Volume 10, nomor 1, tahun 2024

Biogenerasi

Jurnal Pendidikan Biologi

https://e-journal.my.id/biogenerasi

HUBUNGAN KEKERABATAN KEPITING RAJUNGAN (PORTUNUS SP.) BERDASARKAN DNA BARCODING DI PERAIRAN PERCUT SEI TUAN KABUPATEN DELI SERDANG

Arini Zuhra*, Kartika Manalu, Zahratul Idami Universitas Islam Negeri Sumatera Utara, Indonesia
*Corresponding author E-mail: arinizuhra@gmail.com

Abstract

The purpose of this study is to look at the (dominant) crab species found in January (west wind season) in the waters of Percut Sei Tuan based on the genes CO1, and phylogenetics (kinship relationship) of *Portunus* sp. in the waters of Percut with Portunus sp. in NCBI or Genebank. The method used in this study is DNA isolation on specimens using the Favorgen kit locus of the CO1 gene in the genome of the *Portunus* sp. amplified by PCR technique with LCO1940 (forward) and HCO2198 (reverse) primers. The results of the research that have been carried out have found 3 species from the genus *Portunus*, namely P. *sanguinolentus*, P. *trituberculatus* and P. *pelagicus*. Of the three species found in the Percut Sei Tuan Waters, P. *trituberculatus* and P. *pelagicus* have a closer kinship relationship compared to P. *sanguinolentus*, based on the percentage of AT content and GC content, the AT content is higher at 61.03% which means that the three species have primitive properties. The genetic distance between P. *sanguinolentus* and P. *trituberculatus* is closer (19.32) compared to P. *pelagicus*. Based on the phylogenetic tree reconstruction, P. *trituberculatus* and P. *sanguinolentus* are closer to P. *pelagicus* with the Neighbor-Joining method and the Kimura-2-Parameter calculation model. Thus, it can be concluded that DNA barcoding using the CO1 gene locus can be used as a method in identifying Portunus sp. molecularly and kinship relationships with other species.

Keywords: *Portunus* sp., Phylogenetics, Rajungan Crab, Gen CO1

Abstrak

Tujuan dari penelitian ini untuk melihat spesies rajungan (dominan) yang ditemukan pada bulan Januari (musim angin barat) di Perairan Percut Sei Tuan dengan berdasarkan gen CO1, dan filogenetik (hubungan kekerabatan) *Portunus* sp. yang ada di Perairan Percut dengan *Portunus* sp. yang ada di NCBI atau Genebank. Metode yang digunakan dalam penelitian ini yaitu isolasi DNA pada spesimen dengan menggunakan kit *Favorgen* lokus gen CO1 pada genom jaringan *Portunus* sp. di amplifikasi dengan teknik PCR dengan primer LCO1940 (*forward*) dan HCO2198 (*reverse*). Hasil penelitian yang telah dilakukan ditemukan 3 spesies dari genus *Portunus* yaitu *P. sanguinolentus*, *P. trituberculatus* dan *P. pelagicus*. Dari ketiga spesies yang di temukan di Perairan Percut Sei Tuan *P. trituberculatus* dan *P. pelagicus* memiliki hubungan kekerabatan yang lebih dekat dibandingkan dengan *P. sanguinolentus*, berdasarkan persentase AT *content* dan GC *content*, AT *content* lebih tinggi sebesar 61,03% yang berarti ketiga spesies tersebut mempunyai sifat yang primitif. Jarak genetik yang dimiliki ketiga spesies tersebut *P. sanguinolentus* dengan *P. trituberculatus* lebih dekat jarak genetiknya (19.32) dibandingkan dengan *P. plagicus*. Berdasarkan rekonstruksi pohon filogenetik *P. trituberculatus* dengan *P. sanguinolentus* lebih dekat dibandingkan dengan *P. pelagicus* dengan metode *Neighbor-Joining* dan model perhitungan Kimura-2-Parameter. Dengan demikian dapat disimpulkan bahwa DNA barcoding dengan menggunakan lokus gen CO1 dapat digunakan sebagai metode dalam mengidentifikasi *Portunus* sp. secara molekuler serta hubungan kekerabatan dengan spesies lain.

