

# Identifikasi Molekuler Udang *Penaeid* dengan Pendekatan DNA Barcoding

## *Molecular identification of penaeid shrimp using DNA barcoding approach*

Dandi Saleky<sup>1\*</sup>, Muhammad Dailami<sup>2</sup>, Jemmy Manan<sup>3</sup>, Abraham Welliam Manumpil<sup>3</sup>

<sup>1</sup>Jurusan Manajemen Sumberdaya Perairan, Faperta Universitas Musamus Merauke, 99611, Indonesia. E-mail:

<sup>2</sup>Program Studi Budidaya Perairan, Departemen Manajemen Sumberdaya Perikanan dan Kelautan, Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan, Universitas Brawijaya, Malang 65145, Indonesia.

<sup>3</sup>Jurusan Ilmu Kelautan, Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan, Universitas Papua, 98314, Indonesia.

### Info Artikel:

Diterima: 29/08/2022

Disetujui: 17/10/2022

Dipublikasi: 26/10/2022

### Kata Kunci:

*Mierspenaeopsis sculptilis* (Heller, 1862), DNA barcoding, gen COI, filogenetik.

### Keywords:

*Mierspenaeopsis sculptilis* (Heller, 1862), DNA barcoding, gen COI, phylogenetic.

### \*Korespondensi:

[dandi@unmus.ac.id](mailto:dandi@unmus.ac.id)



Copyright © 2022 Author(s)

<https://ojs.poltesa.ac.id/index.php/nekton>

**Abstrak.** Udang *Penaeid* (Crustacea: Decapoda) merupakan komoditas perikanan penting dalam kehidupan manusia baik dalam sisi ekonomi, ekologi maupun dalam pemenuhan gizi manusia. Udang *Penaeid* tersebar dan melimpah di pesisir Merauke dan menjadi salah satu komoditas unggulan pada sektor perikanan. Permasalahan identifikasi pada kelompok udang *Penaeid* ini merupakan masalah yang masih sering terjadi sampai saat ini. Permasalahan identifikasi sering tidak dilakukan karena dianggap tidak penting padahal dapat menjadi informasi penting untuk kegiatan konservasi dan pengelolaan berkelanjutan. Penelitian ini dilakukan dengan tujuan mengidentifikasi spesies udang *Penaeid* dari Pantai Payum Kabupaten Merauke Papua, dengan pendekatan DNA barcoding, menggunakan Gen Sitokrom Oksidase I. Hasil analisis menunjukkan bahwa spesies yang dikoleksi adalah *Mierspenaeopsis sculptilis* (Heller, 1862) dengan tingkat kemiripan 97,38%. Jarak genetik dan tingkat similaritas DNA sangat berpengaruh dalam rekonstruksi filogenetik. Identifikasi dengan DNA barcoding telah berhasil mengidentifikasi spesies secara cepat dan akurat serta dapat digunakan untuk mengkonfirmasi spesies yang telah diidentifikasi sebelumnya berdasarkan karakter morfologi.

**Abstract.** *Penaeid Shrimp* (Crustacea: Decapoda) is an important fishery commodity in human life both in terms of economy, ecology, and nutrition. *Penaeid shrimp* are widely distributed and abundant on the coast of Merauke and become one of the leading commodities in the fisheries sector. The identification problem in the *Penaeid shrimp* group is a problem that still often occurs today. Identification problems are often not carried out because they are considered unimportant even though they can be important information for conservation and sustainable management. This study was conducted to identify the *Penaeid Shrimp* from Payum Beach, Merauke Regency, Papua by using a DNA barcoding approach with the Cytochrome Oxidase I Gene. The results of the analysis showed that the species of specimens was *Mierspenaeopsis sculptilis* (Heller, 1862) with a similarity level of 97.38%. Genetic distance and level of DNA similarity are very influential in phylogenetic reconstruction. Identification with DNA barcoding has succeeded in identifying species quickly and accurately and can be used to confirm previously identified species based on morphological characters.

## PENDAHULUAN

Udang *Penaeid* (Crustacea: Decapoda) merupakan komoditas perikanan penting dalam kehidupan manusia baik dalam sisi ekonomi maupun dalam pemenuhan gizi manusia (Castillo-Juárez et al., 2007; 2015). Kelompok udang tersebut adalah kelompok udang laut yang paling melimpah di perairan tropis dan subtropis di seluruh dunia (Samadi et al., 2016). Daerah penyebarannya luas di berbagai daerah di Asia dan Amerika (FAO, 2014). Udang *Penaeid* terdiri dari ratusan spesies dan beberapa spesies diantaranya merupakan spesies ekonomis penting, tetapi permasalahan taksonomi pada kelompok udang *Penaeid* ini

merupakan masalah yang masih sering terjadi sampai saat ini (Hurzaid et al., 2020; Samadi et al., 2016).

