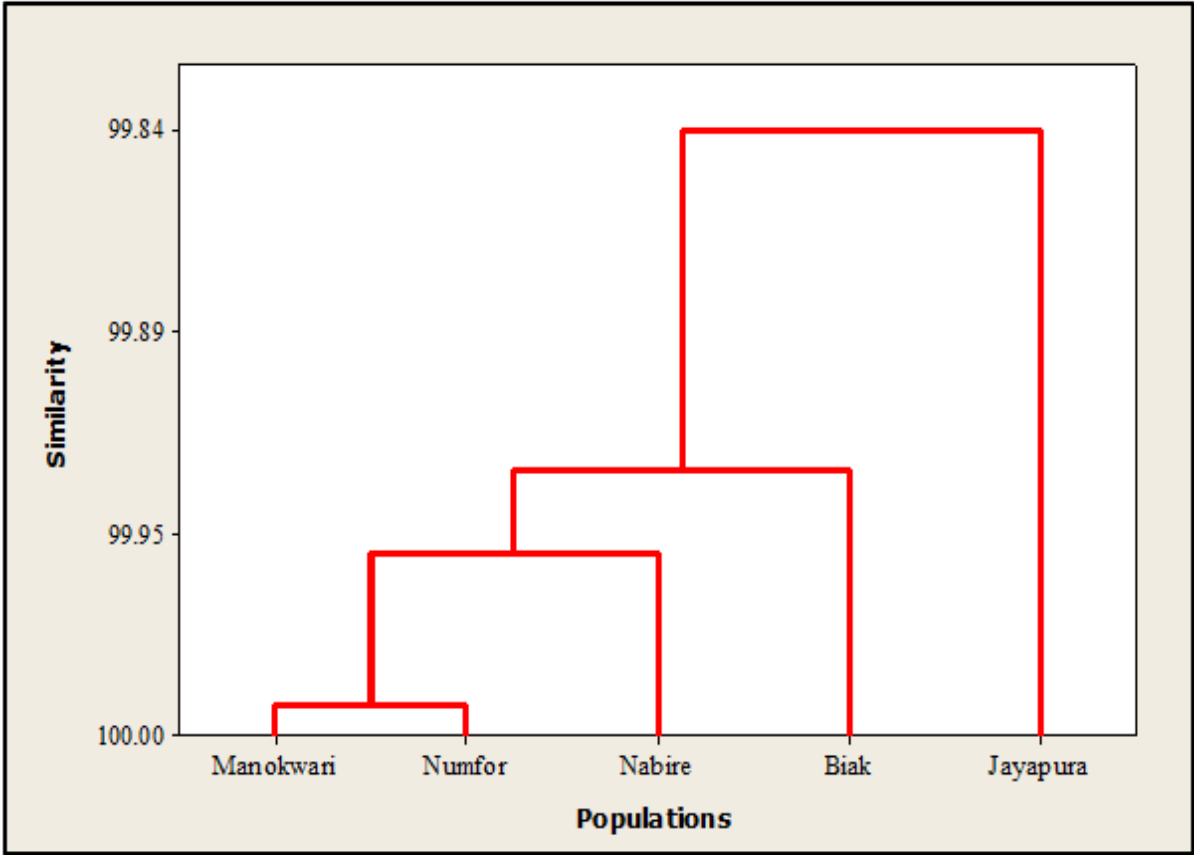
##### a. Hubungan Karakteristik Morfometrik *L. gibbus*

Hasil analisis *Pearson Correlation* antar populasi menunjukkan bahwa spesies *L. gibbus* memiliki hubungan korelasi positif pada karakter morfometrik yang sangat kuat (Tabel 20). Pada umumnya spesies *L. gibbus* yang berasal dari 5 lokasi penelitian memiliki hubungan korelasi yang erat yaitu 0.996 sampai 1.

**Tabel 20.** Korelasi Karakter Morfometrik Spesies *L. gibbus* antar Lokasi Penelitian

	Manokwari	Numfor	Biak	Nabire
<b>Biak-Numfor</b>	1.000			
<b>Biak</b>	0.999	0.998		
<b>Nabire</b>	0.999	0.999	0.999	
<b>Jayapura</b>	0.997	0.996	0.998	0.996

Rekonstruksi dendrogram yang menunjukkan hubungan karakter morfometrik antar lokasi penelitian membentuk 2 kluster utama yaitu kluster populasi Jayapura dan kluster populasi Biak, Nabire, Numfor dan Manokwari (Gambar 8). Secara morfometrik, spesies *L. gibbus* yang berasal dari perairan Manokwari memiliki kesamaan dengan populasi dari Perairan Biak-Numfor. Namun sedikit berbeda dengan populasi yang berasal dari perairan Nabire dan Biak. Sedangkan populasi Jayapura membentuk klade tersendiri. Secara umum rekonstruksi menunjukkan tingkat kesamaan karakter morfometrik yang tinggi antar populasi *L. gibbus* di 5 lokasi penelitian.



Gambar 8. Rekonstruksi Dendogram Tingkat Kesamaan Karakter Morfometrik Spesies *L. gibbus*

### **b. Hubungan Karakteristik Meristik *L. gibbus***

Karakter meristik spesies *L. gibbus* pada masing-masing populasi disajikan pada Tabel 21. Jumlah jari sirip lunak pada sirip dada yaitu 15 – 17. Duri keras pada sirip punggung pada umumnya berjumlah X. Sedangkan duri lunak pada sirip punggung berjumlah 13 – 16. Pada semua populasi duri keras pada sirip anal berjumlah III. Sedangkan duri lunak pada sirip anal berjumlah 9.

Rata-rata panjang total *L. Gibbus* yang ditemukan yaitu 19.4 – 28.3 cm. Ukuran panjang rata-rata *L. gibbus* yang ditemukan tidak jauh berbeda dengan yang ditemukan di beberapa wilayah di Indonesia yaitu seperti yang ditemukan pada Perairan Selat Sunda Banten Selatan (23.6 – 33.7 cm) (39,40) dan Perairan Alor Nusa Tenggara Timur (23.5 – 58.8 cm, individu jantan; 18.3 – 31.5 cm, individu betina) (33). Di perairan laut Timor sebanyak sebanyak 53% dari total sampel 29.803 individu berukuran 29 – 31 cm (41). Spesies *L. gibbus* dapat tumbuh mencapai ukuran 54 cm (33). Berat rata-rata *L. gibbus* paling tinggi ditemukan pada populasi Nabire (337.9 gr) dan paling rendah pada populasi Jayapura (122 gr). Perbedaan berat antar lokasi mungkin dipengaruhi penangkapan yang berlebihan. Penangkapan ikan Kakap Merah termasuk spesies *L. gibbus* di Perairan Utara Papua cukup intens dilakukan. Saat ini, penangkapan ikan kakap merah telah masuk dalam kategori *full eksploitasi* (Keputusan Menteri Kelautan dan Perikanan RI Nomor 50/KEPMEN-KP/2017). Ukuran individu yang lebih kecil yang ditemukan (Tabel 2), mungkin merupakan hasil dari eksploitasi berlebihan dan kurangnya kesempatan bagi individu untuk mencapai ukuran dewasa penuh, sebelum ditangkap. Hal serupa terjadi pada spesies *L. gibbus* yang ditemukan di Bunaken Marine Park, North Sulawesi, kelangkaan ikan berukuran besar dalam tangkapan menunjukkan bahwa penangkapan ikan berlebihan mungkin terjadi dan tanpa peraturan ukuran minimum yang ditegakkan, ada juga tekanan besar pada stok yang lebih muda (42). Selain itu, perbedaan ukuran antar lokasi dapat disebabkan oleh perbedaan tingkat pertumbuhan, proses rekrutmen, tingkat eksploitasi dan alat tangkap yang digunakan (43).

Karakteristik meristic seperti “*pectoral-fin soft ray*”, “*dorsal-fin spine*” and “*dorsal-fin soft ray*” pada spesies *L. gibbus* cukup bervariasi. Sementara karakter meristic “*anal-fin spine*” dan “*anal-fin soft ray*” menunjukkan jumlah yang konsisten. Populasi Manokwari menunjukkan jumlah “*dorsal-fin spine*” yang lebih bervariasi sedangkan populasi Jayapura, Nabire, Biak dan Numfor menunjukkan karakter “*dorsal-fin spine*” yang sama. Anderson et al. (2001) mengukur meristik spesies *L. gibbus* di Western Central Pacific dan menemukan bahwa jumlah “*pectoral-fin soft ray*” yaitu 16 – 17. “*Dorsal-fin spine*” berjumlah X. Sedangkan “*Dorsal-fin soft ray*” berjumlah 13 – 14. “*Anal-fin spine*” berjumlah III. Sedangkan “*Anal-fin soft ray*” berjumlah 8 (44). Beberapa penelitian lain menunjukkan hal serupa, beberapa individu dari famili Lutjanus menunjukkan jumlah “*anal-fin spine*” yang sama [47, 48, 49].

Perbedaan karakter morfometrik spesies *L. gibbus* tersebut menunjukkan adanya keragaman fenotipe. Keragaman fenotipe merupakan bentuk adaptasi terhadap perbedaan karakteristik habitat atau disebut plastisitas fenotipik (50). Faktor penyebab variasi morfologi yaitu termasuk ketersediaan makanan (51). Pengaruh ketersediaan terhadap variasi metrik ukuran tubuh (*jaw depth*, *body depth*, *fork length*) ketika ketersediaan makanan langka atau berlimpah telah dijelaskan secara rinci (51, 52). Ukuran mangsa yang dikonsumsi juga berpengaruh pada karakter morfologi ikan (53). Selain itu, nilai gizi makanan juga telah terbukti mempengaruhi morfologi ikan Kakap (54). Hasil penelitian Bailey (2021) telah menunjukkan bahwa *L. bohar* dan *L. gibbus* tumbuh lebih besar dan berada dalam kondisi yang lebih baik ketika mereka mengkonsumsi makanan ikan dan cumi-cumi dengan energi yang lebih tinggi (55). Kompleksitas habitat dapat berkontribusi terhadap plastisitas fenotipik dan perbedaan morfologi antara individu pada spesies yang sama dan menempati habitat yang berbeda (56). Ikan akan mengadopsi bentuk morfologi yang paling optimal untuk menghindari predator, mencari makan dan berenang. Contohnya, ikan pelagis mungkin akan memiliki bentuk tubuh yang

lebih panjang dan ramping untuk berenang cepat, sedangkan spesies sejenis di habitat bentik/terumbu yang lebih kompleks memiliki *deeper bodies, larger heads and bigger gapes* (57).

Hasil analisis *Pearson Correlation* dan rekonstruksi dendrogram menunjukkan bahwa spesies *L. gibbus* memiliki hubungan korelasi dan tingkat kesamaan karakter morfometrik yang sangat tinggi. Hubungan karakter dan tingkat kesamaan yang tinggi mengindikasikan tidak ada struktur morfometrik yang terbentuk antar lokasi. Karakteristik habitat yang sama memberikan kontribusi terhadap kesamaan morfometrik antar populasi pada spesies yang sama. Selain itu, terjadi perkawinan antar individu melalui migrasi dan transport larva antar populasi menyebabkan tingkat kemiripan secara morfologi yang tinggi. Hasil penelitian kami menunjukkan tidak ada struktur morfometrik spesies *L. gibbus* dari beberapa lokasi penelitian di perairan Papua bagian utara. Kami berasumsi bahwa spesies *L. gibbus* di beberapa wilayah kajian diperairan Papua bagian utara merupakan 1 populasi, namun hal tersebut perlu dibuktikan melalui kajian secara molekuler seperti filogenetik dan konektivitas genetik antar populasi. Hal serupa ditunjukkan oleh hasil penelitian dari Zamroni *et al.* (2021) menunjukkan bahwa secara morfometrik *L. malabaricus* dari perairan Biak-Nabire memiliki merupakan populasi yang sama dengan *L. malabaricus* dari perairan Raja Ampat (5).

**Tabel 21.** Karakter meristik spesies *L. gibbus*

No	Meristic characteristics	Range Date				
		Manokwari	Numfor	Biak	Nabire	Jayapura
1	<i>Number of soft fin rays on pectoral fin</i>	15-17	15-17	16-17	15-17	16-17
2	<i>Number of spines on dorsal fin</i>	VIII-XI	X	X	X	X
3	<i>Number of soft fin rays on dorsal fin</i>	14-16	14-15	14-16	15	13-15
4	<i>Number of hard fin rays on the anal fin</i>	III	III	III	III	III
5	<i>The number of soft fin rays on the anal fin</i>	9	9	9	9	9

### c. Jarak Genetik *L. gibbus* antar Lokasi Penelitian

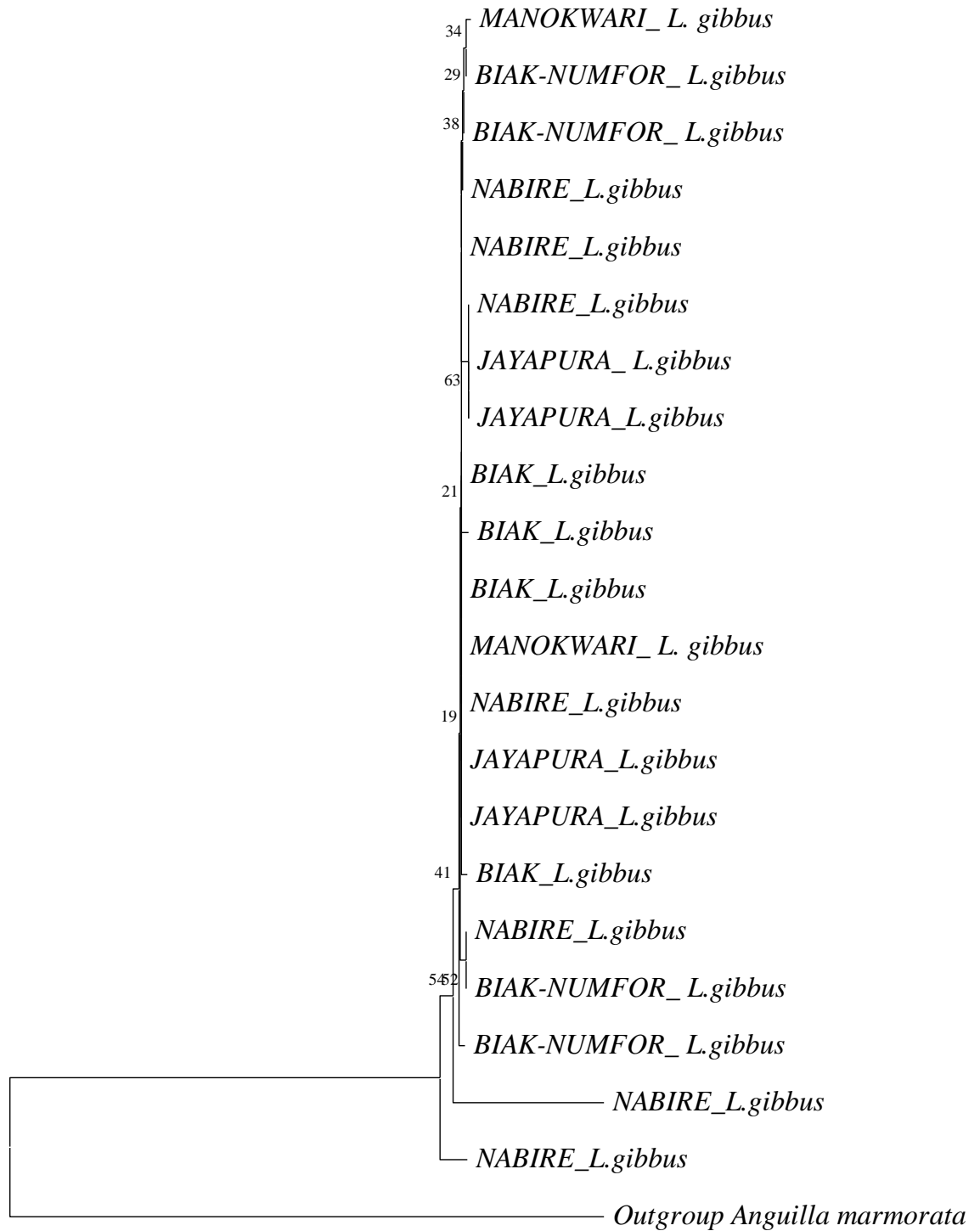
Jarak genetik spesies *L. gibbus* antar populasi ditunjukkan pada Tabel 22. Nilai jarak genetik terkecil adalah 0.000, yaitu antar populasi Manokwari dengan Biak-Numfor, Jayapura dengan Biak-Numfor, Biak dengan Biak-Numfor, Biak dengan Jayapura. Hal tersebut menunjukkan bahwa ada hubungan yang kuat antar populasi dan tidak ada barrier yang membatasi. Jarak genetik yang kecil disebabkan oleh perkawinan yang terjadi antar populasi melalui migrasi dan transport larva yang membawa gen dari populasi lainnya. Sehingga seiring berjalannya waktu, gen tersebut menjadi dominan di populasi yang baru.

**Tabel 22.** Jarak Genetik *L. gibbus*

	Nabire	Manokwari	Biak-Numfor	Jayapura
<b>Nabire</b>				
<b>Manokwari</b>	0.003			
<b>Biak-Numfor</b>	0.002	0.000		
<b>Jayapura</b>	0.002	0.003	0.000	
<b>Biak</b>	0.002	0.003	0.000	0.000

### d. Hubungan Kekerabatan *L. gibbus* antar Lokasi Penelitian

Kami menganalisis hubungan kekerabatan spesies *L. gibbus* untuk memperkuat analisis morfologi yang telah dilakukan. Hasil kami sangat konsisten, bahwa secara morfologi spesies *L. gibbus* dari perairan Nabire, Manokwari, Biak-Numfor, Jayapura dan Biak, memiliki tingkat kemiripan karakter morfologi yang tinggi. Analisis filogenetik juga menunjukkan bahwa spesies *L. gibbus* dari beberapa lokasi penelitian membentuk kelompok mohofiletik atau berasal dari nenek moyang yang sama. Genotip akan mengekspresikan fenotip, sehingga tingkat kesamaan morfologi yang tinggi akan berkorelasi dengan materi genetik suatu organisme.