Kata Kunci: *Portunus* sp., Filogenetik, Kepiting Rajungan, Gen CO1.

© 2024 Universitas Cokroaminoto palopo

Correspondence Author :
Universitas Islam Negeri Sumatera Utara

p-ISSN 2573-5163
e-ISSN 2579-7085

PENDAHULUAN

Rajungan (*Portunus* sp.) merupakan hewan avertebrata yang termasuk kedalam ordo Decapoda dan famili Portunidae (Mursyid, *et al*., 2020). *Portunus* sp. sendiri merupakan salah satu jenis kepiting yang lebih banyak di konsumsi dibandingkan dengan jenis kepiting yang lain. Spesies ini sendiri adalah salah satu komoditas utama dalam sektor perikanan, dimana hewan ini banyak dikonsumsi baik dalam negeri maupun luar negeri, permintaan dari negara luar dalam mengekspor rajungan ini sangatlah tinggi, sebab itu *Portunus* sp. mengalami kelebihan tangkap atau *overfishing* (Daga, *et al*., 2023).

Portunus sp. persebarannya mencakup lautan Indo-Pasifik, *Portunus* sp. banyak ditemukan dilautan Indo-Pasifik serta di lepas pantai, hewan ini memiliki peran penting dalam kestabilan ekologi dimana hewan ini yang menjaga stabilitas ekologi pada perairan pesisir (Erlinda, *et al*., 2016). Pada wilayah Indonesia yang banyak terdapat *Portunus* sp. ialah daerah yang memiliki daerah mangrove seperti Kalimantan Barat, Lampung, Teluk Banten serta Sumatera Utara (Susanto, 2007). Hewan ini dapat ditemukan diberbagai habitat ataupun wilayah dimulai dari wilayah atau zona pasang surut yang sering dikenal dengan istilah zona intertidal hingga perairan lepas pantai yang memiliki kedalaman 50 meter, biasanya rajungan banyak dijumpai di wilayah perairan yang dangkal dengan dasar yang berpasir atau lumpur berpasir (Radifa, *et al*., 2020).

Penelitian mengenai *Portunus* sp. telah dilakukan oleh Hidayani, *et al*., (2020) dengan mengamati variasi genetik intrapopulasi berdasarkan sekuen gen COI di Papua Barat, DNA *Barcoding* merupakan suatu sequen DNA yang sudah terstandarisasi yang dapat mengidentifikasi suatu spesies secara cepat, tepat dan akurat (Herbert, *et al*, 2003). DNA *Barcoding* dapat diperoleh dari beberapa sel yaitu mitokondria (mtDNA), kloroplas (cpDNA) dan inti sel (nDNA), penggunaan DNA mitokondria dalam DNA *Barcoding* membutuhkan sekuen barcode gen, umumnya yang digunakan ialah COI (*Cytochrom-C Oxidase I)* dimana gen ini bersifat universal serta memberikan informasi tentang hubungan kekerabatan atau filogenetik yang lebih mendalam dibandingkan dengan jenis gen mitokondria yang lainnya (Rahayu & Jannah, 2019).

Analisis molekuler filogenetik, sekuen DNA atau protein dapat digunakan dalam mengetahui suatu evolusi dari suatu spesies, penggunaan metode ini terbatas hanya pada bidang taksonomi, sistematika serta biologi evolusioner, Hubungan kekerabatan antar spesies dalam satu populasi dan antar populasi bisa diketahui dengan menggunakan rekontruksi filogenetik, hal tersebut dapat dilakukan dengan menggunakan aplikasi MEGA (*Moleculer Evolution Genetic Analysis*) yang dapat dilakukan dengan menggunakan komputer ataupun laptop (Saleky & Dailami, 2021).