Udang *Penaeid* memiliki peranan penting baik secara ekonomis maupun secara ekologi dalam hubungannya dengan interaksi trofik dalam ekosistem perairan (Sentosa et al., 2017). Udang *Penaeid* tersebar dan melimpah di perairan pesisir Merauke dan menjadi salah satu komoditas unggulan disektor perikanan Merauke (Lantang et al., 2020; Melmambessy, 2011). Berbagai jenis udang dapat ditemukan di perairan pesisir Merauke seperti *Penaeus merguensis*, *Penaeus monodon*, *Metapenaeus endeavouri*, *Metapenaeus brevicornis*, *Metapenaeus eborensis*, *Penaeus semisulcatus*, *Metapenaeus ensis*, dan *Penaeus indicus* (Duwi et al., 2019; Lantang & Merly, 2017). Banyaknya spesies udang yang memiliki kemiripan morfologi dan juga distribusi spesies udang yang luas dapat menyebabkan terjadinya kesalahan identifikasi spesies (Zhou et al., 2021). Selain itu tiap spesies udang memiliki kunci identifikasi dan keunikan tersendiri antar spesies yang membuat identifikasi spesies semakin sulit dilakukan (Zhang et al., 2010).

Identifikasi spesies merupakan unit fundamental dalam penelitian biologi dan melalui identifikasi dapat menggambarkan karakteristik spesies (Luo et al., 2018). Hasil identifikasi sangat bermanfaat dalam kegiatan pengelolaan dan konservasi suatu spesies (Achmad et al., 2020). Klasifikasi taksonomi melalui pendekatan morfologi dan genetik penting dilakukan agar dapat menjelaskan lebih banyak tentang keanekaragaman spesies disuatu wilayah tertentu (Zhang et al., 2010). Identifikasi yang dilakukan dapat berdasarkan pada karakteristik morfologi maupun berdasarkan karakter molekuler (Thu et al., 2019).

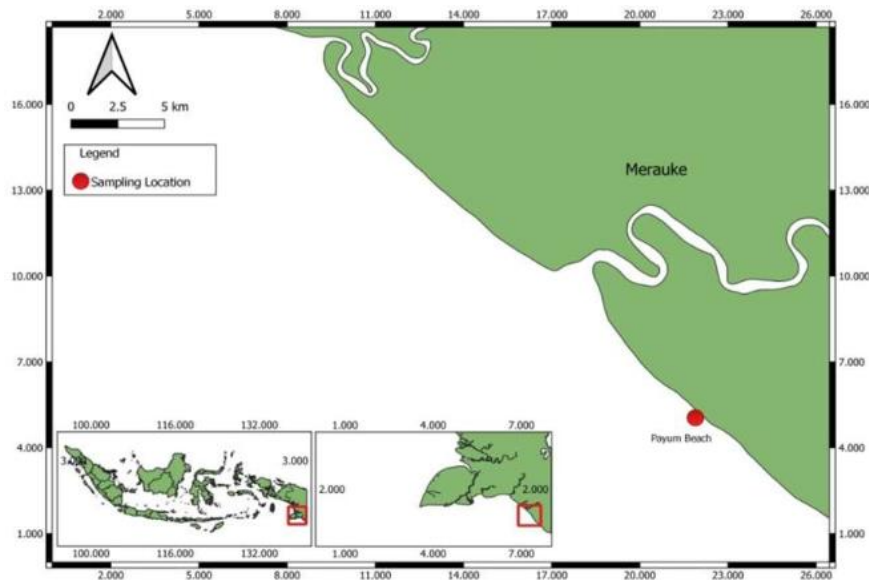
Identifikasi menggunakan DNA *barcoding* telah dilakukan pada berbagai spesies di perairan Merauke seperti gastropoda (Saleky & Merly, 2021), ikan *Oreochromis* sp. (Dailami et al., 2021) dan ikan Barramundi (Saleky & Dailami, 2021). Penelitian ini dilakukan sebagai bentuk konfirmasi spesies berdasarkan basis data genetik melalui teknik DNA *barcoding* yang mana teknik DNA *barcoding* secara umum telah berhasil mengidentifikasi spesies secara cepat dan akurat (Madduppa et al., 2017). Pengumpulan data berbasis data genetik sebagai dasar dalam kegiatan konservasi keanekaragaman hayati dan pengelolaan spesies asli yang berkelanjutan. Kesenjangan pengetahuan kritis dalam taksonomi, populasi dan pola distribusi harus diisi sebelum keputusan apa pun dapat diambil tentang pengelolaan konservasi yang bermakna secara biologis dan efektif (Chen et al., 2020).

## METODE PENELITIAN

### Lokasi Pengambilan Sampel

Satu sampel jaringan udang *Penaeid* dikoleksi dari Pantai Payum Kabupaten Merauke (Gambar 1). Jaringan *tissue* yang diperoleh kemudian disimpan dalam botol sampel berisi ethanol 96% dan disimpan sampai proses

analisis molekuler. Analisis molekuler dilakukan di Laboratorium Biodiversitas Indonesia (BIONESIA) Bali untuk mendapatkan *fragment* DNA.



Gambar 1. Lokasi pengambilan sampel udang *Penaeid*

### Analisis Molekuler

Primer yang digunakan dalam penelitian ini menggunakan dua primer universal yang banyak digunakan untuk identifikasi dengan gen COI yaitu primer *forward* LCO1490 (5'-GGTCA ACAA TCATA AAGAT ATTGG-3') dan primer *reverse* HCO2198 (5'-TAAAC TTCAG GGTGA CCAA AAATC A-3') (Folmer et al., 1994). Reaksi PCR menggunakan volume 25  $\mu$ l dengan jumlah *template* DNA 1 - 4  $\mu$ l dan terdiri dari 12,5  $\mu$ l GO TAG Green Master mix, 7  $\mu$ l ddH<sub>2</sub>O dan 1,25  $\mu$ l *forward and reverse* primer. Profil PCR meliputi denaturasi awal 94 °C selama 15 detik, denaturasi 94 °C selama 30 detik, *annealing* pada 50 °C selama 30 detik dan *extention* pada 72 °C selama 45 detik dan final *extention* pada 72 °C selama 10 menit, semua proses tersebut dilakukan dengan pengulangan sebanyak 40 siklus.