**Gambar 9.** Hubungan Kekerabatan Spesies *L. gibbus* antar Lokasi Penelitian



#### 4.8. Capaian Luaran

##### a. LUARAN WAJIB

Luaran wajib dalam penelitian ini yaitu artikel ilmiah yang dipublikasikan pada *Egyptian Journal of Aquatic Biology and Fisheries* (ter-index scopus Q3). Adapun judul dan status luaran wajib saat ini yaitu sebagai berikut:

###### A. Jurnal Internasional

<b>Judul</b>	Morphometrics Diversity and Phenotypic Relationship of the Red Snapper ( <i>Lutjanus gibbus</i> ) in Northern Papua Waters
<b>Status</b>	<b>Published</b>

##### b. LUARAN TAMBAHAN

Luaran tambahan dalam penelitian ini yaitu artikel ilmiah yang dipublikasikan pada *Jurnal Biodiversitas Journal of Biological Diversity* (ter-index scopus Q3). Selain itu, hasil penelitian telah diseminarkan pada Seminar Nasional. Seminar nasional melibatkan mahasiswa yang ikut berpartisipasi dalam kegiatan penelitian.

###### A. Jurnal Internasional

<b>Judul</b>	MOLECULAR PHYLOGENETIC OF RED SNAPPER (LUTJANIDAE) IN YAPEN ISLAND WATRES
<b>Status</b>	Saat ini masih dalam tahap <b>Review</b> di Jurnal Biodiversitas

###### B. Seminar Nasional

<b>Judul</b>	: BIODIVERSITY OF SNAPPER (LUTJANIDAE) BASED ON DNA BARCODE IN THE WATER OF YAPEN REGENCY
<b>Status</b>	: <b>Telah diseminarkan</b>

###### C HKI

<b>Jenis Ciptaan</b>	: Pamflet
<b>Judul</b>	: BIODIVERSITAS SPESIES IKAN KAKAP MERAH (LUTJANIDAE) DI PERAIRAN UTARA PAPUA (JAYAPURA, YAPEN, NABIRE, BIAK-NUMFOR, MANOKWARI)
<b>Nomor pencatatan</b>	: <b>000401748</b>

###### D Melibatkan Mahasiswa untuk Praktek Kerja Lapang

<b>Nama</b>	: Andi Nacisa Malfin Savina Maharani
<b>NIM</b>	: 201931011
<b>Judul</b>	: IDENTIFIKASI MORFOLOGI DAN MORFOMETRIK IKAN KAKAP ( <i>Lutjanus</i> ) DI NABIRE DAN SERUI

###### E Melibatkan Mahasiswa Praktek Kerja Lapang untuk Ikut Seminar Nasional

<b>Nama</b>	: Andi Nacisa Malfin Savina Maharani
<b>NIM</b>	: 201931011
<b>Judul</b>	: BIODIVERSITY OF RED SNAPPER (LUTJANIDAE) BASE ON MORPHOMETRIC CHARACTERISTICS IN WATERS OF NABIRE REGENCY
<b>Status</b>	: <b>Telah diseminarkan</b>

## V. RENCANA TAHAP SELANJUTNYA

Pada **Tahun pertama** telah dilakukan pengambilan data morfologi dan koleksi sampel jaringan ikan Kakap Merah untuk analisis molekuler di Kabupaten Manokwari, Manokwari Selatan, Nabire, Yapen, Biak, Numfor dan Jayapura. Rencana penelitian pada **Tahun kedua** yaitu mengeksplorasi kekayaan jenis ikan Kakap Merah yang berada di perairan Kabupaten Raja Ampat, Sorong, Sorong Selatan dan Teluk Bintuni. Ikan Kakap akan dikumpulkan setiap hari selama kurang lebih 2 minggu di berbagai tempat seperti pasar tradisional, tempat pelelangan ikan maupun pelabuhan pendaratan ikan. Identifikasi spesies menggunakan pendekatan morfologi dan molekuler. Untuk keperluan morfologi, sampel ikan Kakap Merah difoto dan dianalisis morfometrinya. Sedangkan untuk keperluan analisis molekuler, sirip dorsal ikan Kakap Merah akan dipotong kurang lebih 1 cm dan diawetkan dalam ethanol 96%. Secara morfologi ikan kakap akan diidentifikasi menggunakan buku panduan identifikasi dari FAO. Secara molekuler ikan Kakap akan diidentifikasi dengan metode BLAST di NCBI. Data molekuler dianalisis untuk mengetahui hubungan kekerabatan atau filogenetik dan jarak genetik spesies ikan Kakap antar populasi. Data molekuler ikan Kakap akan digabungkan dengan data molekuler hasil penelitian pada tahun pertama untuk mendapatkan informasi tentang konektivitas genetik ikan Kakap di Perairan Pesisir Papua. Luaran penelitian Tahun ke 2 yaitu artikel yang diterbitkan pada *Journal Asian Fisheries Science* (AFS) (scopus Q3) dan juga akan mendapatkan luaran tambahan berupa jurnal *BIOFLUX* (scopus Q3).

## VI. KESIMPULAN DAN SARAN

### 6.1. Kesimpulan

- a. Teridentifikasi sebanyak 32 spesies Ikan Kakap Merah (Lutjanidae) di Perairan Utara Papua (Jayapura, Yapen, Biak-Numfor, Nabire, Ransiki dan Manokwari).
- b. Kami menganalisis hubungan karakter morfometrik dan genetik spesies *L. gibbus* antar lokasi penelitian. Kami menyimpulkan bahwa secara morfologi dan meristik populasi *L. gibbus* dari 5 lokasi penelitian saling berkaitan. Hal tersebut didukung oleh nilai jarak genetik yang rendah antar populasi 0.00-0.03. Rekonstruksi hubungan kekerabatan antar populasi menunjukkan bahwa *L. gibbus* dari berbagai populasi membentuk klade monofiletik atau berasal dari nenek moyang yang sama. Hasil tersebut memberikan informasi awal untuk mendukung keputusan di masa mendatang mengenai model pengelolaan, pelestarian, dan peningkatan sumber daya genetik spesies *L. gibbus* di Perairan Papua.

### 6.2. Saran

Upaya pengelolaan penangkapan dan konservasi sumberdaya perikanan tidak hanya berbasis pada ekosistem, tetapi juga harus dilakukan pada tingkat spesies. Adanya hubungan konektifitas antar populasi menunjukkan bahwa terjadinya pasokan stok larva, migrasi dan aliran gen. Keseimbangan pengelolaan antar populasi yang saling berhubungan perlu dijaga, untuk menjamin kelestarian sumberdaya Ikan Kakap. Oleh karena itu, pengelolaan Ikan Kakap Merah di Perairan Papua bagian Utara harus dilakukan secara satu ke satuan.

## DAFTAR PUSTAKA

1. Kusuma AB, Bengen DG, Madduppa H, Subhan B, Arafat D. 2016. Keanekaragaman genetik karang lunak *Sarcophyton trocheliophorum* pada populasi laut Jawa, Nusa Tenggara dan Sulawesi. *Jurnal Enggano*. 1(1): 89-96. Available from: doi: 10.31186/jenggano.1.1.89-96
2. Pita A, Pérez M, Balado M, Presa P. 2014. Out of the Celtic cradle: the genetic signature of European hake connectivity in south western Europe. *Journal of Sea Research*. 93: 90–100. Available from: doi: 10.1016/j.seares.2013.11.003
3. Cardinale M, Damalas D, Osio GC (ed.). 2015. Scientific, Technical and Economic Committee for Fisheries (STECF)-Mediterranean assessments part 1 (STECF-15-18). European Commission. Report number: EUR 27638 EN.
4. Druon JN, Fiorentino F, Murenu M, Knittweis L, Colloca F, Osio C, Mériqot B, Garofalo G, Mannini A, Jadaud A, Sbrana M, Scarcella G, Tserpes G, Peristeraki P, Carlucci R, Heikkonen J. 2015. Modelling of European hake nurseries in the Mediterranean Sea: an ecological niche approach. *Progress in Oceanography*. 130: 188–204. Available from: doi: 10.1016/j.pocean.2014.11.005
5. Zamroni A, Kembaren DD, Ernawati T, Purwanto, Satria F, Nurdin E, Mardiani SR, Budiarti TW. 2021. A genetic and morphometric study on Red Snapper and Grouper in fisheries management area 715. A case study on Malabar Blood Snapper (*Lutjanus malabaricus*) and Leopard Coral Grouper (*Plectropomus leopardus*). Jakarta, Indonesia: Prepared by Research Institute for Marine Fisheries-MMAF and USAID Sustainable Ecosystems Advanced Project.
6. Salini JP, Ovenden JR, Street R, Pendrey R, Haryanti, Permana GH. 2006. Genetic population structure of red snappers (*Lutjanus malabaricus* Bloch & Schneider, 1801 and *Lutjanus erythropterus* Bloch, 1790) in central and eastern Indonesia and northern Australia. *Journal of Fish Biology*. 68 (Supplement B): 217-234. Available from: doi: 10.1111/j.0022-1112.2006.001060.x.
7. Allen GR, White WT, Erdmann MV. 2013. Two new species of snappers (Pisces: Lutjanidae: *Lutjanus*) from the Indo-West Pacific. *Journal of the Ocean Science Foundation*. 6: 33-51. Available from: doi: 10.5281/zenodo.1036813
8. Froese R, Pauly D. 2022. FishBase. Available from: www.fishbase.org, version [Accessed 28<sup>th</sup> January].
9. Allen GR, Erdmann MV. 2012. Reef fishes of the East Indies. Perth, Australia: University of Hawai'i Press.
10. Kim MJ, Kim BY, Kim JS, Song CB . 2012. Two unrecorded species of the snapper (Perciformes: Lutjanidae) collected from Jeju Island, Korea. *Fisheries & Aquatic Sciences*. 15(4): 313-316. Available from: doi: 10.5657/FAS.2012.0313
11. Oktaviani, S. 2018. Mengenal marga *lutjanus*, salah satu komoditas unggulan dalam perikanan tangkap. *OSEANA*. 43(3): 29-39. Available from: doi: 10.14203/oseana.Vol.43No.3.61
12. Suraji, Rasyid N, Kenyo AS, Jannah AR, Wulandari DR, Saefudin M, Ashari M, Widiastutik R, Kuhaja T, Juliyanto E, Afandi YA, Wiyono B, Syafrie H, Handayani SN, Soemodinoto A.

2015. Profil Kawasan Konservasi Provinsi Papua - Papua Barat. Jakarta: Direktorat Konservasi Kawasan dan Jenis Ikan Direktorat Jenderal Kelautan, Pesisir dan Pulau-Pulau Kecil Kementerian Kelautan dan Perikanan.
13. Casey J, Jardim E, Martinsohn JTH. 2016. The role of genetics in fisheries management under the E.U. common fisheries policy. *Journal of Fish Biology*. 89: 2755–2767. Available from: doi: 10.1111/jfb.13151
  14. Ovenden JR, Berry O, Welch DJ, Buckworth RC, Dichmont CM. 2015. Ocean’s eleven: a critical evaluation of the role of population, evolutionary and molecular genetics in the management of wild fisheries. *Fish and Fisheries*. 16: 125–159. Available from: doi: 10.1111/faf.12052
  15. Bravington MV, Skaug HJ, Anderson EC. 2016. Close-kin mark–recapture. *Statistical Science*. 31: 259-274. Available from: doi: 10.1214/16-STS552
  16. Muths D, Gouws G, Mwale M, Tessier E, Bourjea J. 2012. Genetic connectivity of the reef fish *Lutjanus kasmira* at the scale of the West Indian Ocean. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*. 69(5): 842-853. Available from: doi: 10.1139/F2012-012.
  17. Halim LJ, Iradhatullah R, Mahboob S, Al-Ghanim KA, Amat A, Naim DMd. 2022. Phylogenetic relationships of the commercial red snapper (*Lutjanidae* sp.) from three marine regions. *Journal of King Saud University – Science*. 34: 101756. Available from: doi: 10.1016/j.jksus.2021.101756
  18. Moore B, Colas B. 2016. Identification guide to the common coastal food fishes of the Pacific Island region. New Caledonia: Pacific Community.
  19. White WT, Last PR, Dharmadi, Faizah R, Chodriyah U, Prisantoso BI, Pogonoski JJ, Puckridge M, Blaber SJM. 2013. Market fishes of Indonesia (Jenis-jenis ikan di Indonesia). Canberra, Australia: ACIAR Monograph No. 155. Australian Centre for International Agricultural Research.
  20. Abdullah MF., Alimuddin, Muththalib M, Salama AJ, Imai H. 2014. Genetic isolation among the Northwestern, Southwestern and Central-Eastern Indian Ocean populations of the pronghorn spiny lobster *Panulirus penicillatus*. *International Journal of Molecular Sciences*. 15(6): 9242-9254. Available from: doi: 10.3390/ijms15069242
  21. Ward RD, Zemplak TS, Bronwyn HI, Peter RL, Hebert PDN. 2005. DNA barcoding Australia’s fish species. *Philosophical Transactions of The Royal Society B Biological Sciences*. 360(1462): 1847-57. Available from: doi: 10.1098/rstb.2005.1716
  22. Kumar S, Stecher G, Li M, Knyaz C, Tamura K. 2018. MEGA X: Molecular Evolutionary Genetics Analysis across computing platforms. *Molecular Biology and Evolution*. 35(6): 1547-1549. Available from: doi: 10.1093/molbev/msy096
  23. Rozas J, Sanchez-DeBarrio JC, Messeguer X, Rozas R. 2003. DnaSP, DNA polymorphism analyses by the coalescent and other methods. *Bioinformatics*. 19(18): 2496-2497. Available from: doi: 10.1093/bioinformatics/btg359

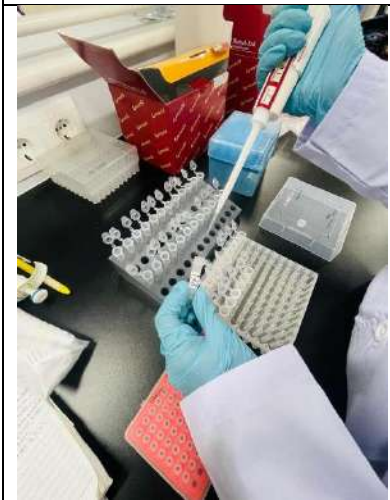
24. Lemey, Philippe, Marco, S, Anne, MV. 2009. The phylogenetic handbook: A practical approach to phylogenetic analysis and hypothesis testing. United States of America: Cambridge University Press.
25. Souza AS, Dias Júnior EA, Perez MF, Cioffi MB, Bertollo LAC, Garcia-Machado E, Vallinoto MNS, Galetti PM Jr, Molina WF. 2019. Phylogeography and Historical Demography of Two Sympatric Atlantic Snappers: *Lutjanus analis* and *L. jocu*. *Front. Mar. Sci* 6:545. DOI: 10.3389/fmars.2019.00545
7. Allen GR, White WT, Erdmann MV. 2013. Two new species of snappers (Pisces: Lutjanidae: Lutjanus) from the Indo-West Pacific. *Journal of the Ocean Science Foundation* 6: 33-51. Available from: doi: 10.5281/zenodo.1036813
26. Allen GR. 1985. FAO Species Catalogue. Vol. 6. Snappers of the world. An annotated and illustrated catalogue of lutjanid species known to date. FAO Fish. Synop. 125(6):208 p. Rome: FAO. (Ref. 55) <http://www.fao.org/docrep/009/ac481e/ac481e00.htm>
28. Dwifajri, Tapilatu RF, Pranata B, Kusuma AB. 2022. Molecular phylogeny of grouper of *Epinephelus* genus in Jayapura, Papua, Indonesia inferred from Cytochrome Oxidase I (COI) gene. *BIODIVERSITAS* 23 (3): 1449-1456. DOI: 10.13057/biodiv/d230332
29. Staples D, Brainard R, Capezzuoli S, Funge-Smith S, Grose C, Heenan A, Hermes R, Maurin P, Moews M, O'Brien C, Pomeroy R. 2014. Essential EAFM. Ecosystem Approach to Fisheries Management Training Course. Volume 1 – For Trainees. FAO Regional Office for Asia and the Pacific, Bangkok, Thailand, RAP Publication 2014/13, 318pp.
30. Hutubessy, BG, and JW Mosse. 2015. Ecosystem Approach to Fisheries Management in Indonesia: Review on Indicators and Reference Values. *Procedia Environmental Sciences* 23:148-156.
31. Howell, D, AM Schueller, JW Bentley, A Buchheister, D Chagaris, M Cieri, K Drew, MG Lundy, D Pedreschi, DG Reid, and H Townsend. 2021. Combining Ecosystem and Single-Species Modeling to Provide Ecosystem-Based Fisheries Management Advice within Current Management Systems. *Frontiers in Marine Science* 7.
32. Bakar AA, Adamson EAS, Juliana LH, Mohd SAN, Wei-Jen C, Man A, Naim Md D. 2018. DNA barcoding of Malaysian commercial snapper reveals an unrecognized species of the yellow-lined *Lutjanus* (Pisces:Lutjanidae). *PLoS ONE* 13(9):e0202945. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0202945>
33. Mous PJ, Gede WBI, Pet JS. 2021. Guide to length-based assessments of fisheries targeting snappers, groupers and emperors in Indonesia, with size composition of sampled fish. Yayasan Konservasi Alam Nusantara and People and Nature Consulting, Jakarta Indonesia. Report AR\_ASSESSMENTGUIDE\_220122
34. da Silva JM, Creer S, dos Santos A, Costa AC, Cunha MR, Costa FO, Carvalho GR. 2011. Systematic and evolutionary insights derived from mtDNA COI barcode diversity in the Decapoda (Crustacea: Malacostraca). *Journal PLoS ONE*, 6: e19449.
16. Muths D, Gouws G, Mwale M, Tessier E, Bourjea J. 2012. Genetic connectivity of the reef fish *Lutjanus kasmira* at the scale of the West Indian Ocean. *Canadian Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*. 69(5): 842-853. Available from: doi: 10.1139/F2012-012
13. Casey J, Jardim E, Martinsohn JTH. 2016. The role of genetics in fisheries management under the E.U. common fisheries policy. *Journal of Fish Biology*. 89: 2755–2767. Available from: doi: 10.1111/jfb.13151