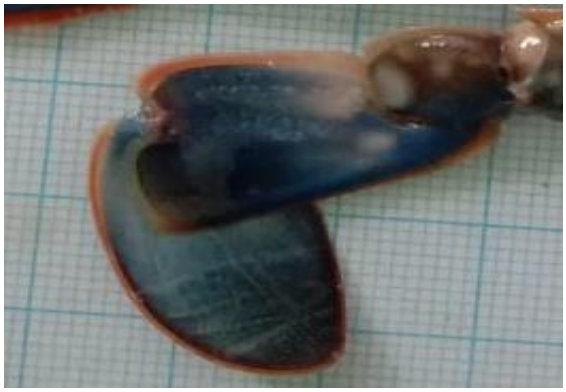
METODE

Penelitian ini dilakasanakan pada bulan Januari - Mei 2024. Pengambilan sampel dilakukan pada bulan Januari tepatnya pada musim angin barat dimana sampel rajungan dikoleksi dari Desa Percut Dusun Bagan Kec. Percut Sei Tuan Kab. Deli Serdang, Provinsi Sumatera Utara. Pada pengerjaan proses DNA Barcoding dilaksanakan di Laboratorium Mikrobiologi dan Genetika, Universitas Islam Negeri Sumatera Utara, Medan Kampus IV Tuntungan.

Gambar : Lokasi pengambilan sampel

Bahan yang digunakan dalam penelitian ini ialah sampel rajungan yang masih segar (*Portunus* sp.) bagian kaki dayung yang ada pada rajungan, dimana sampel ini diambil dari perairan yang berada di Sumatera Utara tepatnya di Desa Percut, Dusun Bagan, Kec. Percut Sei Tuan Kab. Deli Serdang, kemudian dibutuhkan 96% etanol, ice gel, aquades steril, gloves, aluminium foil, tisu, gel agarose, larutan TBE Buffer, Proteinase-K, *Nucleic Lysis Solution*, *Tag Polymerase*, primer HCO2198 (*reverse*), LCO1490 (*forward*) dan DNA Extraction Kit. Alat yang digunakan ialah spidol permanen, gunting,

pinset, kamera digital, kertas parafilm, labu erlenmeyer 100 ml (Pyrex), gelas ukur 100 ml (Pyrex), gelas kimia 500 ml, tube 1,5 µl dan 0,2 µl, spatula, lumpang dan alu, mikropipet (effendorf) dengan volume 10 µl ; 20 ; 100 µl ; dan 1000 µl, tip mikro pipet kuning ; biru dan putih, rak tip, rak tube, botol reagen, freezer, Ice box, vortex (Biosan Multi-Vortex V-32), Mesin Sentrifuge (Effendorf), PCR gradient (Effendorf), mini horizontal electrophoresis HU10 (Biosan), dan alat Gel Documentation.



Gambar : kaki dayung

Analisis Data

Hasil dari squensing akan didapat berupa kromatogram, urutan nukleotida hasil squensing *Portunus* sp. serta urutan basa DNA dengan rajungan yang lain akan disejajarkan dengan metode *Clustal W*. Data hasil yang sudah diedit dengan menggunakan aplikasi MEGA 11 dan disimpan dalam format fasta. Identifikasi spesies secara molekuler dengan membandingkan sekuen DNA sampel dengan sekuen data di (*GeneBank*) NCBI (*National Center for Biotechnology Information*) dengan menggunakan BLAST (*Basic Local Alignment Search Tool*). Hubungan kekerabatan *Portunus* sp. akan dianalisis dengan menggunakan pohon filogenetik yang akan dibangun dengan berdasarkan *Bootstrapped Neighbourd-Joinning* (NJ) dengan menggunakan aplikasi MEGA 11 (*Molecular Evolutionary Genetic Analysis*).