### Analisis Data

Hasil *sequencing* diproses menggunakan model ClustalW (1.6) (Tamura et al., 2021) menggunakan program MEGA 11 (*Molecular Evolutionary Genetic Analysis*). Data yang telah diproses dicocokkan dengan data genetik pada GeneBank dari NCBI (*National Center for Biotechnology Information*) menggunakan BLAST (*Basic Local Alignment Search Tool*). Data genetik diunduh dari GenBank (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) dan digunakan sebagai pembandingan antara udang *Penaide* dari Merauke dengan udang *Penaide* dari daerah lain. Perhitungan jarak genetik (D) antar spesies dihitung dan pohon filogenetik juga direkonstruksi menggunakan aplikasi MEGA 11 (Tamura et al., 2021). Rekonstruksi pohon filogenetik udang *Penaeid* menggunakan metode *Neighbour-Joining* (NJ) dengan model Kimura 2-parameter, nilai *bootstrap* 1000x.

32

How to Cite/ Cara sitasi:

Saleky, D., Dailami, M., Manan, J., & Manumpil, A. W. (2022). Identifikasi Molekuler Udang *Penaeid* dengan Pendekatan DNA Barcoding. *NEKTON: Jurnal Perikanan dan Ilmu Kelautan*, 2(2), 30-41. <https://doi.org/10.47767/nekton.v2i2.395>

Tabel 1. Data *sequence* yang digunakan dalam analisis filogenetik

No	Spesies	Lokasi	Acc. Number	Sumber
1	<i>Mierspenaeopsis sculptilis</i>	Brazil	MN307453	-
2	<i>Mierspenaeopsis sculptilis</i>	Mozambique	KP297901	(Simbine et al., 2018)
3	<i>Mierspenaeopsis sculptilis</i>	Mozambique	KP297897	(Simbine et al., 2018)
4	<i>Mierspenaeopsis sculptilis</i>	Mozambique	KP297899	(Simbine et al., 2018)
5	<i>Mierspenaeopsis sculptilis</i>	Mozambique	KP297897	(Simbine et al., 2018)
6	<i>Mierspenaeopsis sculptilis</i>	Mozambique	KP297898	(Simbine et al., 2018)
7	<i>Penaeus merguensis</i>	Thailand	HQ206386	(Wanna et al., 2004)
8	<i>Penaeus indicus</i>	Bangladesh	CRU028	(Habib et al., 2021)
9	<i>Mierspenaeopsis hardwickii</i>	China	MT710224	(Xinzheng et al., 2014)

## HASIL DAN PEMBAHASAN

### Identifikasi Morfologi

Berdasarkan karakter morfologi, sampel yang dikoleksi adalah jenis udang *Penaeid* (Gambar 2). Udang *Penaeid* merupakan udang yang tergolong ke dalam *family penaidae*. Secara morfologi kulitnya berwarna belang-belang seperti kulit harimau sehingga sering dikenal dengan nama udang krosok, udang pelangi maupun udang loreng. Udang tersebut mempunyai dua pasang kaki yaitu kaki renang dan kaki jalan, jumlah kaki jalan pada udang ini mencapai tiga pasang dan kaki renang berjumlah lima pasang dengan memiliki satu pasang *antennule*.

Habitat hidup udang ini umumnya pada substrat berlumpur, berpasir ataupun campuran lumpur dan pasir. Kemiripan morfologi membuat identifikasi dilakukan sampai pada tingkatan *family*. Identifikasi spesies kemudian dilanjutkan dengan identifikasi berdasarkan data genetik menggunakan gen COI yang merupakan gen yang umum dipergunakan dalam identifikasi molekuler pada berbagai spesies.



Gambar 2. Morfologi udang *Penaeid* yang dikoleksi dari Pantai Payum Merauke, Papua

Beberapa penelitian telah dilakukan sebelumnya dengan mengidentifikasi berbagai jenis udang laut yang tersebar di perairan pesisir Merauke yaitu spesies

*Penaeus merguensis*, *Penaeus monodon*, *Metapenaeus endeavouri* *Metapenaeus brevicornis*, *Metapenaeus eborensis*, *Penaeus semisulcatus*, *Metapenaeus ensis* dan *Penaeus indicus* (Duwi et al., 2019; Lantang & Merly, 2017). Perairan Merauke yang kaya sumber daya didukung oleh kondisi lingkungan yang sesuai dalam mendukung distribusi udang. Beberapa parameter lingkungan yang mendukung dalam distribusi udang *Penaeid* di perairan pesisir Merauke adalah suhu dan kecerahan perairan (Lantang & Merly, 2017).

