

Tersedia online di: <http://ejournal-balitbang.kkp.go.id/index.php/jra>

IDENTIFIKASI SPESIES MENGGUNAKAN DNA *BARCODING* DALAM MENUNJANG BUDIDAYA DAN KONSERVASI TERIPANG DI PERAIRAN LAMPUNG

Anna Rejeki Simbolon^{*)#}, Masteria Yunovilsa Putra^{*)}, dan Ismiliana Wirawati^{*)}

^{*)} Pusat Penelitian Oseanografi, Lembaga Ilmu Pengetahuan Indonesia (LIPI)
Jl. Pasir Putih I, Ancol Timur, Jakarta 14430

^{*)} Pusat Penelitian Bioteknologi LIPI
Komplek CSC-LIPI Jln. Raya Bogor Km 46, Cibinong 16911, Bogor

(Naskah diterima: 25 September 2020; Revisi final: 8 Februari 2021; Disetujui publikasi: 8 Februari 2021)

ABSTRAK

Teripang merupakan komoditas perikanan yang saat ini dibudidayakan dan dieksploitasi di perairan Lampung. Namun terdapat kesulitan dalam mengidentifikasi teripang karena kemiripan morfologis di antara spesies yang ada. Identifikasi yang baik berguna agar proses pembudidayaan dan konservasi dapat tepat sasaran. Penggunaan DNA *barcoding* dapat digunakan untuk mengidentifikasi jenis-jenis teripang yang ada, jarak genetik, dan keragaman genetik intra/inter spesies. Penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi teripang di perairan Lampung dengan menggunakan sekuen DNA gen COI. Teripang diambil dengan menggunakan metode jelajah pada saat surut dan dengan *scuba diving*. Pengamatan DNA menggunakan primer universal ceF, pengeditan dan diurutkan dengan program Geneious ver 9 dan program BLAST. Konstruksi pohon filogenetik dilakukan dengan metode *neighbor joining* (NJ) pada model Kimura-2. Penelitian ini menunjukkan spesies teripang yang teridentifikasi adalah *Holothuria leucospilota*, *H. atra*, *Stichopus vastus*, dan *S. horrens* dengan jarak kesamaan 99%-100%. *S. vastus* dan *S. horrens* memiliki jarak genetik terendah dengan pengurangan yang tinggi. Rekonstruksi filogenetik memperlihatkan pengelompokan spesies-spesies ke dalam genus *Holothuria* dan *Stichopus*. *Stichopus* sp. memiliki kesamaan morfologi yang tinggi sehingga kesalahan identifikasi sering terjadi. DNA *barcoding* dapat mengidentifikasi teripang secara cepat dan akurat sehingga pengelolaan teripang baik secara budidaya maupun pengambilan langsung di alam dapat berkelanjutan. Identifikasi spesies yang tepat menjadi kunci utama dalam upaya pembudidayaan dan konservasi teripang yang tepat sasaran dan berkelanjutan.

KATA KUNCI: *barcoding*; DNA; COI; teripang

ABSTRACT: *Species identification using DNA barcoding in supporting the cultivation and conservation of sea cucumber in Lampung waters. By: Anna Rejeki Simbolon, Masteria Yunovilsa Putra, and Ismiliana Wirawati.*

*Sea cucumbers is a highly valued fishery commodity that is currently cultivated and exploited in Lampung waters. However, differentiating a sea cucumber species from another is sometimes difficult due the morphological similarities between the species. Developing an accurate identification method is then critical to ensure successful farming activities and conservation efforts of sea cucumbers. DNA barcoding could be used to accurately identify sea cucumber species, genetic distance, and genetic diversity between species. This study aimed to identify sea cucumbers existed in Lampung waters using DNA barcoding of the COI gene with ceF and ceR universal primers. Sea cucumbers are taken using the cruising method at low tide and by scuba diving. The DNA sequence was then edited and aligned using the Geneious ver.9 program and analyzed using the BLAST program. Phylogenetic tree construction was carried out using the neighbor joining (NJ) method on the Kimura-2 model. This study showed that the identified species of sea cucumbers were **Holothuria leucospilota**, **H. atra**, **Stichopus vastus**, and **S. horrens** with a similarity distance of 99%-100%. **S. vastus** and **S. horrens** have the lowest genetic range. Phylogenetic reconstruction*

Korespondensi: Pusat Penelitian Oseanografi, Lembaga Ilmu Pengetahuan Indonesia (LIPI). Jl. Pasir Putih I, Ancol Timur, Jakarta 14430, Indonesia
Tel. + 62 812 91035602
E-mail: annarejekisimbolon@gmail.com

shows the classification of species into the genus *Holothuria* and *Stichopus*. *Stichopus* sp. have high morphological similarities within the same genus which often lead to species misidentification. DNA barcoding can identify sea cucumbers quickly and accurately. This method allows the identification of the right sea cucumber species which is the main key in the effort to cultivate and conserve targeted and sustainable sea cucumbers.