HASIL DAN PEMBAHASAN

Dari penelitian yang sudah dilaksanakan dan penganalisisan secara morfologi ditemukan spesies rajungan yang paling dominan yaitu *Portunus pelagicus*, *Portunus sanguinolentus* dan *Portunus trituberculatus* di perairan percut sei tuan, dimana setiap rajungan memiliki morfologi yang cukup berbeda pada *Portunus pelagicus* memiliki karapaks yang berwarna gelap dengan corak abstrak berwarna putih ataupun hijau olive, pada bagian pinggir kakinya memiliki warna biru muda, kepiting rajungan jenis inilah yang paling mudah diidentifikasi. Pada rajungan *Portunus trituberculatus* rajungan jenis ini memiliki corak yang hampir sama dengan *Portunus pelagicus* hanya saja rajungan jenis ini memiliki warna karapaks hijau olive serta corak yang tidak beraturan seperti *P. pelagicus* namun pada bagian ujung kakinya berwarna seperti merah ataupun orange, kekuningan serta biru. Pada *Portunus sanguinolentus* memiliki corak karapaks yang lebih polos namun terdapat tiga totol yang berwarna merah atau berwarna gelap, rajungan ini memiliki julukan *The blood-spotted swimming crab* atau *red-spotted swimming crab*. Selain itu, rajungan ini sering disebut sebagai kepiting rajungan bintang (Anggoro, *et al*., 2022).