**Karakter Molekuler**

Hasil analisis molekuler Panjang *sequence* DNA udang *Penaeid* yang dianalisis adalah 650 *baispairs* (bp). Panjang ukuran *sequence* tersebut memiliki panjang yang relatif sama beberapa *fragment* DNA yang ditemukan pada *sequence* DNA organisme lainnya seperti udang mantis (Dailami et al., 2022), gastropoda (Saleky et al., 2020; Saleky et al., 2021), maupun ikan nila (Dailami et al., 2021). Dapat disimpulkan hasil tersebut merupakan hasil yang tepat untuk DNA *barcoding* dengan gen COI pada udang *family penaeidae*. Letak perbedaan basa suatu spesies dapat diketahui dengan melakukan analisis polimorfik *site*. Analisis ini bertujuan untuk mengetahui letak *site* yang mengalami variasi (perubahan) dalam satu spesies yang sama.

Tabel 2 Analisis polimorfik *site* pada *M. sculptilis*

Spesies	Polimorfik <i>site</i> (pada basa ke-)																			
	1 1 1 1 2 2 2 3 4 4 4 5 5 5 6																			
	1	2	6	8	0	0	4	9	8	9	9	5	0	1	8	3	5	6	3	
	2	0	2	4	2	0	3	8	7	0	4	7	1	3	8	4	3	0	5	7
	C	T	T	A	T	T	C	C	T	C	G	G	A	A	G	A	C	T	C	C
<i>M. sculptilis</i> (Merauke-Indonesia)	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
<i>M. sculptilis</i> (MN307453.1 Brazil)	T	C	C	T	G	C	T	T	C	T	A	A	G	C	A	G	T	C	T	T
<i>M. sculptilis</i> (KP297901.1 Mozambique)	.	.	C	T	G	C	T	T	C	T	A	A	G	C	A	G	T	C	T	T
<i>M. sculptilis</i> (KP297900.1 Mozambique)	.	.	C	T	G	C	T	T	C	T	A	A	.	C	A	G	T	C	T	T
<i>M. sculptilis</i> (KP297899.1 Mozambique)	.	.	C	T	G	C	T	T	C	T	A	A	G	C	A	G	T	C	T	T
<i>M. sculptilis</i> (KP297897.1 Mozambique)	.	.	C	T	G	C	T	T	C	T	A	A	G	C	A	G	T	C	T	T
<i>M. sculptilis</i> (KP297898.1 Mozambique)	.	.	C	T	G	C	T	T	C	T	A	A	G	C	A	G	T	C	T	T

\*Keterangan: simbol titik-titik menunjukkan basa yang terdapat pada kolom sesuai dengan basa pada kolom atas (garis kuning)

Berdasarkan hasil analisis, pada *M. sculptilis* terdapat 20 titik mutasi yang menghasilkan 4 variasi *haplotype*. Penyebab dari perubahan urutan basa ini salah satunya yaitu individu tersebut melakukan adaptasi dengan lingkungannya sehingga terjadi perubahan urutan basa (Kusuma et al., 2016).

Tabel 3. Hasil identifikasi *sequence M. sculptilis* menggunakan BLAST NCBI

No	Id	Analisis BLAST	Query cover (%)	E-value	Identity (%)	Genbank Accession
1	Merauke-01	<i>M. sculptilis</i>	100	0,00	97,38	MH429355.1

*E-value* 0,00 (Tabel 3) menunjukkan urutan spesimen pada penelitian ini identik yaitu dari genus maupun spesies. Nilai *query cover* sampel sebesar 100%. Hasil ini menunjukkan kesesuaian panjang urutan sampel dengan database spesies di GenBank. Semakin tinggi nilai persentase *query cover*, semakin tinggi tingkat homologinya (Nugraha et al., 2011; Tindi et al., 2017).

Hasil identifikasi menggunakan BLAST NCBI, 1 spesies udang yang dikoleksi dari Pantai Payum Kabupaten Merauke Papua adalah udang *Mierspenaeopsis sculptilis* (Heller, 1862) yang umum dinamakan udang krosok, udang pelangi maupun udang loreng dengan tingkat similaritas 97,38%. Nilai ini relatif tinggi dan didukung oleh nilai *e-value* dan *query cover* yang mendukung identifikasi menggunakan BLAST NCBI (Hikam et al., 2021).

Beberapa penelitian yang dilakukan sebelumnya tidak ditemukan spesies *Mierspenaeopsis sculptilis* (Heller, 1862) sehingga hasil penelitian ini menjadi sangat penting dalam mengkonfirmasi spesies dan distribusinya. Komposisi nukleotida dan komposisi rata-rata basa DNA yang ditemukan pada udang pelangi tersebut adalah Thymine (T) (33,69%), Cytosine (C) (21,85%), Adenine (A) (27,08%), dan Guanine (G) (17,38%). Total nukleotida G+C dari fragmen Gen COI udang Pelangi adalah 39,23% dan A+T yaitu 60,77%, yang menunjukkan bahwa jumlah G+C lebih sedikit dari pada jumlah basa A+T sehingga menyebabkan suhu denaturasi menjadi lebih rendah (Dailami et al., 2022). Ditemukan pula 20 mutasi titik dari 7 *sequence* yang dianalisis. Mutasi tersebut menyebabkan terjadinya variasi nukleotida pada gen COI (Kairupan et al., 2015).