21. Ward RD, Zemplak TS, Bronwyn HI, Peter RL, Hebert PDN. 2005. DNA barcoding Australia's fish species. *Philosophical Transactions of The Royal Society B Biological Sciences* 360 (1462): 1847-57. Available from: doi: 10.1098/rstb.2005.1716
35. Abdullah MF, Chow S, Sakai M, Cheng J and Imai H. 2013. Genetic diversity and population structure of pronghorn spiny lobster *Panulirus penicillatus* in the Pacific region. *Pacific Science*, 68 (2): 2-33.
36. Saitou N. 1995. Methods for building phylogenetic trees of gene and species. In: Griffin, A.M., Griffin, H. (eds). 1995. *Molecular biology: Current innovation and future trends part 2*. Horizon Scientific Press. Wymondham: 115-135.
37. Nei M, Kumar S. 2000. *Molecular evolution and phylogenetics*. Oxford University Press. Inc., New York: xiv+333 hlm.
38. Riginos C, Douglas KE, Jin Y, Shanahan DF, Trembl EA. 2011. Effects of geography and life history traits on genetic differentiation in benthic marine fishes. *Ecography*. 34: 566-575.
39. Prihatiningsih, Kamal MM, Kurnia R, Suman A. 2017. Length-Weight relationship, food habits, and reproduction of humpback red snapper (*Lutjanus gibbus*; family Lutjanidae) in the Southern Part of Banten Waters. *BAWAL Widyariset Perikanan Tangkap* 9(1):21. DOI:10.15578/bawal.9.1.2017.21-32
40. Prihatiningsih, Kamal MM, Kurnia R, Suman A. 2020. The spawning season, growth, and mortality of humpback red snapper (*Lutjanus gibbus* (Forsskal, 1775) in the Southern Banten waters, Indonesia. *AAFL Bioflux* 13(2):1079-1089. Available online at <http://www.bioflux.com.ro/docs/2020.1079-1089.pdf>
41. Pakro A, Mallawa A, Sudirman, Amir F. 2020. Population dynamic of red snapper (*Lutjanus gibbus*) at Alor waters East Nusa Tenggara Province, Indonesia. *The 2nd International Conference of Animal Science and Technology*. IOP Conf. Series: Earth and Environmental Science 492 (1): 012091 DOI:10.1088/1755-1315/492/1/012091
42. Holloway CJ, Bucher DJ, Kearney L. 2015. A Preliminary Study of the Age and Growth of Paddletail Snapper *Lutjanus gibbus* (Forsskal 1775) in Bunaken Marine Park, North Sulawesi, Indonesia. *Asian Fisheries Science* 28: 186-197. DOI:10.33997/j.afs.2015.28.4.005
43. Mallawa A, Amir F. 2019. Population dynamic of Narrow-barred spanish mackerel (*Scomberomorus commerson*) in Bone Bay waters South Sulawesi Indonesia. *AAFL Bioflux* 12: 908-917 Available online at <http://www.bioflux.com.ro/docs/2019.908-917.pdf>
44. Soliman, F.M.; Mehanna, S.F.; Soliman, H.A. and Baker, T.S. 2018. Meristic and morphometric characteristics of five-lined snapper, *Lutjanus quinquelineatus* (Bloch, 1790) from the Red Sea, Egypt. *Egyptian Journal of Aquatic Biology & Fisheries* 22(1): 41 – 48.
45. Anderson WDJr, Allen GR. 2001. Lutjanidae. Jobfishes. p. 2840-2918. In K.E. Carpenter and V. Niem (eds.) *FAO species identification guide for fishery purposes. The living marine resources of the Western Central Pacific. Vol. 5. Bony fishes part 3 (Menidae to Pomacentridae)*. FAO, Rome. Available online at <http://www.fao.org/docrep/009/x2401e/x2401e00.htm>
46. Fakunmoju FA, Akintola SL, Ijimakinde B. 2014. Comparative analysis of the morphometric and meristic character of Lutjanidae from Lekki and Badagry Lagoons in Lagos State Nigeria. *IOSR Journal of Agriculture and Veterinary Science* 7(1): 81-88. DOI:10.9790/2380-07158188
47. Karna SK, Manna RK, Panda D, Manas HM, Mukherjee M, Suresh VR. 2018. Occurrence of Blubberlip snapper, *Lutjanus rivulatus* (Cuvier, 1828) from Chilika lagoon, India. *Indian Journal of Geo Marine Sciences* 47(08): 1633-1635. Available online at [http://nopr.niscpr.res.in/bitstream/123456789/44766/1/IJMS%2047\(8\)%201633-1635.pdf](http://nopr.niscpr.res.in/bitstream/123456789/44766/1/IJMS%2047(8)%201633-1635.pdf)

48. Sarkar P, Islam MdJ, Habib AhmS, Neogi AK, Habib KA. 2021. Two new records of Snapper (Perciformes, Lutjanidae) from Saint Martin's Island, Bangladesh. *J. Ocean Univ. China* 20(2): 439-444. DOI.org/10.1007/s11802-021-4566-x
49. Barman RP, Das A, Mishra SS. 2013. On the occurrence of crimson snapper, *Lutjanus erythropterus* (Perciformes: Lutjanidae) from West Bengal, India. *Records of the Zoological Survey of India* 113(2): 81–84. Available online at <http://faunaofindia.nic.in/PDFVolumes/records/113/02/0081-0084.pdf>
50. Chapman LJ. 2015. Low-Oxygen Lifestyles BT - Extremophile fishes: ecology, evolution, and physiology of teleosts in extreme environments. In: Riesch R, Tobler M, Plath M (eds) Cham: Springer International Publishing. DOI: 10.1007/978-3-319-13362-1\_2.
51. Abaad M, Tuset VM, Montero D, Lomberte A, Otero-Ferrer JL, Haroun R. 2016. Phenotypic plasticity in wild marine fishes associated with fish-cage aquaculture. *Hydrobiologia* 765(1): 343–358. DOI: 10.1007/s10750-015-2428-5.
52. Jacobson P, Gårdmark A, Östergren J, Casini M. 2018. Size-dependent prey availability affects diet and performance of predatory fish at sea: a case study of Atlantic salmon. *ECOSPHERE* 9(1): e02081. DOI:10.1002/ecs2.2081
53. Paul M, Pradit S, Hajisamae S, Prengmak P, Hisam F, Chaibundit S. 2017. Relationships of body lengths with mouth opening and prey length of nemipterid fishes (Regan, 1913) in the Gulf of Thailand. *The Egyptian Journal of Aquatic Research* 43(4): 297–302. DOI: 10.1016/j.ejar.2017.11.001
54. Barley S, Meekan MG, Meeuwig JJ. 2017. Species diversity, abundance, biomass, size and trophic structure of fish on coral reefs in relation to shark abundance. *Marine Ecology Progress Series* 565: 163–179. DOI: 10.3354/meps11981.
55. Bailey AS. 2021. Genetic and morphometric variation of two focal snapper species (*Lutjanus bohar* and *Lutjanus gibbus*) in the Chagos Archipelago. [Thesis] Oxford Brookes University, Oxford. [England].
56. Olsson J, Eklöv P. 2005. Habitat structure, feeding mode and morphological reversibility: Factors influencing phenotypic plasticity in perch. *Evolutionary Ecology Research* 7(8): 1109– 1123. Available online at <https://www.diva-portal.org/smash/get/diva2:158847/FULLTEXT01.pdf>
57. Mihalitsis M, Bellwood DR. 2019. Morphological and functional diversity of piscivorous fishes on coral reefs. *Coral Reefs* 38(5): 945–954. DOI: 10.1007/s00338-019-01820-w
5. Zamroni A, Kembaren DD, Ernawati T, Purwanto, Satria F, Nurdin E, Mardiani SR, Budiarti TW. 2021. A Genetic and Morphometric Study on Red Snapper and Grouper in Fisheries Management Area 715. A Case Study on Malabar Blood Snapper (*Lutjanus malabaricus*) and Leopard Coral Grouper (*Plectropomus leopardus*). Prepared by Research Institute for Marine Fisheries - MMAF and USAID Sustainable Ecosystems Advanced Project. Jakarta, Indonesia. 60 p.



## **LAMPIRAN I. Dokumentasi Penelitian**





## **LAMPIRAN 2. Luaran Wajib dan Tambahan**

# Phylogenetic of red snapper (*Lutjanidae*) in Yapen Island Waters, Papua, Indonesia

RIDWAN SALA<sup>1</sup>, ARADEA BUJANA KUSUMA<sup>1</sup>, BAYU PRANATA<sup>2,✉</sup>

<sup>1</sup>Department of Marine Science, Faculty of Fisheries and Marine Sciences, Universitas Papua, Jl. Gunung Salju Amban, Manokwari 98312, West Papua, Indonesia

<sup>2</sup>Department of Fishery, Faculty of Fisheries and Marine Sciences, Universitas Papua, Jl. Gunung Salju Amban, Manokwari 98312, West Papua, Indonesia. Tel./fax.: +62-986-211430, ✉email: b.pranata@unipa.ac.id

Manuscript received: 1 November 2022. Revision accepted: 1 February 2023.

**Abstract.** *Sala R, Kusuma AB, Pranata B. 2023. Phylogenetic of red snapper (Lutjanidae) in Yapen Island Waters, Papua, Indonesia. Biodiversitas 24: 716-723.* Red snappers are an economically valuable fishery resource. Most of these snapper species are inhabitants of coral reef ecosystems. A variety of red snapper species can be found in the northern waters of Papua, particularly in the Yapen Regency. However, information regarding the biological and ecological aspects of these fish is virtually unavailable. On the other hand, the utilization intensity of red snapper as a source of community income continues to increase. By using DNA barcode sequences, this study attempted to examine species diversity and relationships among Lutjanidae family species. The study was carried out from June to August 2022 in the waters of Yapen Regency by taking fish samples from the fish caught by local hand-lining fishers. Red snapper samples were identified morphologically and molecularly. According to molecular analyses, it was identified nine red snapper species from the genera of *Lutjanus*, *Aphareus* and *Pristipomoides*. The morphological characteristics of the species from the genus of *Aphareus* are similar to those from the genus of *Pristipomoides* yet different from those of the species from the genus of *Lutjanus*. The phylogenetic tree consisted of four clades with significant bootstrap values ranging from 98 to 99%. Clades 1, 2 and 3 comprise the species from the genus of *Lutjanus*, while clade 4 contains species from the genera of *Aphareus* and *Pristipomoides*. The greatest genetic distance was found between *Lutjanus fulvus* and *Pristipomoides multidentis*, while the smallest genetic distance was found between *Lutjanus vitta* and *Lutjanus ehrenbergii*. Based on the study results, some management implications are discussed. For example, information on species biodiversity maps is needed to determine the target stock of a managed species so that management objectives are more focused on the species level and not on the genus or family level.

**Keywords:** Biodiversity, molecular, Papua waters, phylogenetic

## INTRODUCTION

Red Snappers are demersal fish belonging to the Lutjanidae family and the *Lutjanus* genus. Red Snappers inhabit coral reef environments and are dispersed over the East and Indo-West Pacific, East and West Atlantic (Souza et al. 2019), the home to forty-three species of snappers from the Lutjanidae family (Allen et al. 2013).

Snappers belonging to the genus *Lutjanus* have small to large body sizes, oval bodies, and triangular-shaped heads. Snappers vary in coloring, typically having a reddish, yellow, gray, or brown background with a darker pattern of stripes or stems and frequently having a huge black spot on the upper side under the dorsal soft front fin (Allen 1985). The species from the genus *Lutjanus* have remarkably similar morphologies, including one with a recently altered yellow stripe (Iwatsuki et al. 2015). High morphological similarity across species and genera might make identification more difficult. The morphological similarity has the potential to lead to identification mistakes.

Reef fish, including groupers and snappers, are economically significant. This condition can lead to the intense exploitation of reef fish resources in diverse Indonesian sea regions. Through Decree No. 19/2022 issued by the Indonesian Minister of Marine Affairs, the

Indonesian government has concluded that reef fish in fisheries management areas (FMA), such as FMA 717, which encompasses the northern portion of West Papua, are overexploited with utilization rates exceeding one.

The waters of the northern part of Papua, including the waters of the Yapen Regency, are the State Fisheries Management Area of the Republic of Indonesia (WPPNRI). According to Decree Number, 50/KEPMEN-KP/2017 of the Minister of Maritime Affairs and Fisheries of the Republic of Indonesia, the red coral fish resources in these and nearby waters have been fully exploited. The lack of proper catch identification hinders the management of red snapper fisheries. In general, red snappers include *L. malabaricus*, *L. timoriensis*, and *L. erythropterus*, but the Indo-West Pacific contains forty-three species of red snappers. Sadly, there is currently no information regarding the quantity of Red Snapper species in the area. Red snapper species may have varying susceptibilities to fishing activities. Therefore, distinct management methods are needed to maintain sustainable fishing. Developing conservation plans and long-term management methods requires knowledge of the species and subpopulations involved (Bakar et al. 2018).

The search for species identity based on morphology does not provide full confidence compared to using a

molecular approach due to the “evolution convergent” (Zou and Zhang 2016). The morphological traits of organisms inhabiting distinct environments can vary (Heino 2014; Shuai et al. 2018). Using genetic markers, species identity can be accurately determined. Molecular studies have relied significantly on genetic markers (Chan et al. 2021). Genetic markers are genomic DNA segments that provide information about taxonomic differentiation (Patwardhan et al. 2014; Grover et al. 2016). DNA sequences have been employed as genetic markers for species identification and the discovery of novel species (Allen et al. 2013; Iwatsuki et al. 2015). Mitochondrial DNA (mtDNA) is one of the genomic DNA segments frequently employed in molecular studies.

Mitochondrial DNA has been utilized extensively to answer questions concerning genetic diversity, population evolution, and cellular structure (Gupta et al. 2015). The cytochrome oxidase c subunit I (COI) gene was employed in this study for molecular identification and phylogenetic construction. The COI gene is a “DNA barcode” (Pentinsaari et al. 2016). It is a dependable tool for monitoring biodiversity and reconstructing phylogenetic data (Pei et al. 2017). The purpose of phylogenetic studies is to recreate the evolutionary history of a species or taxon (Jarvis et al. 2017), which is represented by a tree-like diagram (Ramos et al. 2021).

Earlier research on the family Lutjanidae employed the COI gene for genetic analysis (Gold et al. 2015; Bakar et al. 2018; Fadli et al. 2020; Shan et al. 2021; Halim et al. 2022). Researchers also used the COI gene to identify a new species of red snapper (*L. papuensis*) in the Cendrawasih Bay of Papua New Guinea (Allen et al. 2013). In this study, we gathered Lutjanidae specimens from fish landing places in Yapen. We identified the species based on their morphological and molecular characteristics. The current study aimed to ascertain the number of species within the family Lutjanidae in Yapen

Island waters and to reconstruct a phylogenetic tree to establish the evolutionary link between species.

## MATERIALS AND METHODS

### Study sites

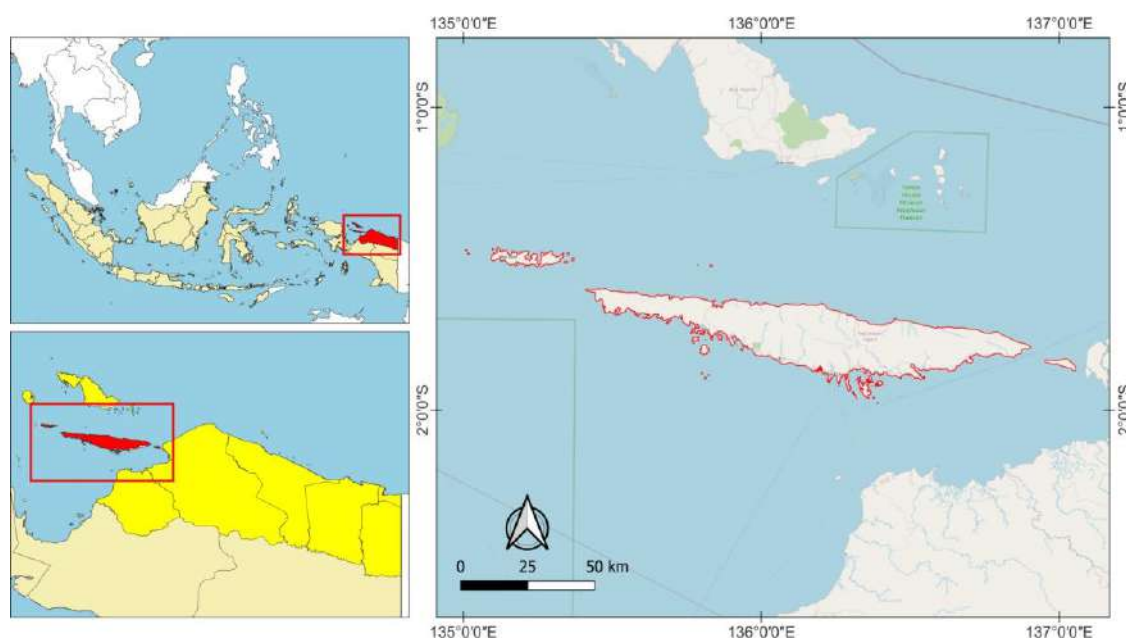
We conducted this study in Yapen Regency, Papua, Indonesia, between June and August of 2022 (Figure 1). Extraction, electrophoresis, and amplification were conducted at the Genetic Laboratory of Universitas Bengkulu. Additionally, we collected data for 16 Lutjanidae nucleotide sequences from the National Center for Biotechnology Information (NCBI (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov>) (Table 1).