KEYWORDS: *barcoding; DNA; COI; sea cucumbers*

PENDAHULUAN

Holothuroidea merupakan salah satu jenis teripang atau timun laut bernilai ekonomis tinggi dan memiliki pasar yang baik. Teripang sering dijumpai dan terdistribusi secara luas di wilayah Indo Pasifik. Studi di bidang farmakologi menunjukkan bahwa ekstrak teripang mengandung metabolit dan senyawa bioaktif potensial yang dapat digunakan dalam industri farmasi. Kandungan bahan aktif teripang yang dipercaya dapat meningkatkan stamina tubuh dan bahan baku obat.

Sebelum tahun 2000 Indonesia adalah negara eksportir teripang terbesar di dunia dengan tujuan ekspor utama adalah Hongkong. Namun akibat eksploitasi yang berlebihan oleh nelayan semakin sulit mendapatkan teripang dengan jenis-jenis tertentu. Dalam lima tahun terakhir, *International Union for Conservation of Nature* (IUCN) mengevaluasi lebih dari 300 jenis timun laut Ordo Aspidochirotida dalam rangka mengetahui status populasinya. Sementara itu, *Convention on International Trade in Endangered Species of Wild Fauna and Flora* (CITES) bersama-sama dengan negara-negara eksportir teripang mendiskusikan mengenai perlunya memasukkan teripang ke dalam daftar Appendix II atau Appendix III CITES. CITES (2020) menyatakan jenis teripang yang telah masuk ke dalam daftar apendiks II yaitu dari jenis teripang susu (*Holothuria fuscogilva*, *H. nobilis*, dan *H. whitmaei*).

Perairan Lampung merupakan salah satu wilayah di Indonesia yang melakukan budidaya teripang. Jenis teripang yang dibudidaya umumnya *Holothuria scabra*. Identifikasi teripang umumnya dilakukan secara morfologi, namun metode ini memiliki keterbatasan dikarenakan adanya beberapa spesies yang memiliki kemiripan morfologi yang tinggi, padahal identifikasi spesies yang tepat berguna agar proses pembudidayaan maupun konservasi spesies dapat tepat sasaran. Selain itu, teripang merupakan biota laut yang sangat mudah mengalami kontraksi sehingga seluruh karakter morfologinya masuk ke dalam tubuh. Teripang juga mampu melakukan *eviserasi* atau mengeluarkan organ internal sampai memutuskan diri menjadi beberapa bagian saat mengalami stres dan bertahan hidup (Wirawati *et al.*, 2019). Oleh karena itu, diperlukan metode untuk mengidentifikasi teripang secara molekular. Salah satu metode yang

dapat digunakan untuk mengidentifikasi spesies dan keragaman genetiknya ialah DNA *barcoding*. Metode DNA *barcoding* pertama kali diterapkan pada tahun 2003 (Hebert *et al.*, 2003). Metode ini juga dapat digunakan untuk memvalidasi spesies kriptik yang banyak ditemukan pada hewan dengan morfologi yang serupa namun terdapat perbedaan genetis (Trivedi *et al.*, 2016). DNA *barcoding* dapat digunakan untuk mengidentifikasi spesies baik dalam stadium telur, larva, dan dewasa (Briski *et al.*, 2011). Sehingga metode ini menjadi sangat populer baik bagi para taksonom modern maupun para ahli ekologi dalam memprediksi sejarah hidup suatu spesies (Trivedi *et al.*, 2016).