### Jarak Genetik dan Filogenetik

Data genetik berperan penting dalam pengelolaan dan konservasi perikanan khususnya berhubungan konektivitas antar wilayah dan juga struktur populasi spesies (Saleky & Dailami, 2021). Melalui data genetik dapat menjawab berbagai masalah yang tidak bisa terselesaikan melalui data morfologi maupun ekologi. Penggunaan analisis jarak genetik dapat menjadi dasar dalam mempelajari evolusi molekuler, rekonstruksi filogenetik dan perkiraan waktu evolusi (Sohpal, 2013). Model Kimura 2-Parameter dipergunakan untuk menganalisis jarak genetik *M. sculptilis* (Tabel 4).

Tabel 4. Jarak genetik antar individu dan spesies *M. sculptilis*

No	Spesies	1	2	3	4	5	6
1	<i>M. sculptilis</i> (Merauke-Indonesia)	*	*	*	*	*	*
2	<i>M. sculptilis</i> (MN307453.1_Brazil)	0,0316	*	*	*	*	*
3	<i>M. sculptilis</i> (KP297901.1_Mozambique)	0,0284	0,0031	*	*	*	*
4	<i>M. sculptilis</i> (KP297900.1_Mozambique)	0,0268	0,0046	0,0015	*	*	*
5	<i>M. sculptilis</i> (KP297899.1_Mozambique)	0,0284	0,0031	0,000	0,0015	*	*
6	<i>M. sculptilis</i> (KP297897.1_Mozambique)	0,0284	0,0031	0,000	0,0015	0,000	*
7	<i>M. sculptilis</i> (KP297898.1_Mozambique)	0,0284	0,0031	0,000	0,0015	0,000	0,000

Jarak genetik spesies udang *M. sculptilis* asal Merauke memiliki jarak genetik yang sangat rendah dengan udang *M. sculptilis* asal Brazil maupun Mozambique yang memiliki jarak genetik dengan jarak genetik 0,0284 dan 0,0316. Nilai jarak genetik tersebut sangat kecil dan kurang dari 2%. Jarak genetik genetik kurang dari 2% dapat dikatakan merupakan spesies yang sama (Cai et al., 2016).

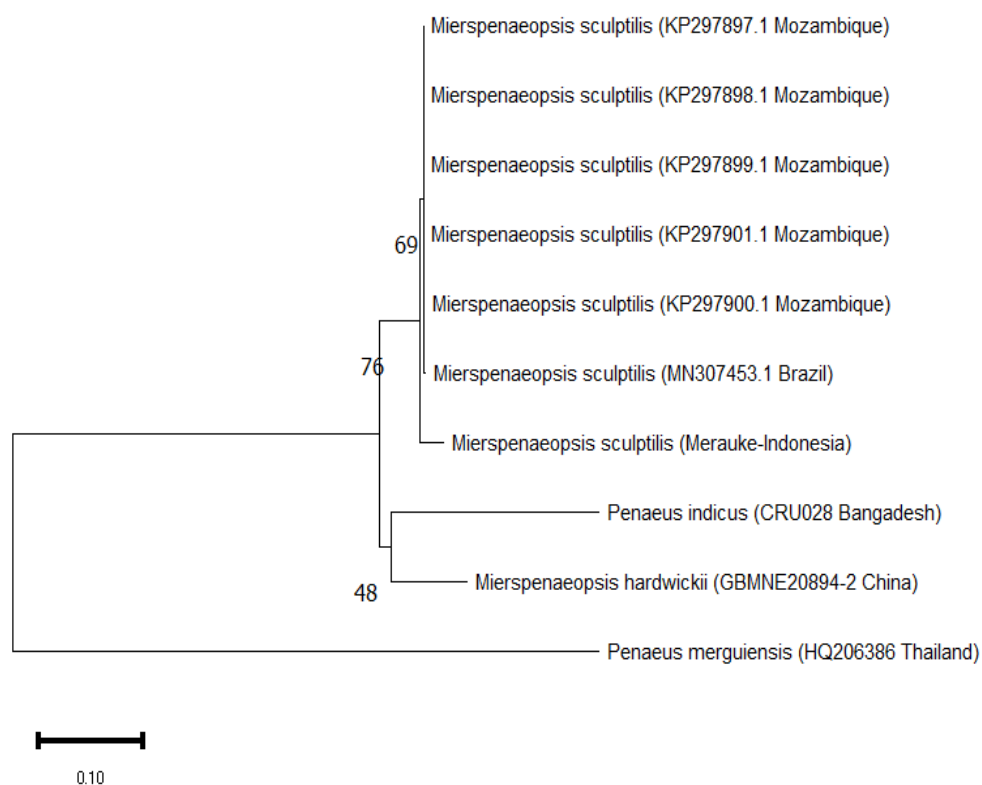
Tabel 5. Jumlah dan Sebaran *Haplotype M. sculptilis*

No	Haplotype	Jumlah	Id Sampel
1	Haplotype 1	1	- <i>M. sculptilis</i> (Merauke_Indonesia)
2	Haplotype 2	1	- <i>M. sculptilis</i> (MN307453.1_Brazil)
3	Haplotype 3	4	- <i>M. sculptilis</i> (KP297901.1_Mozambique), - <i>M. sculptilis</i> (KP297899.1_Mozambique), - <i>M. sculptilis</i> (KP297897.1_Mozambique), - <i>M. sculptilis</i> (KP297898.1_Mozambique)
4	Haplotype 4	1	- <i>M. sculptilis</i> (KP297900.1_Mozambique)