### Sampling method

Samples were selected using purposive random sampling. Snappers were obtained from Fish Landing Port. Snappers were obtained from Fish Landing Places (TPI). Every morning, fishermen bring their catch of fish to the fish landing port. We also collect snapper at fish markets. Fish markets and fishing spots. Early morphological identification referred to the identification book of White et al. (2013); Moore and Colas (2016). One centimeter of red snapper dorsal fin tissue was removed and placed in a tube containing 80% ethanol.

### Morphological identification

The identification of red snapper samples was based on their morphometric and meristic characteristics. We measured and photographed the weight, total length, standard length, number of pectoral fin spines, number of dorsal fin spines, and number of anal fin spines of each specimen. Measurement of morphometric characters using LCD Digital Calipers Taffware.



**Figure 1.** Sampling locations in the Yapen Regency, Papua, Indonesia

**Table 1.** Lutjanidae sequence from NCBI

Species	Location	Access code
<i>Lutjanus vitta</i>	Indonesia: Java	MH085866
<i>Lutjanus vitta</i>	Malaysia	MG002627
<i>Lutjanus decussatus</i>	Indonesia: Maluku, Ambon Island, Ambon	MN870144
<i>Lutjanus ehrenbergii</i>	Indonesia: Maluku, Ambon Island, Ambon	MN870091
<i>Lutjanus ehrenbergii</i>	Indonesia: Maluku, Ambon Island, Ambon	MN870134
<i>Lutjanus rufolineatus</i>	Indonesia	GU673676
<i>Lutjanus rufolineatus</i>	Indonesia: Maluku, Ambon Island, Ambon	MN870325
<i>Lutjanus fulvus</i>	Philippines: Aurora, Region 3	KF009613
<i>Lutjanus fulvus</i>	Indonesia	MK256673
<i>Lutjanus malabaricus</i>	Philippines: Aurora, Region 3	KF009618
<i>Lutjanus erythropterus</i>	Indonesia	GU673841
<i>Lutjanus erythropterus</i>	Australia	GU673202
<i>Lutjanus erythropterus</i>	Malaysia	MG002616
<i>Pristipomoides multidens</i>	Australia: West Coast	MK092068
<i>Aphareus rutilans</i>	China	NC063973
<i>Aphareus rutilans</i>	China	ON152703

### Extraction, amplification, and sequencing

DNA extraction followed the instructions from the Geneaid gSYNCTM DNA extraction kit. Amplification of the cytochrome oxidase subunit I (COI) gene used a set of COI primers developed by Ward et al. (2005): F1 5'-TCA ACC AAC CAC AAA GAC ATT GGC AC-3' dan R1 5'-TAG ACT TCT GGG TGG CCA AAG AAT CA-3'. Polymerase Chain Reaction (PCR) mix Go Taq Green Master Mix consisted of Go Taq Green 25 µL, 1.5 µL DNA template, 19.5 µL nuclease-free water, and 5 µL primer. The thermal cycle setting was 95°C for 4 minutes during initial denaturation, followed by 35 cycles of denaturation at 95°C for 30 seconds, annealing at 54°C for 45 seconds, elongation at 72°C for 1 minute, post PCR at 72°C for 7 minutes. The amplification results were electrophoresed to visualize the presence of DNA in the PCR product. The purified PCR results were then sent to 1<sup>st</sup> BASE Sequencing Service Sdn. Bhd. (Malaysia) for sorting purposes.

### Data analysis

The DNA sequencing results were aligned and edited using MEGA X software. The sequence data were then matched with the database available online at the NCBI (National Center for Biotechnological Information) GenBank (www.ncbi.nlm.nih.gov). The BLAST (Basic Local Alignment Search Tool) method was used to assess the homology between the sequences from the study sample and the genetic data sequences stored in the GenBank (Toha et al. 2020). BLAST results were tabulated to show the identity of the study sample. Genetic distance analysis and phylogenetic tree reconstruction were carried out using the Neighbor-Joining Method, Kimura-2 parameter model and bootstrap value of 1000× with the help of MEGA X software.

## RESULTS AND DISCUSSION

### Morphological character analysis

The morphometric and meristic characteristics of the Lutjanidae red snappers found in this study are described in Table 2. The morphological identification results showed that nine species belonged to the genera *Lutjanus*, *Aphareus* and *Pristipomoides*. *Lutjanus vitta*, *L. decussatus*, *L. rufolineatus*, *L. malabaricus*, *L. erythropterus*, *L. ehrenbergii* and *L. fulvus* belong to the genus *Lutjanus*; *A. rutilans* come from the genus *Aphareus*; and *P. multidens* belongs to the genus *Pristipomoides*. The three species with maximum and minimum length and weight are *L. erythropterus* (Max. 49.5 cm - Min. 45 cm), *P. multidens* (Max. 48.8 cm - Min. 42 cm) and *L. malabaricus* (Max. 29 cm - Min. 52 cm). Other species include *L. erythropterus* (Max. 1986 g - Min. 1560 g), *P. multidens* (Max. 1380 g - Min. 804 g) and *L. malabaricus* (Max. 2611 g - Min. 378 g).

### Molecular identification

Molecular identification was conducted using the Basic Local Alignment Search Tool at the National Center for Biotechnology Information. Table 3 displays the results of molecular identification. The identification results indicate that the DNA sequences of the nine species share a high degree of similarity (99.68% to 100%) with the NCBI database.

### Genetic distance analysis

Genetic distance analysis was conducted using the Kimura-2 parameter method and resulted in variations in genetic distance between nine species of red snappers. The largest genetic distance was found between *L. fulvus* and *P. multidens*. Meanwhile, *L. vitta* and *L. ehrenbergii* were discovered to have the smallest genetic distance. A small genetic distance number indicates a high level of morphological similarity of the observed species (the smaller the distance, the higher the morphological similarity of the observed species and vice versa).

**Table 2.** The measurement of the morphometric and meristic characteristics of the Lutjanidae family

Species	Number of individuals	Min. length (cm)	Max. length (cm)	Min. weight (g)	Max. weight (g)	Pectoral fin	Dorsal fin	Dorsal rays	Anal spines	Anal rays	Caudal fin
<i>L. vitta</i>	3	22.6	27.3	137	300	14-16	IX-X	13-14	III	8-9	Emarginate
<i>L. rufolineatus</i>	3	22.7	25.9	252	312	16-17	XI	13	III	9	Emarginate
<i>L. malabaricus</i>	4	29	52	378	2611	16-17	XI	14-15	III	9-10	Truncate
<i>L. erythropterus</i>	6	45	49.5	1560	1986	16	XI	15-16	III	10	Truncate
<i>L. ehrenbergii</i>	8	17.7	22.3	89	200	14-15	IX-X	14	III	9	Truncate
<i>L. fulvus</i>	2	19	21.1	133	174	16	X	15	III	9	Emarginate
<i>L. decussatus</i>	2	17.8	17.9	96	102	16	X	14	III	9	Emarginate
<i>A. rutilans</i>	2	31	32.7	276	283	15-16	XII-XI	9-10	III	8	Forked
<i>P. multidentis</i>	2	42	49.8	804	1380	16	IX-X	11	III	8	Forked

**Table 3.** The BLAST species data at GenBank National Center for Biotechnology Information (NCBI)

Specimen code	Species	Query cover	Similarity	Accession
BKS06	<i>Lutjanus malabaricus</i>	99%	99.53%	KF009618
BKS36	<i>Lutjanus ehrenbergii</i>	97%	99.54%	KP194151
BKS47	<i>Lutjanus fulvus</i>	99%	99.68%	KF009613
BKS29	<i>Lutjanus vitta</i>	99%	99.84%	NC042930
BKS07	<i>Lutjanus erythropterus</i>	97%	100%	GU673202
BKS12	<i>Lutjanus rufolineatus</i>	97%	100%	MN870075
BKS17	<i>Lutjanus decussatus</i>	96%	99.84%	MN870144
BKS18	<i>Aphareus rutilans</i>	100%	99.53%	KF009564
BKS21	<i>Pristipomoides multidentis</i>	99%	99.84%	KF430626

**Table 4.** Genetic distance among collected red snappers of the Lutjanidae family

	<i>L. vitta</i>	<i>L. rufolineatus</i>	<i>L. fulvus</i>	<i>L. erythropterus</i>	<i>L. ehrenbergii</i>	<i>L. malabaricus</i>	<i>L. decussatus</i>	<i>A. rutilans</i>
BKS29_ <i>L. vitta</i>								
BKS23_ <i>L. rufolineatus</i>	0.115							
BKS47_ <i>L. fulvus</i>	0.122	0.090						
BKS07_ <i>L. erythropterus</i>	0.192	0.161	0.167					
BKS36_ <i>L. ehrenbergii</i>	0.086	0.121	0.129	0.179				
BKS06_ <i>L. malabaricus</i>	0.178	0.166	0.172	0.113	0.149			
BKS17_ <i>L. decussatus</i>	0.082	0.125	0.125	0.165	0.097	0.176		
BKS18_ <i>A. rutilans</i>	0.174	0.172	0.173	0.160	0.171	0.170	0.175	
BKS21_ <i>P. multidentis</i>	0.182	0.193	0.205	0.187	0.193	0.201	0.180	0.129

### Phylogenetic analysis

Reconstruction of the phylogenetic tree was conducted using the Neighbor-Joining Method, Kimura-2 parameter model and bootstrap value of 1000× with the help of MEGA X software. The phylogenetic tree shows the genetic relationships and evolutionary history between species or taxa based on current molecular data (Jarvis et al. 2017). The phylogeny tree was constructed from the nine individual sequences obtained from this study and sixteen individual sequences from the GenBank (Table 1). We added sixteen individual DNA sequences from various countries to strengthen the position of the sequences obtained in this study.

### Discussion

#### Morphological characteristics

This study discovered members of the genus *Lutjanus* with small to large bodies. Species in the genus *Lutjanus*

have an oval and deep bodies (Allen 1985). They are also slender and fusiform in shape (Allen 1985). Species belonging to the genus *Lutjanus* have a continuous dorsal fin with a tiny incision between the thorny and soft parts (Allen 1985). The red snappers vary in appearance, typically having a reddish, yellow, gray, or brown background with a darker pattern of stripes or stems and are frequently distinguished by a huge blackish spot on the upper side beneath the dorsal fin. Some species, including *L. vitta*, *L. decussatus*, *L. ehrenbergii*, and *L. rufolineatus*, have black spots and stripes on their bodies. *Lutjanus vitta* is defined morphologically by diagonal lines above and horizontal lines below the lateral line. From the eye to the tail fin, a brownish-yellow stripe is present on this species. Moreover, *L. decussatus* is defined morphologically by the presence of eight bands and a big black patch at the base of the caudal fin. *Lutjanus ehrenbergii* is distinguished morphologically by the presence of three to four horizontal



lines of variable width on the underside of the scales and a prominent black spot under the dorsal fin. *Lutjanus rufolineatus* is distinguished by the presence of 7-8 yellow horizontal stripes. In this study, we did not see any black spots and horizontal and vertical stripes in *L. fulvus*, *L. malabaricus* or *L. erythropterus*. The number of pectoral fin soft spines in the *Lutjanus* genus varies between 14-17, while the number of dorsal fin spines ranges between IX-XI and 13-14 soft spines. All species had the same number of hard spines on the anal fin, namely III, and 8-10 soft spines. Each member of the genus *Lutjanus* has a truncated and emarginate tail.

Those of the genus *Lutjanus* have a distinct body form than members of the genus *Aphareus*. Red snappers belonging to the genus *Aphareus* have an elongated and fusiform body (Allen 1985). *Aphareus rutilans* is one of the *Aphareus* species identified in this research. In addition to its body shape, *A. rutilans* lacks canines and vomerine teeth, unlike members of the genus *Lutjanus*. *Aphareus rutilans* has little teeth in its jaws. The *Aphareus* genus has a forked tail, in contrast to the *Lutjanus* genus, which has a tail that is between emarginate and truncate. *Aphareus rutilans* has a continuous dorsal fin with no grooves between the hard and soft spiny sections. The final dorsal and anal fins are stretched out.

The body of *Pristipomoides* species is comparable to that of *Aphareus* species. This study recognized *P. multidentis* as one of the species from the genus *Pristipomoides*. *Pristipomoides multidentis* and *A. rutilans* have continuous dorsal fins with no grooves between the hard and soft spines. Both species possess prolonged dorsal and anal fin rays in addition to a tail fork. *Pristipomoides multidentis* possesses canines and vomerine teeth on the front of its jaw.

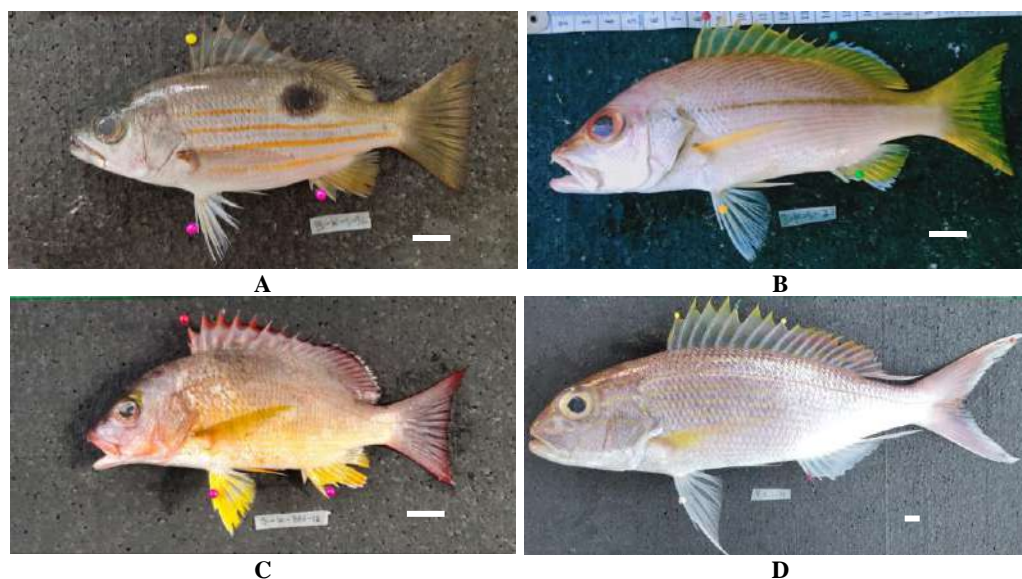
The above description demonstrates that distinct morphological traits identify species from the genera *Lutjanus*, *Aphareus*, and *Protipomoides*, as well as species within the same genus. Nevertheless, the species of the

three genera share similar meristic traits. Molecular analysis can clarify the species-level differentiation of these fish groups.

#### *Morphology molecular agreement in genetic distance*

Our current findings show that the two species of red snappers, *L. ehrenbergii* and *L. vitta*, have the smallest genetic distance value (0.086). A small genetic distance value suggests that two species share a close genetic kinship. Our findings indicate that the two species share a similar ancestor. There is a horizontal line on the body of both species, with a huge black spot on the body of *L. ehrenbergii* and a large yellow spot on the underside of the soft dorsal fin of *L. vitta*. Indentations exist between the hard and soft spiny portions of each species. The shape and number of spines on the anal fins of both species are likewise similar (Figure 2).

The farthest genetic distance (0.205) was found between *L. fulvus* and *P. multidentis*. In this study, a high genetic distance score suggests a significant difference between physical traits. This is demonstrated by the morphological differences between *L. fulvus* and *P. multidentis*. *Pristipomoides multidentis* has a moderately extended body shape, whereas *L. fulvus* has an oval body that ranges from relatively deep to thin and fusiform in shape. *Pristipomoides multidentis* possesses a continuous dorsal fin with no grooves separating the hard and soft spines. Both the dorsal and anal fins are stretched out. In contrast, *L. fulvus* has a small incision between the thorny and soft parts of the dorsal fin. In addition, *L. fulvus* has an emarginate tail, while *P. multidentis* has a forked tail. *Lutjanus fulvus* has a reddish-yellow body color and yellow spots on the tops of its eyes, but *P. multidentis* has a yellowish to pale pink body color. There are five or six golden dashed lines found on the body of *P. multidentis*. The species also has a pair of gold and blue stripes on its snout and cheeks.