Gambar : *P. pelagicus*

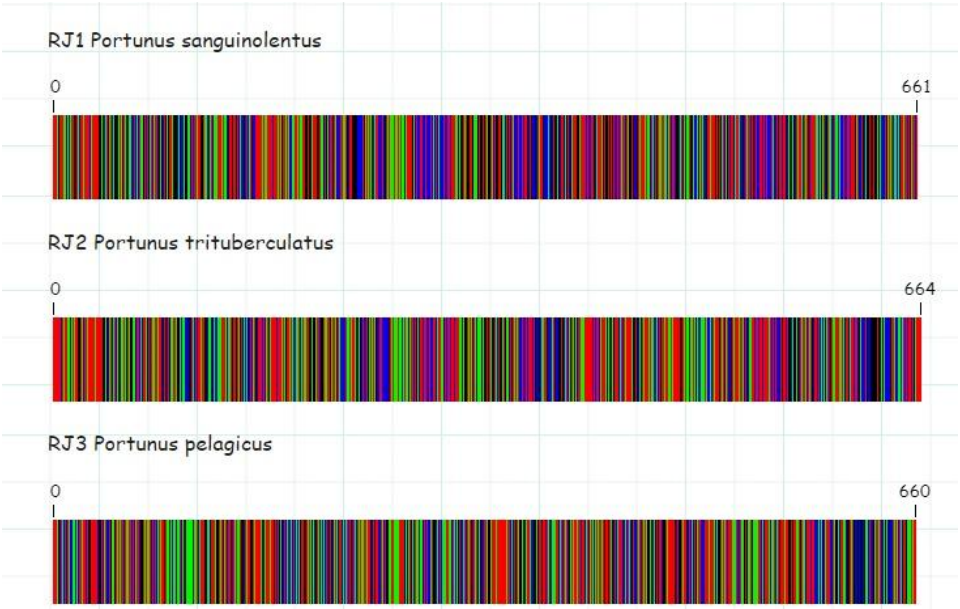
Gambar : *P. trituberculatus*

Gambar : *P. sanguinolentus*

DNA barcoding yang sudah didapatkan dari primer forward dan primer reverse gen CO1 yaitu LCO1490 dan HCO2198. Kemudian akan dilanjutkan dengan menganalisis urutan bilangan basa nukleotida yang dilakukan pada website https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/ yang sudah dipilih Blast nukleotida dan menghasilkan sekuens konsensus dari beberapa spesies dari genus *Portunus*. Hasil sekuensing pada sampel kepiting rajungan (*Portunus* sp.) menunjukkan ururtan dan komposisi nukleotida dengan tingkat similiaritasnya yang digunakan sebagai barcode DNAnya.

```
>RJ1 Portunus Sanguinolentus

AAGACATTGGTACATTATATTTCATTTTTGGAGCATGATCAGGGATAGTAGGAACCTCACTAAGTCTGATCATTCGAGCTGAGTTAGGGCAGCCAG
GAACTCTTATTGGTAACGATCAAATTTATAACGTTGTTGTCACCGCTCATGCCTTTGTTATAATTTTCTTTATAGTTATACCAATTATAATTGGTG
GATTTGGTAACTGACTTGTACCCTTAATGCTTGGGGCCCCTGATATAGCATTCCCTCGTATAAATAATATAAGATTTTGACTCCTTCCTCCCTCAC
TCACCCTCCTTCTTATAAGAGGTATGGTTGAAAGTGGTGTAGGTACTGGTTGAACTGTCTACCCTCCTCTTGCTGCCGCTATTGCCCACGCTGGAG
CTTCAGTCGATTTGGGGATTTTCTCCTTGCATTTAGCTGGTGTGTCCTCTATTCTAGGTGCCGTAAACTTTATAACTACTGTAATTAACATACGAT
CCTTCGGCATGAGAATGGACCAGATACCGTTATTTGTGTGATCAGTCTTCATTACCGCTATTCTGCTCCTTCTCTCCCTACCTGTTCTTGCAGGAG
CTATTACTATGCTTTTAACAGATCGTAACCTCAACACCTCCTTCTTTGATCCTGCAGGTGGTGGAGACCCTGTTTTATATCAACACTTATTCTGAT
TCT

>RJ2 Portunus Trituberculatus


AAGATATTGGTACTTATTTTTATTTTTGGAGCATGATCAGGAATAGTAGGAACTTCACTTAGTCTAATTATTCGTGCTGAATTAGGACAACCCGGT
ACTCTTATTGGCAACGACCAAATTTACAATGTTGTAGTCACAGCTCATGCTTTCTCATGATTTTCTTTATAGTTATACCAATCATAATTGGAGGAT
TCGGTAATTGATTAGTACCCCTAATATTAGGAGCTCCTGATATAGCCTTCCCCCGTATAAATAACATAAGATTCTGACTTCTTCCTCCTTCATTAA
CTCTTCTTCTTTAAGAGGTATAGTAGAAAGAGGTGTAGGTACTGGATGAACTGTATATCCTCCTCTTTCTGCCGCAATTGCCCATGCCGGTGCATC
AGTAGACTTAAATTTTTTCTCTTCATTTAGAGGAGTTTCATCTATTTTAGGTGCAGTATTTATAACCACTGTTATTAATATTTTTGGTATAAGAAT
AGACCAAATACCACTATTTGTATGATCCGTATTTATTACTGCAATTCTTCTTCTTTTATCTCTCCCTGTTCTGGCAGGAGCTATTACTATGCTTCT
CACAGATCGTAATTTAATACTTCATTCTTCGACCCTGCCGGGGGTGGAGACCCCGTTACCAACATCTCTTCTGATTTT

>RJ3 Portunus Pelagicus

TACTCTACCAACACTTATTCTGGTTTTTCGGTCATCCTGAAGTCTATATTCTAATTCTTCCTGCATTCGGTATAATCTCTCATATTGTAAGACAAG
AATCAGGTAAAAAAGAATCATTTGGAACTTTAGGTATGATCTATGCTATAATGGCTATTGGTATTTTAGGATTTATTGTCTGAGCTCACCACATAT
TCACAGTTGGTATAGACGTAGACACTCGTGCATACTTCACATCTGCTACTATAATTATTGCTGTTCCTACTGGAATTAAAATTTTCAGATGACTAA
GAACTCTCCATGGCACTCAAATTAACTACAGTCCATCTATGCTATGAGCCTTAGGATTTATTTTTTTATTCACTGTAGGAGGATTAACCGGAGTTG
TTCTAGCAAATTCATCTATCGATATTATTCTTCATGATACATATTATGTTGTAGCTCATTTCCACTACGTCCTATCTATAGGAGCAGTGTTCGGTA
TTTTTGCTGGTATTGCTCACTGATTCCCTTTATTTACAGGTATATCTTTAAATCCTAAGTGAATGAAAATTCACTTTACAATCATGTTTATTGGTG
TTAATGTAACTTTCTTCCCACAGCATTTCCTAGGACTTAACGGTATGCCGCGGCGATACTCCGATTATCCAGACGCCTATACTACTTGAAATATT
```