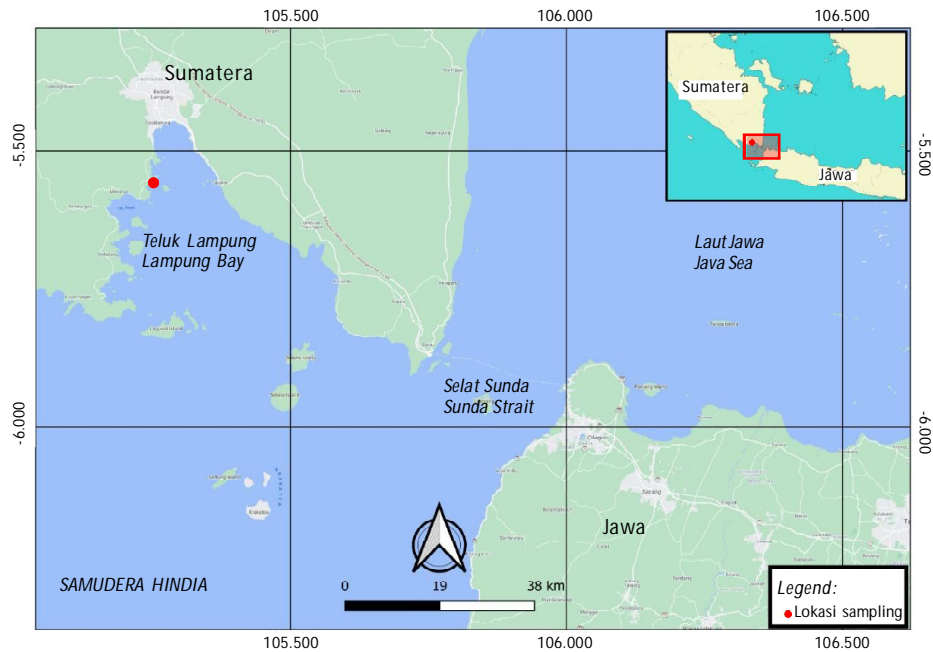
Secara umum, DNA *barcoding* adalah pendekatan standar untuk mengidentifikasi tumbuhan dan hewan dengan urutan minimal sekuen DNA. Sementara itu, *barcode* DNA ialah sebuah urutan DNA pendek, dari sebuah wilayah yang seragam pada genom, yang digunakan untuk mengidentifikasi spesies (Zein & Prawiradilaga, 2013). Identifikasi spesies teripang baik secara morfologi dan genetik di perairan Indonesia masih belum banyak dilakukan. Penelitian mengenai teripang di Indonesia selama ini hanya sebatas distribusi dan morfologi. Saat ini, diketahui terdapat 45 spesies teripang yang ada di perairan seluruh Indonesia, dengan 22 spesies termasuk genus *Holothuria* (Setyastuti *et al.*, 2019). Penggunaan DNA *barcoding* telah dilakukan oleh Madduppa *et al.* (2017) untuk mengidentifikasi jenis-jenis teripang yang tersebar di Kepulauan Seribu.

Penelitian DNA *barcoding* terkait jenis teripang yang dieksploitasi maupun tujuan pembudidayaan di perairan Lampung belum pernah dilakukan sehingga perlu dilakukan identifikasi jenis teripang agar pemanfaatan dan pelestarian spesies dapat dilakukan dengan baik. Penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi spesies teripang yang di perairan Lampung dengan menggunakan DNA *barcoding*.

BAHAN DAN METODE

Teknik Pengambilan Sampel

Lokasi pengambilan sampel teripang di perairan Lampung (5°33'27.1"S 105°15'09.0"E), Provinsi Lampung (Gambar 1). Teripang diambil dengan metode



Gambar 1. Lokasi pengambilan sampel di perairan Lampung (5°33'27.1"S 105°15'09.0"E), Provinsi Lampung, Indonesia.

Figure 1. Sampling location in Lampung waters (5°33'27.1"S 105°15'09.0"E), Lampung Province, Indonesia.

jelajah pada saat surut dan dengan *scuba diving*. Sampel teripang yang diambil berjumlah delapan sampel, masing-masing spesies diambil satu individu (Gambar 2). Sampel kemudian dimasukkan ke dalam plastik sampel yang berisi alkohol 90%. Untuk keperluan analisis DNA sampel teripang dimasukkan ke dalam botol sampel dalam larutan ethanol 99%.

Ekstraksi DNA

Ekstraksi DNA dilakukan dengan menempatkan irisan jaringan teripang (± 25 mg) ke dalam 1,5 mL *tube microfuges* yang telah berisi 180 μ L larutan buffer ATL kemudian dihaluskan dengan menggunakan gunting bedah. Kemudian ditambahkan 20 μ L protein-



Gambar 2. Sampel teripang yang diperoleh selama penelitian.