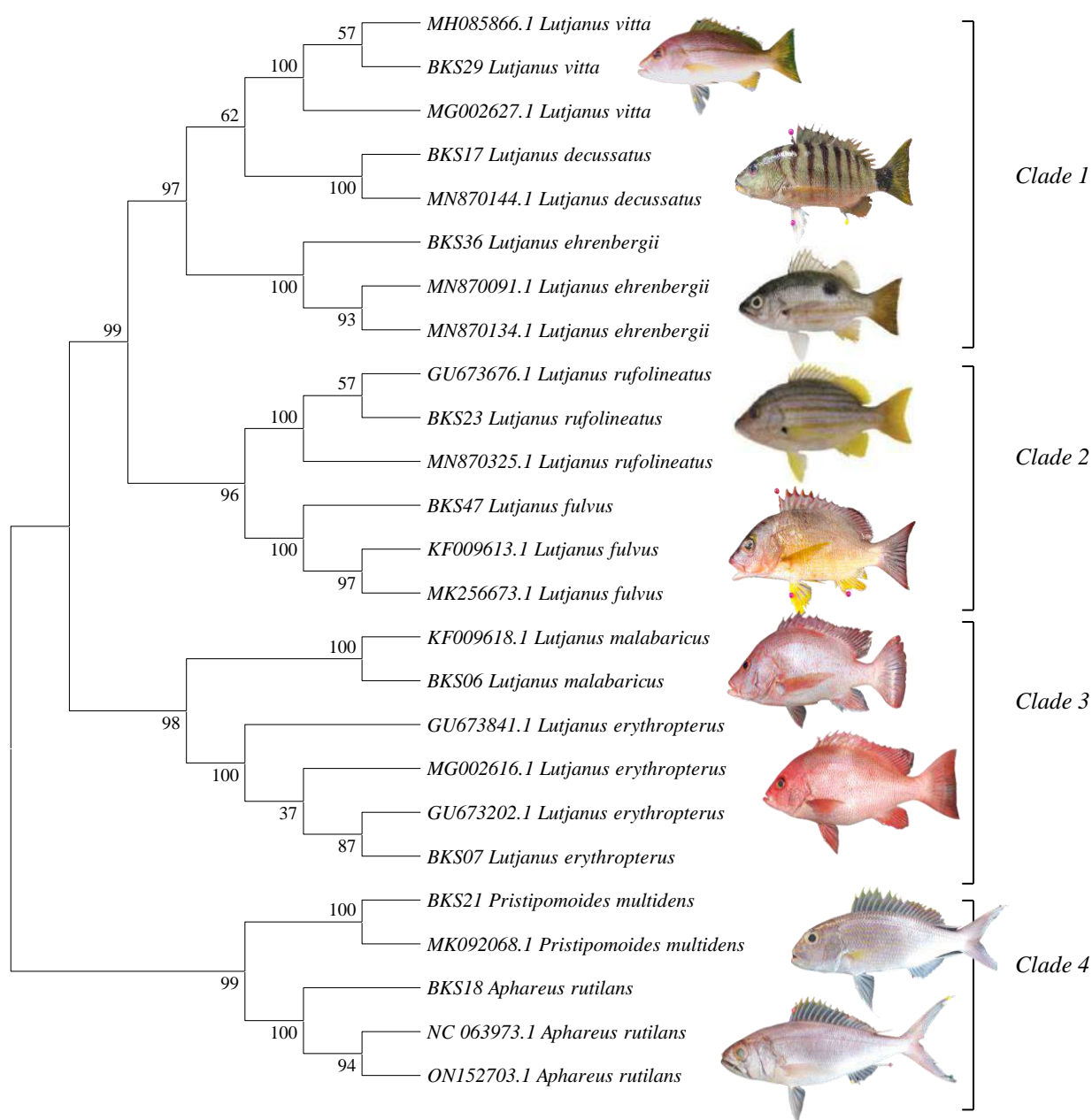


**Figure 2.** Comparison of morphological characters of some Lutjanidae species. A. *Lutjanus ehrenbergii*, B. *Lutjanus vitta*, C. *Lutjanus fulvus*, D. *Pristipomoides multidentis*. Bar = 2 cm.

**Table 5.** Maximum size, optimal harvest size and first gonadal maturity of the Lutjanidae family

Species	Lmax	Lopt	Lmat	Wmat	Reference
<i>Lutjanus malabaricus</i>	54	39	29	1822	Mous et al. (2021)
<i>Lutjanus erythropterus</i>	70	50	37	773	
<i>Lutjanus vitta</i>	43	31	23	174	
<i>Aphareus rutilans</i>	120	85	64	2129	
<i>Pristipomoides multidens</i>	92	66	49	1356	
<i>Lutjanus fulvus</i>	40	-	21.45	-	Hassana et al. (2022)
	-	-	22.5 (FL)	-	Shimose and Nanami (2014)
<i>Lutjanus rufolineatus</i>	-	-	14.6-18.1 (FL)	-	Taylor et al. (2018)
<i>Lutjanus ehrenbergii</i>	35	-	20.1	-	Allen (1985)
<i>Lutjanus decussatus</i>	35	-	-	-	

Note: Lmax: maximum attainable total length at Indonesian latitudes; Lmat: Length at maturation (cm); Lopt: Optimum Harvest Size (cm); Wmat: Weight at maturation (gram); FL: Fork Length

**Figure 3.** Evolutionary relationships of taxa Lutjanidae in Yapen Regency (Research Sample Code namely: BKS29, BKS17, BKS36, BKS23, BKS47, BKS06, BKS07, BKS21 and BKS18)

### Phylogenetic tree

The phylogenetic analysis in this study resulted in four main clades, these clades have bootstrap values ranging from 96-99% (Figure 3). The first, second, and third clades are members of the genus *Lutjanus*, whilst the fourth clade is composed of members from the genera *Pristipomoides* and *Aphareus*. Each clade consists of descendants of a common ancestor. In our investigation, *L. vitta*, *L. decussatus*, and *L. ehrenbergii* formed the first clade. All three species are descended from a common ancestor. The three species share the same physical characteristics, which include an oval body shape and a slim build. These species have similar canines and body spots. The second clade is composed of the species *L. fulvus* and *L. rufolineatus*. Both share a common ancestor. The two species possess an oval body shape; nevertheless, their body depth is greater than that of the species in the first group. *Lutjanus malabaricus* and *L. erythropterus* constitute the third clade. Both species have the same lineage and comparable morphologies. The discovered individuals can be differentiated by the shape of their snouts.

The Neighbor-Joining method for constructing the phylogenetic tree can boost the results of the genetic distance analysis. *Lutjanus ehrenbergii* and *L. vitta* have the smallest genetic distance value, forming a paraphyletic clade with a bootstrap value of 97%. *Lutjanus fulvus* and *P. multidentis*, which generated polyphyletic tree branches, were discovered to have the highest genetic distance value. We did not find any new variation after several sequences from GenBank were combined in the phylogenetic analysis.

### Implications of molecular analysis for fisheries resource management

The paradigm shifts in fisheries resource management, from traditional species-based management to the Approach to Fisheries Management Ecosystem (AFME) (Staples et al. 2014; Hutubessy and Mosse 2015), do not eliminate the importance of understanding the characteristics of the managed resource species. It is believed that disregard for species-level resource characteristics has slowed the application of AFME in fisheries resource management (Howell et al. 2021). The significance of species-level characteristics in fish management lies in the fact that each fish species responds differently to the applied management intervention. For instance, the reaction to fishing efforts influences catches size variations.

Reef fish, especially Red Snappers, are the dominant species of fish captured by fishers in Yapen waters. Red snappers, particularly *L. malabaricus*, *L. erythropterus*, and *P. multidentis*, have substantial economic value. To satisfy local market demand, intense fishing is conducted. The information on the size structure of each individual fish is vital for fish management in Yapen seas, among other places. Table 5 indicates the optimal size for capturing *L. malabaricus* and *L. erythropterus*. In the meantime, the size of the captured *P. multidentis* individuals did not meet the optimal harvest size, possibly due to their immature gonads.

*Lutjanus rufolineatus* individuals caught in this study had reached the second stage of gonadal maturity. Some *L. ehrenbergii* individuals had reached the first stage of gonadal maturity, whereas others had not. In the meantime, the size of captured *L. vitta*, *L. fulvus*, and *A. rutilans* had not yet reached the size of the fish to attain gonadal maturity. This finding cannot be inferred with certainty, however, because the size of the fish that initially experienced gonadal maturation is affected by changes in environmental factors. Excessive and indiscriminate fishing can reduce the size of fish in the wild.

Another impact of overfishing is the loss of biodiversity, both at the species and molecular levels. Our research provides basic information about the types of red snappers traded in the local market. This information can be used as a database for the presence of red snapper species in Yapen waters. We identified red snappers using morphological and molecular analysis approaches, so the results were perfectly accurate. Combining morphological and molecular approaches can reduce taxonomic ambiguity in observed species (Dwifajri et al. 2022). The combination of the two approaches is very much needed because of the high morphological similarity between red snapper species within one genus and between genera.

Data on taxonomic certainty can be used to create maps of species biodiversity, identify species with the potential for aquaculture development and high economic value, and formulate legislative protection strategies for endangered species. Currently, the central government has established a fully exploited status for Red Snapper fishing in the waters of Cenderawasih Bay, including Yapen Island and its surroundings. This status is solely granted to red snappers in general, but the Indo-West Pacific is home to forty-three species of red snappers. Alternatively, distinct species may have varying susceptibilities to capture. Consequently, conservation must occur not only at the family or genus level but also at the species level. According to the above description, the success of fishery resource management depends on information on the target species. To accurately determine the characteristics of a species, phylogenetic studies using a molecular method are necessary to trace species.

### ACKNOWLEDGEMENTS

We would like to thank the Ministry of Education, Culture, Research and Technology for funding this study through a research scheme with DIPA Directorate of Research, Technology and Community Service Directorate General of Higher Education, Research and Technology Ministry of Education, Culture, Research and Technology. Research contract No. 235/E5/PG/02.00.PT/2022 (May 30, 2022) and derivative contract No. 190.c/UN42.15/PG/2022 (June 7, 2022).

### REFERENCES

- Allen GR. 1985. FAO Species Catalogue. Vol. 6, Snappers of the world. An Annotated and Illustrated Catalogue of Lutjanid Species Known to Date. FAO Fish Synop, Rome.

- Allen GR, White WT, Erdmann MV. 2013. Two new species of snappers (Pisces: Lutjanidae: *Lutjanus*) from the Indo-West Pacific. *J Ocean Sci Found* 6: 33-51. DOI: 10.5281/zenodo.1036813.
- Bakar AA, Adamson EAS, Juliana LH, Mohd SAN, Wei-Jen C, Man A, Naim MdD. 2018. DNA barcoding of Malaysian commercial snapper reveals an unrecognized species of the yellow-lined *Lutjanus* (Pisces: Lutjanidae). *Plos One* 13 (9): e0202945. DOI: 10.1371/journal.pone.0202945.
- Chan AHE, Chaisiri K, Saralamba S, Morand S, Thaenkham U. 2021. Assessing the suitability of mitochondrial and nuclear DNA genetic markers for molecular systematics and species identification of helminths. *Parasites Vectors* 14 (1): 233. DOI: 10.1186/s13071-021-04737-y.
- Dwifajri S, Tapilatu RF, Pranata B, Kusuma AB. 2022. Molecular phylogeny of grouper of *Epinephelus* genus in Jayapura, Papua, Indonesia inferred from Cytochrome Oxidase I (COI) gene. *Biodiversitas* 23 (3): 1449-1456. DOI: 10.13057/biodiv/d230332.
- Fadli N, Mohd-Nor SA, Othman AS, Sofyan H, Muchlisin ZA. 2020. DNA barcoding of commercially important reef fishes in Weh Island, Aceh, Indonesia. *PeerJ* 8: e9641. DOI: 10.7717/peerj.9641.
- Gold JR, Willis SC, Renshaw MA, Buentello A, Walker JrHJ, Puritz JB, Hollenbeck CM, Voelker G. 2015. Phylogenetic relationships of tropical eastern Pacific snappers (Lutjanidae) inferred from mitochondrial DNA sequences. *Syst Biodivers* 13 (6): 596-607. DOI: 10.1080/14722000.2015.1078857.
- Grover A, Sharma PC. 2016. Development and use of molecular markers: past and present. *Cri: Rev Biotechnol* 36 (2): 290-302. DOI: 10.3109/07388551.2014.959891.
- Gupta A, Bhardwaj A, Supriya, Sharma P, Pal Y, Mamta, Kumar S. 2015. Mitochondrial DNA- a tool for phylogenetic and biodiversity search in Equines. *J Biodivers Endanger Species S1: S1.006*. DOI: 10.4172/2332-2543.S1-006.
- Halim LJ, Rahim I, Mahboob S, Al-Ghanim KA, Amat A, Naim DMd. 2022. Phylogenetic relationships of the commercial red snapper (*Lutjanidae* sp.) from three marine regions. *J King Saud Univ Sci* 34: 101756. DOI: 10.1016/j.jksus.2021.101756.
- Hassana HU, Mawac Z, Ahmadd N, Zulfiqare T, Sohailf M, Ahmadg H, Yaqoobg H, Bilalh M, Rahmanc MA, Ullahi N, Hossainc MY, Habibj A, Araik T. 2022. Size at sexual maturity estimation for 36 species captured by bottom and mid-water trawls from the marine habitat of Balochistan and Sindh in the Arabian Sea, Pakistan, using maximum length (Lmax) and logistic (L50) models. *Braz J Biol* 84: e262603. DOI: 10.1590/1519-6984.262603.
- Heino M. 2014. Quantitative traits. In: Cadrin SX, Karr LA, Mariani S (eds). *Stock Identification Methods: Applications in Fishery Science*. Academic Press, London, UK.
- Howell D, AM Schueller AM, JW Bentley JW, Buchheister A, Chagaris D, Cieri M, Drew K, Lundy MG, Pedreschi D, Reid DG, Townsend H. 2021. Combining ecosystem and single-species modeling to provide ecosystem-based fisheries management advice within current management systems. *Front Mar Sci* 7: 607831. DOI: 10.3389/fmars.2020.607831.
- Hutubessy BG, Mosse JW. 2015. Ecosystem approach to fisheries management in Indonesia: Review on indicators and reference values. *Proc Environ Sci* 23: 148-156. DOI: 10.1016/j.proenv.2015.01.023.
- Iwatsuki Y, Tanaka F, Allen GR. 2015. *Lutjanus xanthopinnis*, a new species of snapper (Pisces: Lutjanidae) from the Indo-west Pacific, with a redescription of *Lutjanus madras* (Valenciennes 1831). *J Ocean Sci Found* 17: 23-42. DOI: 10.5281/zenodo.1051774.
- Jarvis PD, Holland BR, Sumner JG. 2017. Phylogenetic invariants and markov invariants. *Refer Mod Life Sci* 2017: 112867. DOI: 10.1016/B978-0-12-809633-8.06903-X.
- Mous PJ, Gede WBI, Pet JS. 2021. Guide to Length-based Assessments of Fisheries Targeting Snappers, Groupers and Emperors in Indonesia, with Size Composition of Sampled Fish. Yayasan Konservasi Alam Nusantara and People and Nature Consulting, Jakarta, Indonesia.
- Moore B, Colas B. 2016. Identification Guide to The Common Coastal Food Fishes of the Pacific Island Region. Pacific Community, Noumea, New Caledonia.
- Patwardhan A, Ray S, Roy A. 2014. Molecular markers in phylogenetic studies-A review. *J Phylogen Evol Biol* 2: 131. DOI: 10.4172/2329-9002.1000131.
- Pentinsaari M, Salmela H, Mutanen M, Roslin T. 2016. Molecular evolution of a widely-adopted taxonomic marker (COI) across the animal tree of life. *Sci Rep* 6: 35275. DOI: 10.1038/srep35275.
- Pei N, Chen B, Kress WJ. 2017. Advances of community-level plant DNA barcoding in China. *Front Plant Sci* 8: 225. DOI: 10.3389/fpls.2017.00225.
- Ramos LM, Chazot N, Sihvonen P, Ounap E, Jiang N, Han H, Clarke JT, Davis RB, Tammaru T, Wahlberg N. 2021. Molecular phylogeny, classification, biogeography and diversification patterns of a diverse group of moths (Geometridae: Boarmiini). *Mol Phylogenet Evol* 162: 107198. DOI: 10.1016/j.ympev.2021.107198.
- Shan B, Liu Y, Yang C, Zhao Y, Zhang G, Wu Q, Sun D. 2021. DNA barcoding of fish in mischief reef-fish diversity of a reef Fish Community from Nansha Islands. *Front Mar Sci* 7: 618954. DOI: 10.3389/fmars.2020.618954.
- Shuai F, Yu S, Lek S, Li X. 2018. Habitat effects on intra-species variation in functional morphology: Evidence from freshwater fish. *Ecol Evol* 8: 10902-10913. DOI: 10.1002/ece3.4555.
- Shimose T, Nanami A. 2014. Age, growth and reproductive biology of blacktail snapper, *Lutjanus fulvus*, around the Yaeyama Islands, Okinawa, Japan. *Ichthyol Res* 61 (4): 322-331. DOI: 10.1007/s10228-014-0401-3.
- Staples D, Brainard R, Capezzuoli S, Funge-Smith S, Grose C, Heenan A, Hermes R, Maurin P, Moews M, O'Brien C, Pomeroy R. 2014. Essential EAFM. Ecosystem Approach to Fisheries Management Training Course. FAO Regional Office for Asia and the Pacific, RAP Publication, Bangkok, Thailand.
- Souza AS, Dias JEA, Perez MF, Cioffi MB, Bertollo LAC, Garcia-Machado E, Vallinoto MNS, Galetti PM Jr, Molina WF. 2019. Phylogeography and historical demography of two sympatric atlantic snappers: *Lutjanus analis* and *L. jocu*. *Front Mar Sci* 6: 545. DOI: 10.3389/fmars.2019.00545.
- Taylor BM, Oyafuso ZS, Pardee CB, Ochavillo D, Newman SJ. 2018. Comparative demography of commercially-harvested snappers and an emperor from American Samoa. *PeerJ* 6: e5069. DOI: 10.7717/peerj.5069.
- Toha AHA, Dailami M, Anwar S, Setiawan JB, Jentewo Y, Lapadi I, Sutanto S, Aryasari R, Ambariyanto, Runtuboi F, Madduppa H. 2020. The genetic relationships and Indo-Pacific connectivity of whale sharks (*Rhincodon typus*) with particular reference to mitochondrial COI gene sequences from Cendrawasih Bay, Papua, Indonesia. *Biodiversitas* 21 (5): 2159-2171. DOI: 10.13057/biodiv/d210544.
- Ward RD, Zemlak TS, Bronwyn HI, Peter RL, Hebert PDN. 2005. DNA barcoding Australia's fish species. *Philos Trans Royal Soc Biol Sci* 360 (1462): 1847-57. DOI: 10.1098/rstb.2005.1716.
- White WT, Last PR, Dharmadi, Faizah R, Chodrijah U, Prisantoso BI, Pogonoski JJ, Puckridge M, Blaber SJM. 2013. Market Fishes of Indonesia (Jenis-jenis ikan di Indonesia). Australian Centre for International Agricultural Research (ACIAR), Canberra.
- Zou Z, Zhang J. 2016. Morphological and molecular convergences in mammalian phylogenetics. *Nat Commun* 7: 12758. DOI: 10.1038/ncomms12758.