Sebanyak 4 *haplotype* (Tabel 5) diperoleh dari hasil analisis 7 *sequence* DNA *M. sculptilis* dari 3 lokasi berbeda yaitu Merauke Indonesia, Brazil dan Mozambique dengan keragaman *haplotype* 0,7143. Keragaman *haplotype* relatif tinggi karena perbandingan antara jumlah sampel yang dianalisis dengan jumlah *haplotype* yang ditemukan. Nilai keragaman *haplotype* dapat berubah dengan

bertambahnya sampel *sequence* DNA *M. Sculptilis* yang dianalisis. Semakin banyak data *sequenced* DNA yang dianalisis maka kemungkinan bertambahnya *haplotype* yang diperoleh semakin tinggi. Kelangsungan hidup suatu spesies sangat dipengaruhi oleh variasi *haplotype* di alam (Rachmat et al., 2016). Seleksi alam, mutasi dan aliran gen adalah beberapa faktor yang mempengaruhi variasi *haplotype* spesies (Adams et al., 2019).

Total 4 *haplotype* ditemukan dari 7 *sequence* yang dianalisis (Tabel 5). Terdapat perbedaan variasi *haplotype* *M. Sculptilis* asal Merauke dengan *M. Sculptilis* asal Brazil maupun Mozambique. Hasil ini mengindikasikan tidak terjadinya *sharring* genetik antar lokasi tersebut sehingga tidak terjadi pencampuran variasi genetik. Rekonstruksi filogenetik menggunakan metode *Neighbour-Joining* (NJ) dengan model Kimura 2-parameter, nilai *bootstrap* 1000x. sebagai *outgroup* digunakan spesies *Penaeus merguensis*, *Penaeus indicus*, *Mierspenaeopsis hardwickii* sebagai pembandingan (Gambar 3).



Gambar 3. Rekontruksi pohon filogenetik udang pelangi (*M. sculptilis*)

Udang *M. sculptilis* asal Merauke Indonesia, membentuk *clade* yang sama dengan *M. sculptilis* asal Brazil maupun Mozambique karena merupakan spesies yang sama, sedangkan spesies udang lainnya membentuk *clade* tersendiri. Rekonstruksi filogenetik juga didukung oleh jarak genetik yang terbentuk antara *M. sculptilis* asal Merauke dan *M. sculptilis* asal Brazil dan Mozambique sebesar 0,0284 dan 0,0316. Hasil penelitian ini juga berhasil mengkonfirmasi keberadaan spesies *Mierspenaeopsis sculptilis* (Heller, 1862) yang hidup dan terdistribusi di perairan pesisir Merauke.



## KESIMPULAN

Hasil analisis DNA *barcoding*, diperoleh spesies yang dianalisis adalah udang *Mierspenaeopsis sculptilis* (Heller, 1862) dengan panjang *sequence* 650 bp. Hasil penelitian ini juga berhasil mengkonfirmasi keberadaan spesies *Mierspenaeopsis sculptilis* (Heller, 1862) yang hidup dan terdistribusi di perairan pesisir Merauke. Penelitian juga menunjukkan pentingnya studi DNA *barcoding* dalam identifikasi spesies secara cepat, tepat dan efisien.

## DAFTAR PUSTAKA

- Achmad, M. J., Subur, R., & Akbar, N. (2020). DNA barcode and phylogenetics of green humphead parrotfish (*Bolbometopon muricatum*) in North Maluku waters. *AAFL Bioflux*, 13(5), 2779–2787.
- Adams, C. I. M., Knapp, M., Gemmell, N. J., Jeunen, G. J., Bunce, M., Lamare, M. D., & Taylor, H. R. (2019). Beyond biodiversity: Can environmental DNA (eDNA) cut it as a population genetics tool?. *Genes*, 10(3), 192. <https://doi.org/10.3390/genes10030192>
- Cai, Y., Zhang, L., Wang, Y., Liu, Q., Shui, Q., Yue, B., Zhang, Z., & Li, J. (2016). Identification of deer species (Cervidae, Cetartiodactyla) in China using mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I (mtDNA COI). *Mitochondrial DNA Part A: DNA Mapping, Sequencing, and Analysis*, 27(6), 4240–4243. <https://doi.org/10.3109/19401736.2014.1003919>
- Castillo-Juárez, H., Campos-Montes, G. R., Caballero-Zamora, A., & Montaldo, H. H. (2015). Genetic improvement of Pacific white shrimp (*Penaeus (Litopenaeus) vannamei*): Perspectives for genomic selection. *Frontiers in Genetics*, 6. <https://doi.org/10.3389/fgene.2015.00093>
- Castillo-Juárez, H., Casares, J. C. Q., Campos-Montes, G., Vilella, C. C., Ortega, A. M., & Montaldo, H. H. (2007). Heritability for body weight at harvest size in the Pacific white shrimp, *Penaeus (Litopenaeus) vannamei*, from a multi-environment experiment using univariate and multivariate animal models. *Aquaculture*, 273(1), 42–49. <https://doi.org/10.1016/j.aquaculture.2007.09.023>
- Chen, Q., Chen, W., Zheng, X., & Guo, Z. (2020). Two freshwater shrimp species of the genus *Caridina* (Decapoda, Caridea, Atyidae) from Dawanshan Island, Guangdong, China, with the description of a new species. *ZooKeys*, 923, 15–32. <https://doi.org/10.3897/zookeys.923.48593>
- Dailami, M., Rahmawati, A., Saleky, D., & Toha, A. H. A. (2021). DNA barcoding of tilapia fish from Merauke, Papua and Malang, East Java-Indonesia. *AAFL Bioflux*, 14(2), 849–858.
- Dailami, M., Saleky, D., Toha, A. H. A., Panji, L., & Agamawan, I. (2022). Identifikasi Genetik Udang Mantis Dengan Pendekatan DNA Barcoding Gen