Figure 2. Species of sea cucumber obtained during the field research.

ase K dan di-vortex selama satu menit, serta diinkubasi selama semalam pada suhu 56°C di *thermostat waterbath*. Sampel yang telah diinkubasi di-vortex selama 15 detik dan ditambahkan 200 µL buffer AL dan 200 µL ET-OH (96%-100%) lalu di-vortex selama dua menit. Selanjutnya sampel dipindahkan ke dalam *DNA easy mini spin colomn* yang sudah ditempatkan dalam 2 mL *collection tube*. Sampel di-sentrifugasi pada 8.000 rpm selama satu menit. Hasil sisa residu sentrifugasi dibuang dan *DNA easy spin colomn* dipindahkan dalam 2 mL *collection tube* yang baru. Selanjutnya dilakukan penambahan 500 µL buffer AW1 dan di-sentrifugasi pada 8.000 rpm selama satu menit. *Spin colomn* ditempatkan dalam 2 mL *collection tube* baru dan ditambahkan 500 µL buffer AW2 kemudian di-sentrifugasi pada 14.000 rpm selama tiga menit. Kemudian *spin colomn* dipindahkan ke dalam 1,5 mL *microcentrifuge tube* baru. Eludasi DNA dilakukan dengan menambahkan 200 µL buffer AE lalu inkubasi selama satu menit pada suhu ruang dan di-sentrifugasi pada 8.000 rpm selama satu menit. Konsentrasi dan kualitas ekstrak DNA diukur pada nanophotometer IMPLEN dan disimpan pada *freezer* suhu -80°C.

Analisis PCR

Analisis PCR dilakukan dengan pembuatan larutan PCR yang terdiri 19,7 µL ddH₂O; 3 µL Taq buffer; 3 µL MgCl₂; 0,6 µL dNTPmix; 0,5 µL BSA, 1 µL primer forward dan reverse; 0,2 µL Taq DNA; serta 1 µL DNA template (± 100 ng). Ruas gen COI genom mitokondria kemudian diamplifikasi menggunakan primer DNA barcoding primer forward COI ceF (5'-ACTGCCACGCCCTAGTAATGATATTTTTATGGTATGCC-3') dan primer reverse CO1 ceR (5'-TCGTGTGTCTACGTCCATTCCTACTGTRAACATRTG-3') (Hoareau & Boissin, 2010). Amplifikasi PCR dilakukan dengan mengatur suhu PCR *step down* antara lain; suhu *pre-denaturation* 95°C selama tiga menit, masing-masing 30 siklus dengan denaturasi pada suhu 94°C selama 45 detik, *annealing* pada suhu 60°C-55°C selama satu menit 10 detik; serta *extention* pada suhu 72°C selama satu menit 20 detik dan diakhiri dengan *post extention* pada suhu 72°C selama lima menit. Visualisasi hasil PCR dengan menggunakan gel elektroforesis 2% dan UV transluminator. Sampel hasil PCR yang teramplifikasi kemudian dikirim ke Macrogen untuk dilakukan sekuensing DNA.

Analisis Data Hasil Sekuen

Hasil sekuen diedit dan diurutkan dengan menggunakan program *Geneious Prime*, hasil *aligment* dicocokkan dengan program *Basic Local Assignment Search Tool* (BLAST) dan validasi spesies dengan tingkat kesamaan 99%-100%. Konstruksi pohon filogenetik

dilakukan pada program MEGA X dengan menambahkan sekuen dari GenBank dengan kode antara lain JN207617.1, LC217310.1, KX874353.1, KY986418.1 dengan tingkat kesamaan tertinggi. Analisis filogenetik menggunakan metode *neighbor joining* (NJ) dengan model Kimura-2 parameter dengan uji pada 1.000x bootstrap (Tamura *et al.*, 2011).