## Morphometrics Diversity and Phenotypic Relationship of the Red Snapper (*Lutjanus gibbus*) in Northern Papua Waters

Ridwan Sala<sup>1</sup>, Aradea Bujana Kusuma<sup>1</sup>, Surianto Bataradewa<sup>2</sup>, Bayu Pranata<sup>3,\*</sup>

<sup>1</sup>Department of Marine Science, Faculty of Fisheries and Marine Sciences, University of Papua, Jl. Gunung Salju Amban, Manokwari 98312, Indonesia

<sup>2</sup>Department of Mathematics and Statistics, Faculty of Math and Science, University of Papua, Jl. Gunung Salju Amban, Manokwari 98312, Indonesia

<sup>3</sup>Department of Fishery, Faculty of Fisheries and Marine Sciences, University of Papua, Jl. Gunung Salju Amban, Manokwari 98312, Indonesia

\*Corresponding Author: [b.pranata@unipa.ac.id](mailto:b.pranata@unipa.ac.id)

### ARTICLE INFO

#### Article History:

Received: Oct. 14, 2022

Accepted: Oct. 21, 2022

Online: Oct. 29, 2022

#### Keywords:

Lutjanidae,  
Morphological,  
*Lutjanus gibbus*,  
Northern Papua Waters

### ABSTRACT

Morphometric and meristic studies can be used to identify stocks and relationships between populations of fish resources. *Lutjanus gibbus* is a fish species commonly found in the waters of northern Papua and is one of the fishery commodities targeted by fishermen other than groupers. In this study, the morphometric and meristic characteristics of *L. gibbus* snapper from several locations in the northern Papua Seas were addressed. The study was conducted in June and July 2022. One hundred and six fish individuals of the *L. gibbus* species were examined using cluster, Pearson correlation, and Principal Component Analysis (PCA). The findings demonstrated a substantial correlation between these species' morphometric traits, particularly regarding the relationship between total length and standard length (0.960) of the fishes' bodies. According to PCA analysis, total length, standard length, and distance between the ventral fin and the end of fin origin are the three most important morphometric features. Meristic traits like anal-fin spine and anal-fin soft ray exhibit stable numbers across all populations, but other morphometric traits show significant individual variation. According to the results of Pearson Correlation analysis and dendrogram reconstruction, the populations of *L. gibbus* in the waters off northern Papua had a strong correlation and a high degree of morphometric similarity. Character relationships and a high degree of similarity indicate that there is no morphometric structure formed between populations.

### INTRODUCTION

Red snappers are distributed throughout the subtropical and tropical waters of the Indo-West Pacific, from Australia to southern Japan and Korea (Randall *et al.*, 2003). According to Allen *et al.* (2013), the Indo-West Pacific is the habitat of forty-three species of snappers (Lutjanidae), one of which is the *Lutjanus gibbus* species. Fishermen in the waters of northern Papua regard *L. gibbus* as one of their primary targets.

Red snappers in these waters are exposed to the pressure of catching. Based on the Decree of the Minister of Maritime Affairs and Fisheries of the Republic of Indonesia Number 19/KEPMEN-KP/2022, the coral fisheries resources, including snapper (*Lutjanus*) in the Fisheries Management Area of the Republic of Indonesia (FMA-RI) 717 which includes the waters of northern Papua, and its surroundings have been declared as fully exploited. Remarkably, the level of physical and genetic diversity of fishes in the area can be affected by overfishing.

In order to sustain fish stock in the FMA-RI 717, it requires a proper management by taking into account the characteristics of the stock or stock structure, where different stocks require different management treatments. An understanding of stock structure is highly significant in managing biological resources in a sustainable manner (**Izzo *et al.*, 2017; Zhang *et al.*, 2021**). Whereas, the lack of understanding of stock structures can lead to inaccurate determination of managed stock units and biased stock assessments (**Reiss *et al.*, 2009**).

The issue that arises in the management of the *L. gibbus* snapper species in the northern waters of Papua which is part of WPPNRI 717 is the extent of the management area, which includes the Cenderawasih Bay and the Pacific Ocean (based on the regulation issued by the Minister of Maritime Affairs and Fisheries of the Republic of Indonesia No. 18/Permen-KP/2014), stretching from the northern waters of North Maluku to Papua. This raises the following question: does the stock structure of *L. gibbus* species in these waters consist of a single stock or is it a group of stocks? There are almost or no answers to questions related to the stock structure, especially through scientific research activities.

Various methods have been used in the analysis or delineation of the stock structure, as summarized by **Zhang *et al.* (2021)**, including demographic, phenotypic, natural markers and applied marks. Specifically, the phenotypic method has been widely used, among others, considering morphometric and meristic body and otoliths (**Nama *et al.*, 2022**).

Morphological analysis offers useful information regarding population structure and can be utilized as a technique for species identification (**Rawat *et al.*, 2017**). For taxonomy studies, the analysis of statistical relationships between these features and the morphometric and meristic data are crucial (**Narejo, 2010**). To determine whether a species in two or more populations has morphological differences, morphological characteristics made up of morphometric and meristic information can be used.

Environmental and genetic factors can contribute to differences in physical characteristics. **Heino (2014)** explains that the morphological character of a living thing can vary when it lives in unique and different environmental conditions. Fish typically exhibit more variety in physical features both within and between groups (**Brraich & Akhter, 2015**). Fish morphological changes are a type of environmental adaptation (**Hossain *et al.*, 2010**).

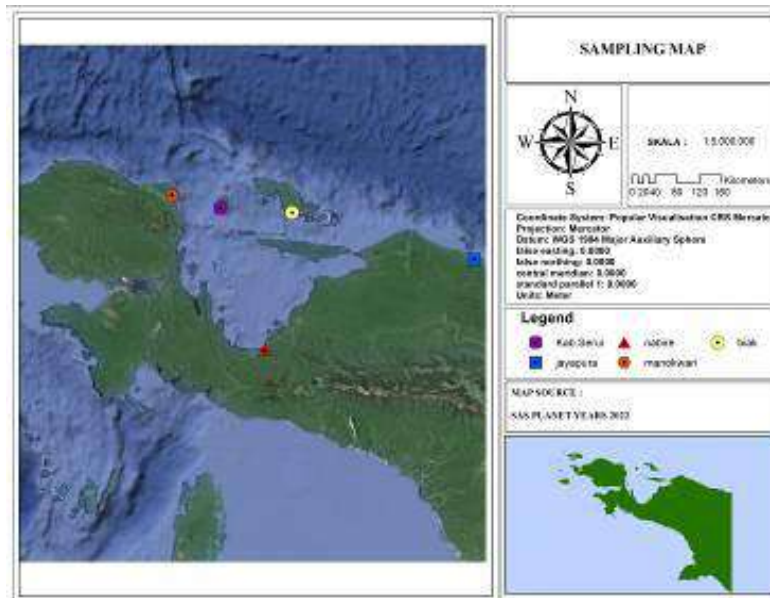
The most straightforward and accurate method of identifying specimens is known as morphological systematics, which involves measuring morphometric and meristic characteristics (Nayman 1965). Stocks of numerous fish species have been described using morphometric and meristic characteristics (Brraich & Akhter, 2015; Soliman *et al.*, 2018; Gonzalez-Martinez *et al.*, 2020; Soliman *et al.*, 2020; Awad *et al.*, 2022).

Identification of the stock of *L. gibbus* snappers in northern Papua waters can provide information about the relationship between populations. This information can be beneficial for the management of *L. gibbus* resources. In this study, *L. gibbus* snappers from various locations in northern Papua waters were compared for their morphometric and meristic characteristics.

## MATERIALS AND METHODS

### Study area

The current study was carried out in June and July 2022 in the northern Papua waters, including the waters of Manokwari, Numfor, Biak, Nabire and Jayapura. Fig. (1) presents the study areas.



**Fig. 1.** A map showing the sampling locations of snapper in the northern waters of Papua

### Sampling methods

Snapper samples were obtained from fish markets, fishing areas and fish landings. The total number of fish individuals sampled from the areas was 106. Table (1) lists the number of samples collected from each site.

**Table 1.** Number of samples collected from each study area

No.	Location	Number of samples
1.	Manokwari Waters	30
2.	Numfor Waters	33
3.	Biak Waters	31
4.	Nabire Waters	7
5.	Jayapura Waters	5
<b>Total</b>		<b>106</b>

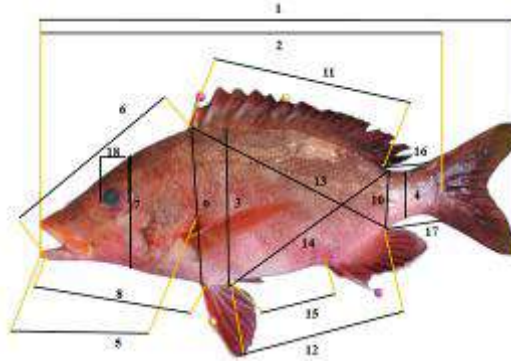
### Morphometric and meristic analysis

The morphometric characteristics were determined following the method of **Soliman *et al.* (2018)**, while the meristic characteristics were assessed using the steps of **Awad *et al.* (2022)**. Digital calipers were used to measure each sample to obtain the morphometric and meristic data. Table (2) displays the morphometric and meristic variables measured in each fish sample.

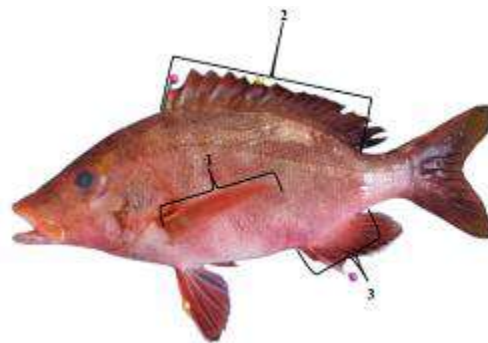
**Table 2.** Morphometric and meristic variables (**Soliman *et al.*, 2018; Awad *et al.*, 2022**)

No.	Name	Description
<b>Morphometric measurements</b>		
1	TL	Total length
2	SL	Standard length
3	BD	Body depth
4	CPD	Caudal peduncle depth
5	HL	Head length
6	PRDFL	Predorsal fin length
7	HD	Head depth
8	PRDFL	Preventral fin length
9	VDOL	Distance between ventral and dorsal fins origin
10	ADFEL	Distance between anal and dorsal fin ends
11	DFBL	Dorsal fin base length
12	VOAEFL	Distance between the ventral fin origin and the end of anal fin
13	SPDAEFL	Distance between the first spine of the dorsal fin & the end of anal fin
14	DEVOFL	Distance between dorsal fin end and ventral fin origin
15	VEADFL	Distance between the ventral fin and the end of fin origin
16	DEDCF	Distance between dorsal fin end and dorsal caudal fin origin
17	AEVCFL	Distance between anal fin end and ventral caudal fin origin
18	ED	Eye diameter
<b>Meristic Characters</b>		
1	PF	Number of soft fin rays on pectoral fin (Written Arabic: 1 2 3 4)
2	DF	Number of spines on dorsal fin (Written in Roman: I, II, III, IV)
	DR	Number of soft fin rays on dorsal fin (Written Arabic: 1 2 3 4)
3	AF	Number of hard fin rays on the anal fin (Written in Roman: I, II, III, IV)
	AR	The number of soft fin rays on the anal fin (Written Arabic: 1 2 3 4)





**Fig. 2.** Morphometric measurements recorded for *L. gibbus*, modified from **Soliman *et al.* (2018)**



**Fig. 3.** Meristic measurements determined for *L. gibbus*, modified from **Awad *et al.* (2022)**

### Data analysis

A statistical study was conducted to determine the correlation between the morphometric characteristics of the *L. gibbus* population at various research sites. For the sampled fish, 18 morphometric characteristics and 5 meristic characteristics were analyzed. Pearson's test of correlation was utilized to determine the relationship between morphometric variables (**Bailey *et al.*, 2021**). Using cluster analysis, the similarity of the morphometric features created was determined (**Zamroni *et al.*, 2021**). Principal component analysis (PCA) was used to identify the morphometric characteristics that are most helpful in separating populations (**Aryani *et al.*, 2013**; **Bal *et al.*, 2021**).

## RESULTS

### Description of *Lutjanus gibbus* morphometric

The *L. gibbus* species from Nabire recorded the highest mean score for all morphometric characters, while the *L. gibbus* species from Jayapura had the lowest mean score (Table 3). Total length in the Numfor population showed the biggest standard deviation (3.854), whereas the distance between the anal fin end and ventral caudal fin

origin in the Jayapura population had the lowest standard deviation (0%). The average length of *L. gibbus* was between 19.4 and 28.3 centimeters. The Nabire population had the heaviest *L. gibbus*, while the Jayapura population had the lightest snapper (Table 4).

### Phenotypic relationships between *L. gibbus* populations

Pearson correlation analysis between populations showed that *L. gibbus* species had a very strong relationship or positive correlation in morphometric characters (Table 8). In general, *L. gibbus* species from five research sites had a strong association, with a coefficient ranging between 0.996 and 0.1.

**Table 3.** Descriptive analysis on morphometric diversity of red snapper *L. gibbus* in the northern Papua waters

Morphometric characters	Biak (n = 31)		Jayapura (n = 5)		Manokwari (n=30)		Nabire (n=7)		Numfor (n=33)	
	Mea n	SD	Mea n	SD	Mea n	SD	Mea n	SD	Mea n	SD
TL	24.55	2.548	19.48	1.879	25.37	2.313	28.3	2.125	24.46	3.854
SL	19.69	2.142	16.38	0.976	20.27	1.752	21.8	1.39	19.68	2.936
BD	7.85	1.036	6.98	0.606	8.38	0.827	9.39	0.855	8.06	1.175
CPD	2.27	0.288 3	1.92	0.192 4	2.52	0.454 4	2.58	0.177 3	2.47	0.387
HL	7.38	0.802	5.74	0.532	7.62	1.295	8.42	0.692	7.49	1.303
PRDFL	8.25	0.857	6,5	0.442	8.83	1.026	9.41	1.011	8.77	1.519
HD	5.12	0.77	5.18	0.164 3	6.26	0.754	6.14	0.6	6.25	1.076
PRvDFL	7.58	0.848	6.32	0.54	7.79	0.769	8.51	0.538	7.67	1.061
VDOL	7.96	1.028	6.92	0.576	8.35	0.906	9.23	0.859	7.97	1.308
ADFEL	3.21	0.419 9	2.88	0.164 3	3.52	0.439 6	3.52	0.227	3.32	0.589
DFBL	9.99	1.127	8.44	0.862	10.53	0.837	11.23	1.038	10.23	1.361
VOAEFL	8.57	1.054	6.92	0.683	8.54	0.806	9	0.648	8.35	1.195
SPDAEFL	11.01	1.302	9.26	0.654	11.49	0.985	12.35	0.835	11.09	1.51
DEVOFL	10.28	1.18	8.78	0.968	10.56	1.014	11.21	0.629	10.18	1.456
VEADFL	4.99	1.37	4.68	1.41	4.56	0.512 6	5.04	0.787	4.43	0.702
DEDCF	2.28	0.397	2.4	0.255	2.31	0.482 1	2.45	0.284	2.22	0.332 8
AEVCFL	3.04	0.472 5	3	0	3.09	0.548	3.08	0.085	2.78	0.858
ED	1.73	0.233 2	1.58	0.164 3	1.89	0.280 8	1.9	0.223 6	1.88	0.245 1

Note: SD (Standard Deviation)

**Table 4.** Average, minimum, and maximum weight of the *L. gibbus* species in northern Papua

Location	Total count (n)	Mean	StDev	Minimum	Maximum
Biak	31	258	79.2	126	422
Jayapura	5	122	26.3	102	167
Manokwari	30	275.4	123.5	169	849
Nabire	7	337.9	65.7	254	414
Numfor	33	224.8	103.5	128	614

### The correlation between morphometric characteristics of *Lutjanus gibbus*

Table (5) displays the Pearson correlation coefficients that describe the phenotypic correlation between *L. gibbus* fish individuals. Positive coefficients are present in 153 relationships. The range of correlation coefficient values was between 0.112 to 0.960. The correlation coefficient between the total length and standard length was 0.96, the highest value. This value indicates that the total length is directly proportional to the standard length of the fish. The increase in total length is followed by an increase in standard length. The correlation between eye diameter and distance between anal fin end and ventral caudal fin origin was the weakest (0.112). In addition, head depth and distance between dorsal fin end and dorsal caudal fin origin also showed the lowest coefficient of correlation (0.113).