DNA barcode pada kepiting rajungan (*Portunus* sp.) ditentukan dari urutan basa nukleotida yang didapatkan dari hasil sekuensing pada gambar 4.4. Pada penelitian ini, gen CO1 berhasil digunakan dalam pembuatan Barcode DNA untuk kepiting rajungan (*Portunus* sp.). Panjang urutan sekuens nukleotida pada fragmen DNA amplikon yaitu 661 pada *Portunus sanguinolentus*, 664 pada *Portunus trituberculatus* dan pada *Portunus pelagicus* 660 bp. Panjang base pair yang ideal ialah <1000 bp, dengan panjang yang kurang dari 1000 base pair tersebut maka pensejajaran, amplifikasi dan juga sekuensing akan jauh lebih mudah dilakukan tanpa perlu melakukan pengeditan yang biasanya dilakukan secara manual. Hasil sekuen DNA tersebut diilustrasikan dengan website https://biorad-ads.com/ seperti yang terlihat pada gambar dibawah ini



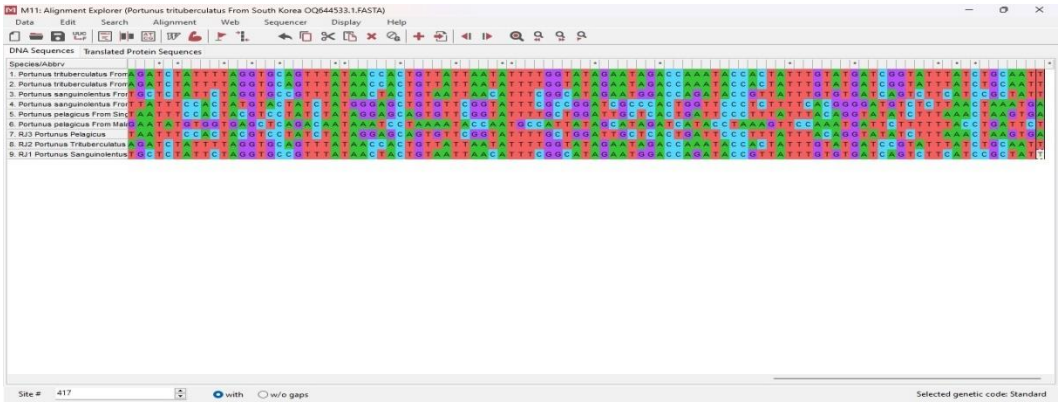
Komposisi nukleotida yang dihasilkan dari sampel kepiting rajungan yang ditandai dengan kode RJ1, RJ2 dan RJ3, maka persentase yang didapat dari hasil analisis komposisi nukleotida terlihat pada tabel berikut ini

Spesies	**Komposisi Nukleotida (%)**					
	T	C	A	G	A+T	G+C
P. Sanguinolentus (RJ1)	35,3	22.7	22,9	19,1	54,4	41,8
P. trituberculatus (RJ2)	37,0	19,1	26,3	17,6	63,3	36,7
P. pelagicus (RJ3)	37,3	18,0	28,1	16,7	65.4	34,4
MK816421.1 *P. sanguinolentus* From India	35,3	22,7	23,1	18,8	58,4	41,5
KT934616.1 *P. sanguinolentus* From China	35,8	21,8	23,3	19,1	59,1	40,9
MN184696.1 *P. sanguinolentus* From Australia	35,3	22,7	23,3	18,6	58,6	41,3
MN337020.1 *P. pelagicus* From Vietnam	25,1	17,6	37,5	19,9	62,6	37,5
EF661948.1 *P. pelagicus* From Singapore	36,6	18,4	27,8	17,1	64,4	35,5
MK838538.1 *P. pelagicus* From Malaysia	27,0	16,5	38,5	18,0	65,5	34.5
Avg.	**33,9**	**19,9**	**27,9**	**18,3**	**61,8**	**38,2**