HASIL DAN BAHASAN

Budidaya Teripang

Budidaya teripang saat ini masih mengandalkan bibit dari alam, kemudian diperbesar dalam kolam perbesaran (karamba tancap). Di Indonesia jenis teripang yang dibudidayakan dan dimanfaatkan antara lain teripang pasir (*Holothuria scabra*), teripang perut hitam (*Holothuria atra*, teripang susuan (*Holothuria edulis*), dan teripang nanas (*Thelenota ananas*). Pengambilan bibit di alam oleh para nelayan umumnya dengan ukuran teripang 40-60 g/ekor. Penebaran bibit umumnya dilakukan pada pagi atau sore hari dengan padat tebar 3-5 ekor/m². Penambahan pakan umumnya dilakukan seminggu sekali dapat berupa *pellet* maupun sisa makanan. Masa pemeliharaan berkisar 4-6 bulan tergantung ukuran benih saat ditebar. Teripang dipanen dengan ukuran 400-600 g/ekor pada saat surut terendah (Tangko, 2009). Budidaya teripang dilakukan pada jenis teripang yang sama dalam satu karamba sehingga penentuan jenis teripang yang tepat dalam budidaya teripang harus dilakukan agar budidaya teripang memperoleh hasil yang maksimal.

Identifikasi Sampel

Dari delapan sampel teripang hanya empat sampel yang menghasilkan konsentrasi dan kualitas DNA yang baik (Tabel 1).

Hasil konsentrasi DNA berkisar antara 12-161,75 ng/µL. Sekuen DNA *Cytochrome Oxidase Subunit I* (COI) yang dihasilkan adalah sepanjang 525 bp. Berdasarkan BLAST yang dilakukan menggunakan data sekuen *gene bank* tidak ditemukan adanya *insertion* dan *diletion*. Berdasarkan hasil analisis dengan menggunakan BLAST sampel TR1992 teridentifikasi dengan *Holothuria leucospilota*, TR1993 teridentifikasi dengan *H. atra*, TR1997 teridentifikasi dengan *Stichopus vastus* dan TR 1998 teridentifikasi dengan *S. horrens* (Tabel 2).

Semakin tinggi nilai *identity* antar spesies menunjukkan kesamaan spesies yang semakin tinggi. Nilai *identity* yang lebih besar dari 95% dan mendekati 100%, serta nilai E = 0 menunjukkan tingkat kesamaan spesies yang tinggi. (Maddappa *et al.*, 2017). Penelitian ini menunjukkan nilai *identity* berkisar 99%-100% dengan demikian hasil BLAST yang diperoleh

Tabel 1. Konsentrasi DNA teripang
 Table 1. DNA concentration of sea cucumber

Kode sampel Sample code	Kode ekstrak DNA DNA extract code	Konsentrasi DNA DNA concentration (ng/μL)
TR1991	TC91	-
TR1992	TC92	12.5
TR1993	TC93	41.5
TR1994	TC94	2.4
TR1995	TC95	-
TR1996	TC96	-
TR1997	TC97	22.05
TR1998	TC98	421.45

Tabel 2. Hasil identifikasi melalui program BLAST I
 Table 2. Identification results through BLAST program

Kode sampel Sample code	Kode DNA DNA code	identifikasi BLAST BLAST identified	Identifikasi Identity (%)	Nilai E E value	Nomor aksesi Accession number
TR1992	TC92	<i>Holothuria leucospilota</i>	99.67	0	JN207617.1
TR1993	TC93	<i>Holothuria atra</i>	100	0	LC217310.1
TR1997	TC97	<i>Stichopus vastus</i>	100	0	KX874353.1
TR1998	TC98	<i>Stichopus horrens</i>	99.83	0	KY986418.1

pada penelitian ini menunjukkan tingkat validasi kesamaan spesies yang tinggi.

Setyastuti *et al.* (2019) menyatakan *H. atra* ditemukan di 23 lokasi di Indonesia antara lain di Sabang, Nias, Mentawai, Batam, Bintan, Lingga, Belitung, Lampung, Karimunjawa, Jawa Timur, Sumbawa, Derawan, Makassar, Selayar, Sumba, Kendari, Wakatobi, Buton, Ternate, Seram, Ambon, Raja Ampat, dan Kaimana. *H. leucospilota* ditemukan di 14 lokasi antara lain di Batam, Bintan, Belitung, Karimunjawa, Jawa Timur, Lombok Barat, Sumbawa, Makassar, Sumba, Kendari, Buton, Seram, Ambon, dan Biak. *S. horrens* ditemukan di lima lokasi yaitu Karimunjawa, Jawa Timur, Derawan, Selayar, Seram. Sementara itu, *S. vastus* ditemukan di delapan lokasi di Indonesia yaitu Lampung, Karimunjawa, Jawa Timur, Derawan, Selayar, Ternate, Seram, dan Kaimana. Penelitian ini menunjukkan distribusi *H. leucospilota* dan *S. horrens* juga terdapat di perairan Lampung. Namun demikian, dilaporkan bahwa Wibowo *et al.* (2019) telah melakukan penelitian pada *H. leucospilota* yang berasal dari perairan Lampung. Sedangkan, Rasyid *et al.* (2018) melakukan analisis pada *S. horrens* yang berasal dari perairan Teluk Rantai, Lampung. Dengan demikian keberadaan kedua spesies tersebut di Lampung dapat dikonfirmasi dengan hasil penelitian yang dilakukan.