PCA analysis on morphometric data is shown by eigenvalue, proportion and cumulative (Table 6). Principal component (PC) 1 reported the highest proportional value of 87.7%, whereas P2, PC3, PC4, and PC5 each contributed with 3.2%, 1.7%, 1.6%, and 1.2%, respectively. Table (7) displays the morphometric character values that can determine morphometric variances among *L. gibbus* species.

Based on the eigenvalues, there are two primary components that can describe the researched phenomenon, as evidenced by eigenvalues with a value greater than 1, and the combined percentage of the two main components' ability of 90.9%. However, one major component is sufficient, as it can explain 87.7% of the morphometric properties.

**Table 6.** Eigenvalue, proportion and cumulative morphometric characteristics

PC	Eigenvalue	Proportion %	Cumulative
1	27.731	87.7	0.877
2	1.022	3.2	0.909
3	0.549	1.7	0.927
4	0.503	1.6	0.943
5	0.371	1.2	0.954

**Table 5.** The phenotypic correlation between 18 morphometric characters among 106 *L. gibbus* individuals

	TL	SL	BD	CPD	HL	PRD FL	HD	PRv DFL	VDO L	AD FEL	DFBL	VOA EFL	SPD AEFL	DEV OFL	VEA DFL	DED CF	AEV CFL
<b>SL</b>	0.96																
<b>BD</b>	0.88	0.86															
<b>CPD</b>	0.71	0.63	0.72														
<b>HL</b>	0.88	0.83	0.78	0.63													
<b>PRDFL</b>	0.93	0.91	0.85	0.74	0.89												
<b>HD</b>	0.70	0.69	0.69	0.64	0.66	0.79											
<b>PRvDFL</b>	0.94	0.93	0.86	0.72	0.84	0.89	0.69										
<b>VDOL</b>	0.93	0.91	0.93	0.71	0.84	0.88	0.69	0.91									
<b>ADFEL</b>	0.79	0.78	0.77	0.67	0.74	0.78	0.69	0.75	0.84								
<b>DFBL</b>	0.94	0.94	0.87	0.77	0.84	0.91	0.75	0.92	0.91	0.82							
<b>VOAEFL</b>	0.87	0.89	0.79	0.62	0.76	0.81	0.55	0.85	0.82	0.74	0.84						
<b>SPDAEFL</b>	0.94	0.93	0.88	0.71	0.83	0.89	0.71	0.91	0.93	0.82	0.93	0.83					
<b>DEVOFL</b>	0.92	0.92	0.89	0.68	0.81	0.86	0.66	0.88	0.92	0.81	0.91	0.92	0.89				
<b>VEADFL</b>	0.45	0.47	0.43	0.32	0.43	0.36	0.16	0.52	0.47	0.41	0.46	0.63	0.35	0.54			
<b>DEDCF</b>	0.28	0.37	0.32	0.25	0.14	0.19	0.12	0.35	0.32	0.19	0.38	0.36	0.35	0.32	0.34		
<b>AEVCFL</b>	0.22	0.27	0.24	0.18	0.12	0.15	0.08	0.25	0.25	0.17	0.28	0.24	0.28	0.25	0.22	0.53	
<b>ED</b>	0.50	0.49	0.46	0.48	0.53	0.51	0.45	0.53	0.52	0.49	0.54	0.49	0.49	0.46	0.31	0.43	0.12

**Note:** Size Correlation coefficient 0.90-1.00 (very high positive correlation); 0.70-0.9 (High positive correlation); 0.50-0.70 (Moderat positive correlation); 0.30-0.50 (Low positive correlation); 0.00-0.30 (Negligible correlation) (**Mukaka, 2012**).

**Table 7.** Eigen vector of the main components' coefficients

Morphometric characteristics	Principal component				
	PC1	PC2	PC3	PC4	PC5
Total length	<b>0.611</b>	-0.09	-0.035	0.479	0.146
Standard length	<b>0.448</b>	0.115	0.358	0.115	-0.555
Body depth	0.188	-0.02	0.015	-0.338	0.405
Caudal peduncle depth	0.053	-0.048	-0.056	-0.15	0.124
Head length	0.2	-0.1	-0.491	0.147	0.142
Predorsal fin length	0.225	-0.224	-0.235	-0.096	-0.101
Head depth	0.138	-0.398	-0.154	-0.577	-0.455
Preventral fin length	0.17	0.045	-0.02	-0.037	-0.008
Distance between ventral and dorsal fins origin	0.204	0.006	-0.027	-0.215	0.339
Distance between anal and dorsal fin ends	0.076	-0.023	-0.048	-0.148	0.052
Dorsal fin base length	0.222	-0.028	0.065	-0.182	-0.004
Distance between the ventral fin origin and the end of anal fin	0.179	0.313	-0.029	-0.003	-0.114
Distance between the first spine of the dorsal fin & the end of anal fin	0.245	-0.138	0.219	-0.081	0.243
Distance between dorsal fin end and ventral fin origin	0.225	0.167	-0.008	-0.231	0.131
Distance between the ventral fin and the end of fin origin	0.088	<b>0.747</b>	-0.396	-0.197	-0.111
Distance between dorsal fin end and dorsal caudal fin origin	0.024	0.145	0.262	-0.107	-0.009
Distance between anal fin end and ventral caudal fin origin	0.029	0.175	0.513	-0.204	0.185
Eye diameter	0.026	0.002	-0.039	-0.052	-0.016

### Phenotypic relationships between *L. gibbus* populations

Pearson correlation analysis between populations showed that *L. gibbus* species had a very strong relationship or positive correlation on morphometric characters (Table 8). In general, *L. gibbus* species from five research sites had a strong association, with a coefficient ranging between 0.996 and 0.1.

**Table 8.** The Correlation Coefficient of *L. gibbus* Morphometric Characteristics in the Study Areas

	Manokwari	Numfor	Biak	Nabire
<b>Numfor</b>	1.000			
<b>Biak</b>	0.999	0.998		
<b>Nabire</b>	0.999	0.999	0.999	
<b>Jayapura</b>	0.997	0.996	0.998	0.996

The dendrogram reconstruction in Figure 4 shows the relationship of morphometric characters between species at the study sites. The dendrogram divides species into the Jayapura population cluster and the Biak, Nabire, Numfor, and Manokwari population

clusters (Figure 4). Morphometrically, *L. gibbus* species in Manokwari waters are comparable to those in Numfor waters but differ slightly from those in Nabire and Biak waters. In contrast, the population of Jayapura is a distinct lineage. In general, the dendrogram reconstruction revealed a high degree of morphometric feature similarity amongst populations of *L. gibbus* at the five research sites.

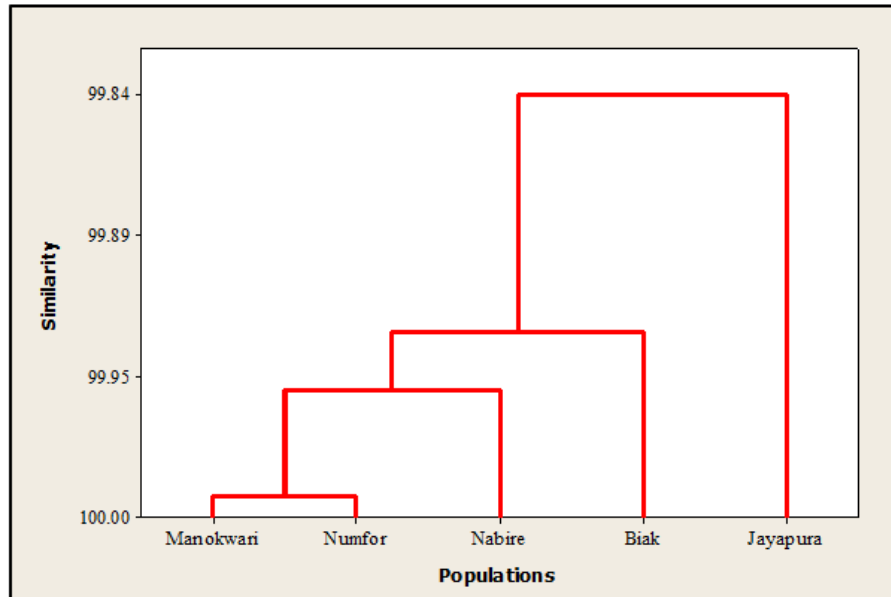


Fig. 4. Dendrogram of morphometric similarity level of *L. gibbus* in Northern Papua Waters

#### Meristic characteristics of *L. gibbus*

Table 9 presents the meristic characteristics of *L. gibbus* species in each population. Fifteen to seventeen soft fin rays are present on the pectoral fins. Generally, the hard fin rays on the dorsal fin are numbered X, whereas the soft fin rays are numbered 13 to 16. In all populations, there are III hard spines on the anal fin, while there are nine soft fin rays.

Table 9. Meristics characteristics of *L. gibbus*

No	Meristic characteristics	Range Date				
		Manokwari	Numfor	Biak	Nabire	Jayapura
1	PF Number of soft fin rays on pectoral fin	15-17	15-17	16-17	15-17	16-17
2	DF Number of spines on dorsal fin	VIII-XI	X	X	X	X
3	DR Number of soft fin rays on dorsal fin	14-16	14-15	14-16	15	13-15
4	AF Number of hard fin rays on the anal fin	III	III	III	III	III
5	AR The number of soft fin rays on the anal fin	9	9	9	9	9

## DISCUSSION

In this study, the average total length of *L. gibbus* ranged between 19.4 and 28.3 centimeters. The average length of *L. gibbus* found was not much different from those found in several regions in Indonesia, such as those found in the South Sunda Strait waters (23.6 – 33.7 cm) (Prihatiningsih *et al.*, 2017; Prihatiningsih *et al.*, 2020) and the waters of Alor, East Nusa Tenggara (23.5 – 58.8 cm, male individuals; 18.3 – 31.5 cm, female individuals) (Pakro *et al.*, 2020). More than half (53%) of the overall sample of 29,803 individuals in the Timor Sea measured 29 to 31 centimeters in length (Peter *et al.*, 2022). *L. gibbus* species can reach a maximum length of 54 cm (Peter *et al.*, 2022). The Nabire population of *L. gibbus* had the most average weight (337.9 g), whereas the Jayapura population had the least (122 g). Possible cause of the disparity in weight between areas is overfishing. In the waters of northern Papua, catching red snapper, including the *L. gibbus* species, is extremely competitive. Currently, red snapper fishing falls under the category of unrestricted exploitation (Decree of the Minister of Marine Affairs and Fisheries of the Republic of Indonesia No. 50/KEPMEN-KP/2017). Individuals in the waters of northern Papua may have a very minimal chance of reaching full adult size before being captured, because of overexploitation. Similar circumstances occurred with the *L. gibbus* species in Bunaken Marine Park, North Sulawesi, where the paucity of large fish in the catch suggested that the area may have been overfished. This scenario can happen because there are no laws limiting the minimum size of snapper that can be fished, and because the supply of younger fish is subjected to intense pressure (Holloway *et al.*, 2015). In addition, changes in size might result from differences in growth rates, recruitment methods, exploitation levels, and fishing gear utilized (Mallawa and Amir, 2019).

The correlation coefficient for total length and standard length of *L. gibbus* was 0.960, which is the greatest. Soliman *et al.* (2018) discovered comparable results in *L. quinquelineatus* species. The PCA analysis identified two principal components, PC1 and PC2. PC1 provided 87.7% to the diversity of the fish species' morphometric features, while PC2 contributed 3.2%. Meanwhile, On PC1, total length and standard length is the significant morphometric variable for determining the diversity of morphometric features among *L. gibbus* species. On PC2, the significant morphometric variable is the distance between the ventral fin and the end of fin origin.

Meristic characteristics such as “pectoral-fin soft ray”, “dorsal-fin spine” and “dorsal-fin soft ray” in *L. gibbus* species are quite variable. Meanwhile, the meristic characters of “anal-fin spine” and “anal-fin soft ray” showed a consistent amount. The Manokwari population displayed a greater variation in the number of "dorsal-fin spines," whereas the populations of Jayapura, Nabire, Biak, and Numfor displayed the same characteristics. In the Western Central Pacific, Anderson *et al.* (2001) measured meristic *L. gibbus* species and found 16-17 pectoral-fin soft rays, X dorsal-fin spines, 13-14 dorsal-fin soft rays, III anal-fin spines, and 8 anal-fin soft rays. Several other investigations have reached the

same conclusion, namely that several members of the family *Lutjanus* possessed the same number of anal-fin spines (Table 10).

**Table 10.** Meristic Characteristics of the family *Lutjanus*.

	<i>L. Goreensis</i> (Fakunmoju <i>et al.</i> , 2014)	<i>L. Agennes</i> (Fakunmoju <i>et al.</i> , 2014)	<i>L. rivulatus</i> (Karna <i>et al.</i> , 2018)	<i>L. erythropterus</i> (Sarkar <i>et al.</i> , 2021)	<i>L. erythropterus</i> (Barman and Mishra, 2013)	<i>L. fulvus</i> (Sarkar <i>et al.</i> , 2021)
Pectoral- fin soft ray	-	-	15	17	15–17	16
Dorsal- fin spine	X	X	X	XI	X–XI	X
Dorsal- fin soft ray	14	14	15	14	12–14	14
Anal-fin spine	III	III	III	III	III	III
Anal-fin soft ray	8	8	8	9	9	8

The difference in morphometric characters of the *L. gibbus* species in the waters of northern Papua indicates a diversity of phenotypes. Phenotype variety is a form of adaptation to various habitat features. This type of adaptation is referred to as phenotypic plasticity (Chapman 2015). Food availability is a factor that causes morphological differences (Abaad *et al.*, 2016). When food supply fluctuates or is abundant, the effect of availability on fluctuations in body size metrics (jaw depth, body depth, and fork length) has been documented in detail (Abaad *et al.*, 2016; Jacobson *et al.*, 2018). Additionally, the size of the prey devoured influences the morphology of the fish (Paul *et al.* 2017). In addition, it has been demonstrated that the nutritional value of diet affects the morphology of snapper (Barley *et al.*, 2017). According to the findings of Bailey's (2021) study, *L. bohar* and *L. gibbus* grow larger and are in better health when they ingest fish and squid, which are high-energy foods. Olsson and Eklov (2005) found that habitat complexity can lead to phenotypic plasticity and physical changes between individuals of the same species occupying various habitats. Fish will adopt the most optimal morphology to avoid predators, find food and swim. Pelagic fish, for instance, may have longer, slender bodies for speedy swimming, whereas identical species in more complex benthic/reef settings have deeper bodies, larger heads, and wider gapes (Mihalitsis and Bellwood 2019).

The results of Pearson Correlation analysis and dendrogram reconstruction showed that populations of *L. gibbus* in northern Papua waters were strongly correlated and had a high level of similarity of morphometric characters. Character relationships and a high



degree of resemblance show that morphometric structures are not produced at each place. The morphometric similarity between populations of the same species is a result of the same environmental factors. In addition, interbreeding between individuals because of migration and movement of larvae between populations produces a high degree of morphological similarity. The results of our investigation indicate that there is no morphometric structure among *L. gibbus* species in the waters of northern Papua. We assume that the *L. gibbus* species in several study areas in the waters of northern Papua are part of the same population, but this assumption needs to be proven through molecular studies such as phylogenetic and genetic analyses across snapper populations from Papua. The results of **Zamroni *et al.* (2021)** showed that morphometrically, *L. malabaricus* from Biak-Nabire waters was part of the same population as *L. malabaricus* from Raja Ampat waters.

## CONCLUSION

In conclusion, reports on the morphometric diversity and phenotypic relationships of Red Snapper (*L. gibbus*) species in the waters of northern Papua are relatively new. Several morphometric characteristics of *L. gibbus* species exhibit a positive and statistically significant relationship, as shown by the present study. Total length and standard length have a correlation coefficient of 0.96, which is quite high. Total length, standard length, and the distance between the ventral fin and the end of fin origin are morphometric characteristics that determine the variation among *L. gibbus* species individuals. The reconstruction of the dendrogram in the cluster analysis revealed that the morphometric characteristics of the five studied populations share a high degree of similarity, between 99.67 and 99.98. Based on these results, we conclude that the populations of *L. gibbus* from the five study sites are morphologically and genetically related. However, molecular research is required to ensure connectivity between populations. The morphometric data provide preliminary information to support future management, conservation, and enhancement decisions regarding the genetic resources of the *L. gibbus* species in the northern Papua waters.

## ACKNOWLEDGEMENTS

We would like to thank the Ministry of Education, Culture, Research and Technology for funding this study through a research scheme with DIPA Directorate of Research, Technology and Community Service Directorate General of Higher Education, Research and Technology Ministry of Education, Culture, Research and Technology Number: 235/E5/PG.02.00.PT/2022. Research contract number No. 235/E5/PG/02.00.PT/2022 (dated May 30, 2022) and derivative contract No. 190.c/UN42.15/PG/2022 (June 7, 2022).