Persentase AT *content* dan GC *content* memiliki angka yang cukup tinggi dimana AT *content* 61,8% memiliki persentase yang lebih tinggi dibandingkan GC *content* 38,2%. Hal ini terjadi disebabkan oleh komposisi karekter basa nukleotida pada gen mitokondria sebagian besar terdiri atas basa nukleotida A (Adenin) dan T (Timin). Dari ketiga sampel tersebut terlihat bahwa padaRJ1 memiliki AT *content* 54,4% dan GC *content* 41,8%, pada RJ2 memiliki AT *content* 63,3% dan GC *content* nya sebesar 36,7% serta RJ3 memiliki AT *content* yang paling tinggi dibandingkan dengan RJ1 dan RJ2 yaitu sebesar 65,4%, sedangkan pada GC *content* yang paling tinggi dimiliki sampel dengan kode RJ1 sebesar 41,8% dibandingkan dengan RJ2 dan RJ3. Analisis ini dilakukan untuk melihat tingkat keprimitifan suatu makhluk hidup dengan melihat tingkat laju mutasi dan laju evolusi.

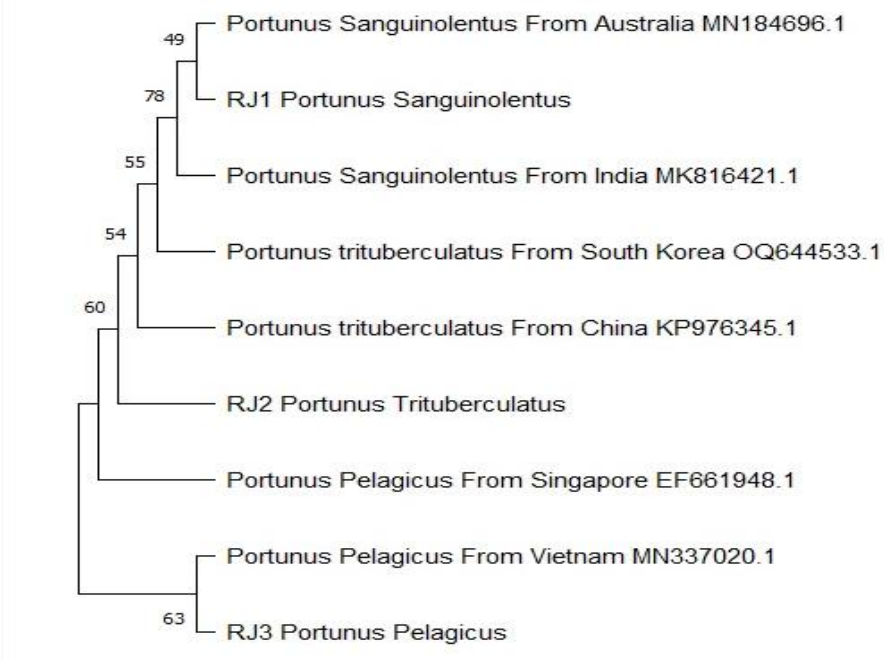
Pensejajaran ini dilakukan sebelum pembuatan pohon filogenetik dengan menggunakan bantuan aplikasi MEGA 11, pensejajaran ini dilakukan dengan menambahkan spesies yang sama namun berasal dari berbagai negara lainnya. Pada gambar dibawah, dimana terlihat pensejajaran yang telah dilakukan terlihat perbedaan basa nukleotidanya pada spesies yang berasal dari negara lain, sedangkan pada basa nukleotida yang sama akan membentuk kolom dengan huruf dan warna yang sama, dimana hal ini menandakan spesies tersebut memiliki nenek moyang yang sama. Pada spesies yang mengalami mutasi akan memiliki perbedaan huruf pada beberapa kolomnya serta adanya insersi dan delesi yang ditandai sebagai gap yang biasaya ada pada salah satu hasil skeunsing ataupun lebih (Afiahayati, *et al*.,2008). Pensejajaran ini dilakukan dengan cara pemotongan ataupun pengeditan yang