Pohon Filogenetik

Jarak genetik antar spesies teripang disajikan pada Tabel 3. Penelitian ini menunjukkan jarak genetik berkisar antara 0,0668-0,3012 dengan jarak genetik terendah antara *Stichopus vastus* dan *S. horrens* yaitu 0,0668 dan tertinggi sebesar 0,3012 yaitu antara *Holothuria leucospilota* dan *S.vastus*. Perbedaan jarak genetik dipengaruhi oleh beberapa faktor antara lain *genetic drift* dan seleksi alam (Freeland, 2012). Semakin rendah jarak genetik antar spesies menunjukkan semakin sedikit perbedaan pasangan basa antar spesies yang diikuti dengan semakin tinggi persamaan morfologinya. Penelitian ini menunjukkan genus *Stichopus* memiliki jarak genetik terendah, hal yang sama dilaporkan oleh Madduppa *et al.* (2017) pada jenis-jenis teripang di Kepulauan Seribu.

Hewan invertebrata umumnya memiliki kesamaan morfologi yang tinggi antar spesies (cryptic), sehingga identifikasi molekuler dapat digunakan untuk memvalidasi spesies kriptik. Menurut Patantis *et al.* (2019), secara molekuler, jenis-jenis teripang yang ada di perdagangan di Indonesia adalah *Acaudina* sp., *Actinopyga echinites*, *A. lecanora*, *A. miliaris*, *Bohadschia argus*, *B. marmorata*, *B. ocellata*, *B. vitiensis*, *Holothuria* sp., *H. atra*, *H. coluber*, *H. edulis*, *H. excellens*, *H. fuscocinerea*, *H. fuscogilva*, *H.*

Tabel 3. Jarak genetik antar spesies teripang yang teridentifikasi dalam penelitian
 Table 3. Genetic distance between spesies of sea cucumber identified in the study

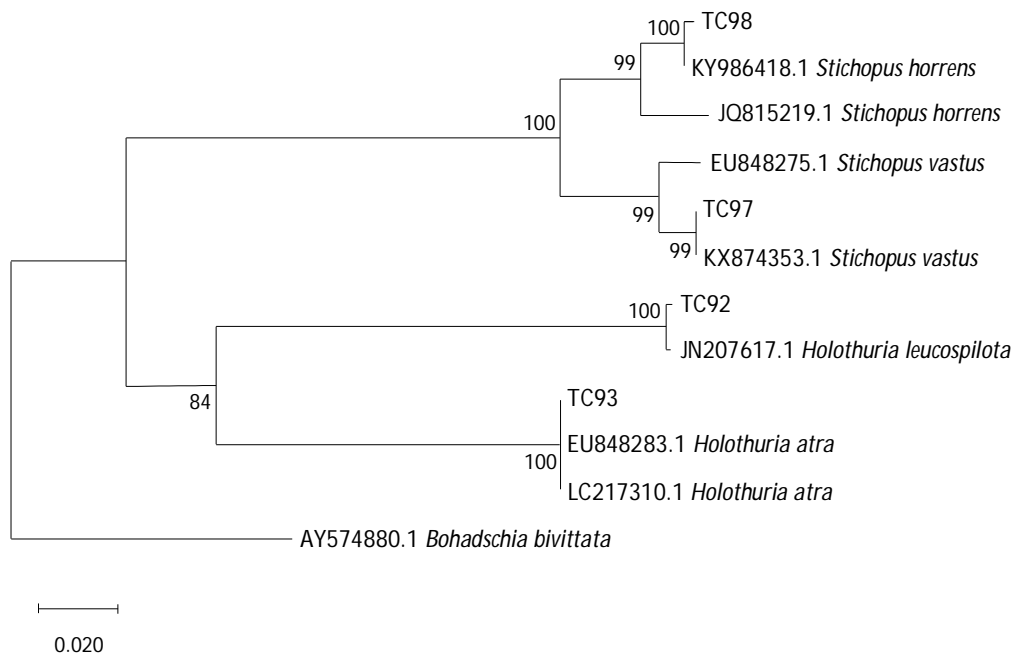
Spesies (Species)	<i>Stichopus horrens</i>	<i>Stichopus vastus</i>	<i>Holothuria atra</i>	<i>Holothuria</i>
<i>Stichopus horrens</i>				
<i>Stichopus vastus</i>	0.0668			
<i>Holothuria atra</i>	0.256	0.2597		
<i>Holothuria leucospilota</i>	0.2855	0.3012	0.2053	