## REFERENCES

- Anderson, W.D.Jr. and Allen, G.R. (2001).** Lutjanidae. Jobfishes. p. 2840-2918. In K.E. Carpenter and V. Niem (eds.) FAO species identification guide for fishery purposes. The living marine resources of the Western Central Pacific. Vol. 5. Bony fishes part 3 (Menidae to Pomacentridae). FAO, Rome. Available online at <http://www.fao.org/docrep/009/x2401e/x2401e00.htm>
- Allen, G.R.; White, W.T. and Erdmann, M.V. (2013).** Two new species of snappers (Pisces: Lutjanidae: Lutjanus) from the Indo-West Pacific. Journal of the Ocean Science Foundation, 6: 33-51. DOI: 10.5281/zenodo.1036813
- Aryani, N.; Nuraini and Suharman, I. (2013).** Morphological characterization of Baung Fish (*Hemibagrus nemurus*) aquatic habitat on the different method based truss morfometrics. Journal of Fisheries and Aquaculture, 4 (3): 139-142. Available online at <http://www.bioinfopublication.org/jouarchive.php?opt=&jouid=BPJ0000265>
- Abaad, M.; Tuset, V.M.; Montero, D.; Lomberte, A.; Otero-Ferrer, J.L. and Haroun, R. (2016).** Phenotypic plasticity in wild marine fishes associated with fish-cage aquaculture. Hydrobiologia, 765 (1): 343–358. DOI: 10.1007/s10750-015-2428-5.
- Awad, J.E.I.E. and Ouizgani, H.E. (2022).** Some morphometric and meristic parameters of the Moroccan Atlantic anchovy *Engraulis encrasicolus* (Linnaeus, 1758). Egyptian Journal of Aquatic Biology & Fisheries, 26 (3): 59-73. DOI:10.21608/EJABF.2022.236285
- Barman, R.P.; Das, A. and Mishra, S.S. (2013).** On the occurrence of crimson snapper, *Lutjanus erythropterus* (Perciformes: Lutjanidae) from West Bengal, India. Records of the Zoological Survey of India, 113 (2): 81–84. Available online at <http://faunaofindia.nic.in/PDFVolumes/records/113/02/0081-0084.pdf>
- Brraich, O.S. and Akhter, S. (2015).** Morphometric characters and meristic Counts of a Fish, *Crossocheilus latius latius* (Hamilton-Buchanan) from Ranjit Sagar Wetland, India. International Journal of Fisheries and Aquatic Studies, 2 (5): 260-265. Available online at <https://www.fisheriesjournal.com/archives/2015/vol2issue5/PartE/2-5-74-228.pdf>
- Barley, S.; Meekan, M.G. and Meeuwig, J.J. (2017).** Species diversity, abundance, biomass, size and trophic structure of fish on coral reefs in relation to shark abundance. Marine Ecology Progress Series, 565: 163–179. DOI: 10.3354/meps11981.
- Bailey, A.S. (2021).** Genetic and morphometric variation of two focal snapper species (*Lutjanus bohar* and *Lutjanus gibbus*) in the Chagos Archipelago. [Thesis] Oxford Brookes University, Oxford. [England].
- Bal, H.; Yanik, T. and Türker, D. (2021).** Assessment of morphological variation between stocks of bluefish, *Pomatomus saltatrix* (Actinopterygii, Perciformes, Pomatomidae), in the Aegean Sea, Black Sea, and Sea of Marmara. Acta Ichthyologica et Piscatoria, 51 (1): 85-94. DOI: 10.3897/aiep.51.63319
- Chapman, L.J. (2015).** Low-Oxygen Lifestyles BT - Extremophile fishes: ecology, evolution, and physiology of teleosts in extreme environments. In: Riesch R,

- Tobler M, Plath M (eds) Cham: Springer International Publishing. DOI: 10.1007/978-3-319-13362-1\_2.
- Fakunmoju, F.A.; Akintola, S.L.; and Ijimakinde, B. (2014).** Comparative analysis of the morphometric and meristic character of Lutjanidae from Lekki and Badagry Lagoons in Lagos State Nigeria. *IOSR Journal of Agriculture and Veterinary Science*, 7 (1): 81-88. DOI:10.9790/2380-07158188
- Gonzalez-Martinez, A.; Lopez, M.; Molero, H.M.; Rodriguez, J.; González, M.; Barba, C. and García, A. (2020).** Morphometric and meristic characterization of native Chame Fish (*Dormitator latifrons*) in Ecuador using multivariate analysis. *Animals*, 10:1805. Available online at <https://doi.org/10.3390/ani10101805>
- Hossain, M.A.R, Nahiduzzaman, Md.; Saha, D.; Khanam, Mst.U.H. and Alam, M.S. (2010).** Landmark-Based morphometric and meristic variations of the endangered carp, Kalibaus *Labeo calbasu*, from stocks of two isolated Rivers, the Jamuna and Halda and a Hatchery. *Zool Stud*, 49 (4):556-563. Available online at <http://zoolstud.sinica.edu.tw/Journals/49.4/556.pdf>
- Heino, M. (2014).** Quantitative Traits. In: Cadrin SX, Karr LA, Mariani S (eds) Stock Identification Methods: Applications in Fishery Science. 2nd Edition. Academic Press – Elsevier, London, UK.
- Holloway, C.J.; Bucher, D.J. and Kearney, L. (2015).** A Preliminary Study of the Age and Growth of Paddletail Snapper *Lutjanus gibbus* (Forsskål 1775) in Bunaken Marine Park, North Sulawesi, Indonesia. *Asian Fisheries Science*, 28: 186-197. DOI:10.33997/j.afs.2015.28.4.005
- Izzo, C.; Ward, T.M.; Ivey, A.R.; Suthers, I.M.; Stewart, J.; Sexton, S.C. and Gillanders, B.M. (2017).** Integrated approach to determining stock structure: implications for fisheries management of sardine, *Sardinops sagax*, in Australian waters. *Reviews in Fish Biology and Fisheries*, 27 (1): 267-284. DOI: 10.1007/s11160-017-9468-z
- Jacobson, P.; Gårdmark, A.; Östergren, J. and Casini, M. (2018).** Size-dependent prey availability affects diet and performance of predatory fish at sea: a case study of Atlantic salmon. *ECOSPHERE*, 9 (1): e02081. DOI:10.1002/ecs2.2081
- Karna, S.K.; Manna, R.K.; Panda, D.; Manas, H.M.; Mukherjee, M. and Suresh, V.R. (2018).** Occurrence of Blubberlip snapper, *Lutjanus rivulatus* (Cuvier, 1828) from Chilika lagoon, India. *Indian Journal of Geo Marine Sciences*, 47 (08): 1633-1635. Available online at [http://nopr.niscpr.res.in/bitstream/123456789/44766/1/IJMS%2047\(8\)%201633-1635.pdf](http://nopr.niscpr.res.in/bitstream/123456789/44766/1/IJMS%2047(8)%201633-1635.pdf)
- Mihalitsis, M. and Bellwood, D.R. (2019).** Morphological and functional diversity of piscivorous fishes on coral reefs. *Coral Reefs*, 38 (5): 945–954. DOI: 10.1007/s00338-019-01820-w.
- Mallawa, A. and Amir, F. (2019).** Population dynamic of Narrow-barred spanish mackerel (*Scomberomorus commerson*) in Bone Bay waters South Sulawesi Indonesia. *AAFL Bioflux*, 12: 908–917 Available online at <http://www.bioflux.com.ro/docs/2019.908-917.pdf>
- Nama, S.; Bhushan, S.; Ramteke, K.; Jaiswar, A.; Nayak, B.; Pathak, V. and Akter, S. (2022).** Stock structure analysis of *Upeneus vittatus* based on

- morphometric, meristic and otolith shape analysis along the Indian coast. Iranian Journal of Fisheries Sciences, 21(1): 93-103. DOI: 10.21203/rs.3.rs-1426133/v1
- Nayman. (1965).** Growth and Ecology of Fish Population. J Anim Ecol, 20: 201 - 219.
- Narejo, N.T. (2010).** Morphometric characters and their relationship in *Gudusia chapra* (Hamilton) from Keenjhar lake (Distt: Thatta), Sindh. Pak. J. Zool, 42(1):101-104.
- Olsson, J. and Eklöv, P. (2005).** Habitat structure, feeding mode and morphological reversibility: Factors influencing phenotypic plasticity in perch. Evolutionary Ecology Research, 7(8): 1109– 1123. Available online at <https://www.diva-portal.org/smash/get/diva2:158847/FULLTEXT01.pdf>
- Paul, M.; Pradit, S.; Hajisamae, S.; Prengmak, P.; Hisam, F. and Chaibundit, S. (2017).** Relationships of body lengths with mouth opening and prey length of nemipterid fishes (Regan, 1913) in the Gulf of Thailand. The Egyptian Journal of Aquatic Research, 43(4): 297–302. DOI: [10.1016/j.ejar.2017.11.001](https://doi.org/10.1016/j.ejar.2017.11.001).
- Prihatiningsih.; Kamal, M.M.; Kurnia, R. and Suman, A. (2017).** Length-Weight relationship, food habits, and reproduction of humpback red snapper (*Lutjanus gibbus*; family Lutjanidae) in the Southern Part of Banten Waters. BAWAL Widyariset Perikanan Tangkap, 9(1):21. DOI:10.15578/bawal.9.1.2017.21-32
- Prihatiningsih.; Kamal, M.M.; Kurnia, R. and Suman, A. (2020).** The spawning season, growth, and mortality of humpback red snapper (*Lutjanus gibbus* (Forsskal, 1775) in the Southern Banten waters, Indonesia. AACL Bioflux, 13(2):1079-1089. Available online at <http://www.bioflux.com.ro/docs/2020.1079-1089.pdf>
- Pakro, A.; Mallawa, A.; Sudirman. and Amir, F. (2020).** Population dynamic of red snapper (*Lutjanus gibbus*) at Alor waters East Nusa Tenggara Province, Indonesia. The 2nd International Conference of Animal Science and Technology. IOP Conf. Series: Earth and Environmental Science, 492(1): 012091 DOI:10.1088/1755-1315/492/1/012091
- Randall, J.E.; Williams, J.T.; Smith, D.G.; Kulbicki, M.; Tham, G.M.; Labrosse, P.; Kronen, M.; Clua, E.; Mann, B.S. (2003).** Checklist of the shore and epipelagic fishes of Tonga. Atoll Research Bulletin 502 (497). (497) DOI:[10.5479/si.00775630.502.1](https://doi.org/10.5479/si.00775630.502.1)
- Rawat, S.; Benakappa, S.; Kumar, J.; Naik, K.; Pandey, G. and Pema, C. (2017).** Identification of fish stocks based on truss morphometric: A review. Journal of Fisheries and Life Sciences, 2(1): 9–14. Available online at <https://www.fishlifesciencejournal.com/download/2017/v2.i1/9/9.pdf>
- Reiss, H.; Hoarau, G.; Dickey-Collas, M. and Wolff, W.J. (2009).** Genetic population structure of marine fish: mismatch between biological and fisheries management units. Fish and Fisheries, 10(4): 361-395. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1467-2979.2008.00324.x>
- Soliman, F.M.; Mehanna, S.F.; Soliman, H.A. and Baker, T.S. (2018).** Meristic and morphometric characteristics of five-lined snapper, *Lutjanus quinquelineatus* (Bloch, 1790) from the Red Sea, Egypt. Egyptian Journal of Aquatic Biology & Fisheries, 22(1):41-48. DOI: 10.21608/ejabf.2018.7723

- 
- Soliman, H.A.M.; Soliman, F.M. and Baker, T.S. (2020).** Morphological and Genetic Relationship of two Closely-Related Species of Snappers (Family: Lutjanidae) from Egyptian Red Sea. *Sohag J. Sci*, 5(3):15-21. DOI: 0.21608/sjsc.2020.233187
- Sarkar, P.; Islam, Md.J.; Habib, A.H.M.S.; Neogi, A.K and Habib, K.A. (2021).** Two new records of Snapper (Perciformes, Lutjanidae) from Saint Martin's Island, Bangladesh. *J. Ocean Univ. China*, 20(2): 439-444. DOI.org/10.1007/s11802-021-4566-x
- Zamroni, A.; Kembaren, D.D.; Ernawati, T.; Purwanto.; Satria, F.; Nurdin, E.; Mardiani, S.R. and Budiarti, T.W. (2021).** A Genetic and Morphometric Study on Red Snapper and Grouper in Fisheries Management Area 715. A Case Study on Malabar Blood Snapper (*Lutjanus malabaricus*) and Leopard Coral Grouper (*Plectropomus leopardus*). Prepared by Research Institute for Marine Fisheries - MMAF and USAID Sustainable Ecosystems Advanced Project. Jakarta, Indonesia. 60 p.
- Zhang, S.; Li, M.; Zhu, J.; Xu, S. and Chen, Z. (2021).** An Integrated Approach to Determine the Stock Structure of Spinyhead Croaker *Collichthys lucidus* (Sciaenidae) in Chinese Coastal Waters. *Frontiers in Marine Science* 8. DOI: 10.3389/fmars.2021.693954

REPUBLIC INDONESIA  
KEMENTERIAN HUKUM DAN HAK ASASI MANUSIA

# SURAT PENCATATAN CIPTAAN

Dalam rangka perlindungan ciptaan di bidang ilmu pengetahuan, seni dan sastra berdasarkan Undang-Undang Nomor 28 Tahun 2014 tentang Hak Cipta, dengan ini menerangkan:

Nomor dan tanggal permohonan : EC00202286004, 9 November 2022

## Pencipta

Nama : **Dr. Ir. Ridwan Sala, M.Si, Aradea Bujana Kusuma, S.Si., M.Si dkk**  
Alamat : Perumahan Dosen UNIPA, Jl. Tugu Jepang, Amban, Manokwari, PAPUA BARAT, 98314  
Kewarganegaraan : Indonesia

## Pemegang Hak Cipta

Nama : **Dr. Ir. Ridwan Sala, M.Si, Aradea Bujana Kusuma, S.Si., M.Si dkk**  
Alamat : Perumahan Dosen UNIPA, Jl. Tugu Jepang, Amban, Manokwari, PAPUA BARAT, 98314  
Kewarganegaraan : Indonesia  
Jenis Ciptaan : **Pamflet**  
Judul Ciptaan : **Biodiversitas Spesies Ikan Kakap Merah (Lutjanidae) Di Perairan Utara Papua (Jayapura, Yapen, Nabire, Biak-Numfor, Manokwari)**  
Tanggal dan tempat diumumkan untuk pertama kali di wilayah Indonesia atau di luar wilayah Indonesia : 7 November 2022, di Manokwari  
Jangka waktu perlindungan : Berlaku selama hidup Pencipta dan terus berlangsung selama 70 (tujuh puluh) tahun setelah Pencipta meninggal dunia, terhitung mulai tanggal 1 Januari tahun berikutnya.  
Nomor pencatatan : 000401748

adalah benar berdasarkan keterangan yang diberikan oleh Pemohon.  
Surat Pencatatan Hak Cipta atau produk Hak terkait ini sesuai dengan Pasal 72 Undang-Undang Nomor 28 Tahun 2014 tentang Hak Cipta.



a.n Menteri Hukum dan Hak Asasi Manusia  
Direktur Jenderal Kekayaan Intelektual  
u.b.  
Direktur Hak Cipta dan Desain Industri

Anggoro Dasananto  
NIP.196412081991031002

## Disclaimer:

Dalam hal pemohon memberikan keterangan tidak sesuai dengan surat pernyataan, Menteri berwenang untuk mencabut surat pencatatan permohonan.

**LAMPIRAN PENCIPTA**

No	Nama	Alamat
1	Dr. Ir. Ridwan Sala, M.Si	Perumahan Dosen UNIPA, Jl. Tugu Jepang, Amban
2	Aradea Bujana Kusuma, S.Si., M.Si	Reremi Puncak (Butik Hajeera) RT 04/015 Kecamatan Manokwari Barat
3	Bayu Pranata, S.Pi., M.P	Jl. KRI. Martadinata No. 16. (AMPER)

**LAMPIRAN PEMEGANG**

No	Nama	Alamat
1	Dr. Ir. Ridwan Sala, M.Si	Perumahan Dosen UNIPA, Jl. Tugu Jepang, Amban
2	Aradea Bujana Kusuma, S.Si., M.Si	Reremi Puncak (Butik Hajeera) RT 04/015 Kecamatan Manokwari Barat
3	Bayu Pranata, S.Pi., M.P	Jl. KRI. Martadinata No. 16. (AMPER)



**Sertifikas Pemakalah Seminar Nasional Dies Natalis UNIPA**





## Lembar Persetujuan Seminar PKL dan Cover Laporan PKL

Kepada Yth,  
Kajur / Ka Prodi IKL  
Di Tempat.

Mahasiswa bimbingan kami a.n Andi Nacisa Malfin Savina Maharani (201931011) dapat dialokasikan untuk mengikuti seminar PKL. Persyaratan seminar PKL akan disiapkan oleh mahasiswa yang bersangkutan. Demikian penyampaian kami. Terima kasih.

Manokwari, 19 Oktober 2022

Dosen Pembimbing,



Aradea Bujana Kusuma, S.Si., M.Si

IDENTIFIKASI MORFOLOGI DAN MORFOMETRIK IKAN KAKAP  
(*Lutjanus*) DI NABIRE DAN SERUI



Oleh:

Andi Nacisa Malfin Savina Maharani  
2019 31 011

PROGRAM STUDI ILMU KELAUTAN  
FAKULTAS PERIKANAN DAN ILMU KELAUTAN  
UNIVERSITAS PAPUA  
MANOKWARI  
2022

**Sertifikas Pemakalah Seminar Nasional Dies Natalis UNIPA (Mahasiswa)**



# Sertifikat

Diberikan kepada:

*Andi Nacisa Malvin Savina Maharani*

Sebagai PEMAKALAH dengan Judul:

**" Biodiversity of Snapper (Lutjanidae) Based on Morphometric Characteristics in Waters of Nabire Regency "**

pada SEMINAR NASIONAL dalam rangka Dies Natalis Universitas Papua ke XXII  
**"Pertanian Berkelanjutan sebagai Solusi Pemanfaatan dan Pengembangan Sumber Daya Lokal"**

Manokwari, 25 Oktober 2022

  
Prof. Dr. Ir. Eko Agus Martanto, M.P.  
Koordinator Seksi Seminar

  
Dr. Amestina Matualage, S.P., M.Sc.  
Ketua Panitia