- Sitokrom Oksidase 1 (CO1). *Acropora*, 5(1), 37–43. <https://doi.org/10.31957/acr.v5i1.2269>
- Duwi, R. S., Melmambessy, E, H, P., & Lantang, B. (2019). Perbandingan Hasil Tangkapan Udang Putih (*Penaeus Merquiensis* de Man 1888) di Perairan Pantai Kumbe dan Kaiburse. *Agricola*, 9(2), 55–60.
- Folmer, O., Black, M., Hoeh, W., Lutz, R., & Vrijenhoek, R. (1994). DNA primers for amplification of mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I from diverse metazoan invertebrates. *Molecular Marine Biology and Biotechnology*, 3(5), 294–299. <https://doi.org/10.1071/ZO9660275>
- Food and Agriculture Organization of the United Nations. (2014). *The State of Food and Agriculture 2014*. Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO).
- Habib, K. A., Neogi, A. K., Rahman, M., Oh, J., Lee, Y.H., & Kim, C.-G. (2021). DNA barcoding of brackish and marine water fishes and shellfishes of Sundarbans, the world's largest mangrove ecosystem. *PLoS One*, 1–17. <https://doi.org/https://doi.org/10.1371/journal.pone.0255110>
- Heller, C. (1862). Neue Crustaceen, gesammelt während der Weltumseglung der k.k. Fregatte Novara. Zweiter vorläufiger Bericht. *Verhandlungen der kaiserlich-königlichen zoologisch-botanischen Gesellschaft in Wien*, 12, 519–528.
- Hikam, A. M., Mubarakati, N. J., Dailami, M., & Toha, A. H. A. (2021). DNA barcoding pada invertebrata laut DNA barcoding on marine invertebrates. *J Biologi Udayana*, 25(1), 46–56.
- Hurzaid, A., Chan, T. Y., Mohd Nor, S. A., Muchlisin, Z. A., & Chen, W. J. (2020). Molecular phylogeny and diversity of penaeid shrimps (Crustacea: Decapoda) from South-East Asian waters. *Zoologica Scripta*, 49(5), 596–613. <https://doi.org/10.1111/zsc.12428>
- Kairupan, C. F., Koneri, R., & Tallei, T. E. (2015). Variasi Genetik *Troides helena* (Lepidoptera: Papilionidae) Berdasarkan Gen COI (Cytochrome C Oxydase I). *Jurnal MIPA*, 4(2), 141–147. <https://doi.org/10.35799/jm.4.2.2015.9039>
- Kusuma, R., Sa'diyah, N., & Nurmiaty, Y. (2016). Keragaman fenotipe dan heritabilitas kedelai (*Glycine max* [L.] Merrill) generasi F5 hasil persilangan Wilis x B3570. *Jurnal Penelitian Pertanian Terapan*, 15(3), 200–207.
- Lantang, B., Melmambessy, E. H. P., & Rini, A. C. (2020). Kabupaten Merauke Shrimp of Catch in the Kumbe Coastal Waters and Kaiburse Coastal Waters at Malind District , Merauke. *J IPTEKS Pemanfaatan Sumberdaya Perikanan*, 7(14), 163–176.
- Lantang, B., & Merly, S. L. (2017). Analisis daerah penangkapan udang penaeid berdasarkan faktor fisika, kimia dan biologi di Perairan Pantai Payum – Lampu Satu Kabupaten Merauke Papua. *Agricola*, 7(2), 109–120.