fuscopunctata, *H. scabra*, *Pearsonothuria graeffei*, *Phyrella* sp., *Stichopus herrmanni*, *S. horrens*, dan *S. monotuberculatus*. Penelitian tersebut juga menyebutkan rendahnya jarak genetik antar genus *Stichopus* menyebabkan seringnya terjadi kesalahan identifikasi pada genus *Stichopus*.

Rekonstruksi pohon filogenetik spesies-spesies yang ada dibandingkan dengan data GenBank ditampilkan pada Gambar 3. Pohon filogenetik menunjukkan bahwa pengelompokan spesies-spesies terjadi karena kesamaan genetik terkait hubungan kekerabatan. Genus *Holothuria* bercabang membentuk dua clade. Hal ini kemungkinan disebabkan tingginya variabilitas COI pada genus *Holothuria*. *Holothuria* terdiri atas 18 subgenera yang selanjutnya dibagi menjadi 160 spesies, sedangkan genus lainnya belum

dibagi menjadi subgenera (Honey *et al.*, 2012). Genus *Stichopus* memiliki clade dengan nilai *bootstrap* yang tinggi yang menunjukkan hubungan kekerabatan yang dekat.

Identifikasi spesies secara molekular dapat mengungkap keanekaragaman spesies secara cepat dan akurat. Identifikasi yang tepat dapat memberikan data yang penting terkait distribusi dan jumlah populasi teripang di alam sehingga pengelolaan teripang baik secara budidaya maupun pengambilan langsung di alam dapat berkelanjutan. Penggunaan DNA *barcoding* dalam penentuan identifikasi spesies teripang dalam penelitian ini dapat dijadikan referensi dalam pengembangan budidaya dan konservasi teripang di Indonesia khususnya di perairan Lampung, sehingga proses budidaya dapat tepat sasaran.



Gambar 3. Pohon filogenetik teripang berdasarkan sekuen DNA COI gen menggunakan metode *neighbor joining* (NJ) dengan model Kimura-2 parameter, bootstrap 1.000 replikasi.

Figure 3. Phylogenetic tree of sea cucumbers based on DNA COI gen sequen using the *neighbor joining* (NJ) method with a 2-parameter Kimura model, bootstrap 1,000 replications.

KESIMPULAN

Identifikasi spesies yang tepat menjadi kunci utama dalam upaya pembudidayaan dan konservasi teripang yang tepat sasaran dan berkelanjutan. Secara morfologis terdapat delapan jenis teripang yang diperoleh dari perairan Lampung. Empat di antaranya teridentifikasi sebagai *Holothuria leucospilota*, *H. atra*, *Stichopus vastus*, dan *S. horrens*. *Stichopus vastus* dan *S. horrens* memiliki jarak genetik terendah dan nilai *bootstrap* yang tinggi. Pohon filogenetik menunjukkan pengelompokan spesies-spesies berdasarkan genus yang berbeda. Teripang jenis *Stichopus* sp. memiliki kesamaan morfologi yang tinggi sehingga kesalahan identifikasi sering terjadi. DNA *barcoding* dapat mengidentifikasi teripang secara cepat dan akurat sehingga pengelolaan teripang baik secara budidaya maupun pengambilan langsung di alam dapat berkelanjutan. Keanekaragaman genetik dan studi populasi teripang perlu dilakukan sehingga upaya konservasi teripang dapat optimal.

UCAPAN TERIMA KASIH

Ucapan terima kasih disampaikan kepada Kepala Pusat Penelitian Oseanografi, Lembaga Ilmu Pengetahuan Indonesia (LIPI) yang mengizinkan penelitian ini berlangsung. Ucapan terima kasih disampaikan kepada Aji Nugroho yang membantu dalam pengambilan sampel. Penelitian ini dibiayai oleh Pusat Penelitian Oseanografi LIPI melalui dana COREMAP-CTI tahun 2019.

DAFTAR ACUAN

- Briski, E., Cristescu, E., Bailey, S., & MacIsaac, H. (2011). Use of DNA barcoding to detect invertebrate invasive species from diapausing eggs. *Biological Invasions*, 13(6), 1325-1340.
- Convention on International Trade In Endangered Species of Wild Fauna and Flora [CITES]. (2020). Appendices I, II and III. Geneva: UN Environment Programme (UNEP), 74 pp.
- Freeland, J.R., Kirk, H., & Petersen, S. (2012). Genetic analysis of multiple populations in molecular ecology. 2nd edition. New York: John Wiley and Sons.
- Hebert, P.D.N., Cywinska, A., Ball, S., & deWaard, J.R. (2003). Biological identifications through DNA barcodes. *Proceeding Biological Sciences Royal Society London B*, 270, 313-21.
- Hoareau, T.B. & Boissin, E. (2010). DNA barcoding design of phylum-specific hybrid primers for DNA barcoding: addressing the need for efficient COI amplification in The Echinodermata. *Molecular Ecology Resources*, 10, 960-967.
- Honey, E.M., Figueras, L.A., & Marín, S.F.A. (2012). Molecular phylogeny of the subgenus *Holothuria* (Selenkothuria) Deichmann, 1958 (Holothuroidea: Aspidochirotida). *Zool. J. Linn. Soc.*, 165(1), 109-120.
- Madduppa, H., Taurusman, Am.A., Subhan, B., Anggraini, N.P., Fadillah, R., & Tarman, K. (2017). Short communication: DNA barcoding reveals vulnerable and not evaluated species of sea cucumbers (Holothuroidea and Stichopodidae) from Kepulauan Seribu Reefs, Indonesia. *Biodiversitas*, 18(3), 893-898.
- Patantis, G., Dewi, A.S., Fawzya, Y.N., & Nursid, M. (2019). Identification of Beche-de-mers from Indonesia by molecular approach. *Biodiversitas*, 20(2), 537-543.
- Rasyid, A., Wahyuningsih, T., & Ardiansyah, A. (2018). Profil metabolit sekunder, aktivitas antibakteri dan komposisi senyawa yang terkandung dalam ekstrak metanol teripang *Stichopus horrens*. *Jurnal Ilmu dan Teknologi Kelautan Tropis*, 10(2), 333-340.
- Setyastuti, A., Wirawati, I., Permadi, S., & Vimono, I.B., (2019). Teripang Indonesia: Jenis, sebaran, dan status nilai ekonomi. Bogor: PT. Media Sains Nasional, 75 hlm.
- Tangko, A.M. (2009). Present status produksi dan budidaya teripang di Sulawesi Selatan. *Media Akuakultur*, 4(1), 32-39.
- Tamura, K., Peterson, D., Peterson, N., Stecher, G., Nei, M., & Kumar, S. (2011). MEGA5: molecular evolutionary genetics analysis using maximum likelihood, evolutionary distance, and maximum parsimony methods. *Molecular Biology and Evolution*, 28, 2731-2739.
- Trivedi, S., Aloufi, A.A., Ansari, A.A., & Ghosh, S.K. (2016). Review: Role of DNA barcoding in marine biodiversity assessment and conservation: An update. *Saudi Journal of Biological Sciences*, 23, 161-171.
- Wirawati, I., Setyastuti, A., & Purwati, P. (2019). Timun Laut dari Perairan Dangkal Indonesia. Jakarta: Media Sains Nasional, 93 hlm.
- Wibowo, T.J., Murniasih, T., Kellermann, M.Y., Versluis, D., Putra, M.Y., Praditya, D.F., Mohr, K.I., Wink, J., Engelmann, M., Steinmann, E., & Schupp, P.J. (2019). Biotechnological potential of bacteria isolated from the sea cucumber *Holothuria leucospilota* and *Stichopus vastus* from Lampung, Indonesia. *Marine. Drugs*, 17(635), 1-25.
- Zein, M.S.A. & Prawiradilaga, D.M. (2013). DNA barcode fauna Indonesia. Jakarta: Prenada Media, 260 hlm.