- Luo, A. R., Ch, L. G., Ho, W. Y. S., & Zhu, D. C. (2018). Comparison of methods for molecular species delimitation across a range of speciation scenarios. *Systematic Biology*, 67, 830–846. <https://doi.org/10.1093/sysbio/yy011>
- Madduppa, H., Taurusman, A. 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. <https://doi.org/10.13057/biodiv/d180305>
- Melmambbessy, E. (2011). Ukuran pertama kali matang gonad udang *Penaeus merguensis* De Man (1988) di Laut Arafura pada Distrik Naukenjerai Kabupaten Merauke. *Agrikan: Jurnal Agribisnis Perikanan*, 4(2), 75–81. <https://doi.org/10.29239/j.agrikan.4.2.75-81>
- Nugraha, B., Novianto, D., & Barata, A. (2011). Keragaman genetik ikan tuna mata besar (*Thunnus obesus*) di Samudera Hindia. *J. Lit. Perikan. Ind*, 17(4), 277–284.
- Rachmat, H. H., Subiakto, A., & Kamiya, K. (2016). Short Communication: Genetic diversity and conservation strategy considerations for highly valuable medicinal tree of *Taxus sumatrana* in Indonesia. *Biodiversitas*, 17(2), 487–491. <https://doi.org/10.13057/biodiv/d170213>
- Saleky, D., & Dailami, M. (2021). Konservasi Genetik Ikan Kakap Putih (*Lates calcarifer*, Bloch, 1790) Melalui Pendekatan DNA Barcoding dan Analisis Filogenetik di Sungai Kumbe Merauke Papua. *Jurnal Kelautan Tropis*, 24(2), 141–150. <https://doi.org/10.14710/jkt.v24i2.10760>
- Saleky, D., & Merly, S. L. (2021). Pendekatan DNA Barcoding untuk Identifikasi *Cassidula angulifera* (Petit, 1841) (Moluska: Gastropoda). *Jurnal Sumberdaya Akuatik Indopasifik*, 5(1), 55–64.
- Saleky, D., Sianturi, R., Dailami, M., & Kusumah, A. B. (2021). Kajian Molekuler Ikan *Oreochromis* spp. dari Perairan Daratan Merauke-Papua, Berdasarkan DNA Mitokondria Fragmen Gen Sitokrom Oksidase Subunit I. *Jurnal Perikanan*, 23(1), 37–43. <https://doi.org/10.22146/jfs.61026>
- Saleky, D., Supriyatin, F. E., & Dailami, M. (2020). Pola Pertumbuhan dan Identifikasi Genetik Turbo setosus Gmelin, 1791 [Turbinidae, Gastropoda]. *Jurnal Kelautan Tropis*, 23(3), 305–315. <https://doi.org/10.14710/jkt.v23i3.7514>
- Samadi, S., Ghavam Mostafavi, P., Rezvani Gilkolai, S., Fatemi, M., & Fazli, H. (2016). Phylogenetic relationships of the commercial marine shrimp family Penaeidae from Persian Gulf. *Iranian J of Fisheries Sciences*, 15(1), 333–346.
- Sentosa, A. A., Hediando, D. A., & Suryandari, A. (2017). Kebiasaan Makanan dan Interaksi Trofik Komunitas Udang Penaeid di Perairan Aceh Timur. *BAWAL*, 9(3), 197–206.
- Simbine, L., Marques, C. ., Freitas, P. ., Samucidine, K. ., Gusmão, J., Tavares, C., & Junior, P. (2018). *Metapenaeus dobsoni* (Miers, 1878), an alien

- Penaeidae in Mozambican coastal waters: Confirmation by mtDNA and morphology analyses. *WIO J. Mar. Sci.*, 17, 1–12.
- Sohpal, V. K., Dey, A., & Singh, A. (2013). Computational Analysis of Distance and Character based Phylogenetic Tree for Capsid Proteins of Human Herpes Virus. *Journal of Data Mining in Genomics & Proteomics*, 4(2), 128. <https://doi.org/10.4172/2153-0602.1000128>
- Tamura, K., Stecher, G., & Kumar, S. (2021). MEGA 11: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 11. *Molecular Biology and Evolution*, 38(7), 3022–3027. <https://doi.org/10.1093/molbev/msab120>
- Thu, P. T., Huang, W. C., Chou, T. K., Van Quan, N., Van Chien, P., Li, F., Shao, K. T., & Liao, T. Y. (2019). DNA barcoding of coastal ray-finned fishes in Vietnam. *PloS ONE*, 14(9), 1–13. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0222631>
- Tindi, M., Mamangkey, N.G.F., & Wullur, S. (2017). DNA Barcode dan analisis filogenetik molekuler beberapa jenis bivalvia asal perairan Sulawesi Utara berdasarkan gen COI. *J Pesisir dan Laut Tropis*, 5(2), 32–38.
- Wanna, W., Jean-LucRolland, Bonhomme, F., & Amornrat Phongdara. (2004). Population genetic structure of *Penaeus merguensis* in Thailand based on nuclear DNA variation. *J of Experimental Marine Biology and Ecology*, 311(1), 63–78. <https://doi.org/https://doi.org/10.1016/j.jembe.2004.04.018>
- Xinzheng, L., Yan, X., & Qi, K. (2014). Molecular Phylogeny of *Parapenaeopsis Alcock*, 1901 (Decapoda: Penaeidae) Based on Chinese Materials and 16S rDNA and COI Sequence. *J. Ocean Univ. China*, 13(1), 104–114. <https://doi.org/10.1007/s11802-014-2272-7>
- Zhang, Q., Cheng, Q., & Guan, W. (2010). Mitochondrial I COI/I Gene Sequence Variation and Taxonomic Status of Three *I Macrobrachium/I* Species. *Zoo Res*, 30(6), 613–619. <https://doi.org/10.3724/sp.j.1141.2009.06613>
- Zhou, C.J., Feng, M.X., Tang, Y.T., Yang, C.X., Meng, X.L., & Nie, G.X. (2021). Species diversity of freshwater shrimp in Henan Province, China, based on morphological characters and COI mitochondrial gene. *Ecology and Evolution*, 11, 10502–10514. <https://doi.org/10.1002/ece3.7855>