dilakukan secara manual dengan menghapus kolom yang memiliki gap atau tanda garis (-) yang berada pada sekuen DNA yang digambarkan dengan proses insersi yang berarti dalam urutan sekuens DNA bertambah suatu kumpulan nukleotida yang baru atau proses delesi yaitu suatu urutan asam amino yang hilang dalam urutan sekuens (Kholiq, *et al*., 2020).



Gambar ilustrasi Alignment

Pohon filogenetik dihasilkan setalah melakukan pensejajaran terlebih dahulu pada semua sekuens DNA. Pada pohon filogenetik ini menggunakan metode *neighbor-joining*, dimana pada hasil susunan pohon filogenetik akan melalui tahapan uji statistik dengan menggunakan metode *bootstrap*. Pada pohon filogenetik terlihat hubungan kekerabatan keiting rajungan (*Portunus* sp.) yang telah membentuk beberapa clade, dimana hal ini dapat dilihat pada gambar



Gambar ilustrasi pohon filogenetik

Berdasarkan hasil rekontruksi pohon filogenetik kepiting rajungan (*Portunus* sp.) menunjukkan bahwa seluruh spesies *Portunus* membentuk 2 clade yaitu 1 clade kecil dan 1clade besar dimana pada clade besar terlihat bahwa *Portunus sanguinolentus* yang berasal dari Indonesia memiliki hubungan kekerabatan yang lebih dekat dengan *Portunus sanguinolentus* yang berasal dari Australia serta *P. sanguinolentus* yang berasal dari India. *Portunus trituberculatus* yang berasal dari Korea Selatan memiliki hubungan kekerabatan yang lebih dekat dengan spesies *Portunus sanguinolentus* yang berasal dari India, *P. trituberculatus* yang berasal dari dari China memiliki hubungan kekerabatan yang lebih

dekat dengan *P. trituberculatus* yang dari Korea Selatan, sedangkan pada *Portunus trituberculatus* yang berasal dari Indonesia sendiri (RJ2) memiliki hubungan kekerabatan yang lebih dekat dengan *P. trituberculatus* yang berasal dari China dibandingkan dengan spesies yang berasal dari Korea Selatan. Pada spesies *Portunus pelagicus* yang berasal dari Singapur memiliki hubungan kekerabatan yang lebih dekat dengan *Portunus trituberculatus* yang berasal dari Indonesia, sedangkan pada spesies *Portunus pelagicus* yang berasal dari Vietnam membuat clade kecil dengan spesies *Portunus pelagicus* yang berasal dari Indonesia yang menandakan bahwa spesies ini memiliki hubungan kekerabatan yang lebih dekat.

SIMPULAN DAN SARAN

Berdasarkan hasil analisis molekuler yang dilakukan dengan berdasarkan gen CO1 yaitu LCO1490 dan HCO2198 ditemukan 3 spesies genus *Portunus* yaitu *Portunus sanguinolentus*, *Portunus trituberculatus* dan *Portunus pelagicus* yang berada di Perairan Percut Sei Tuan. Hubungan kekerabatan *Portunus* sp. yang diteliti di Perairan Percut Sei Tuan, memiliki AT *content* yang tinggi sebsesar 61.03% yang berarti spesies yang ditemukan memiliki sifat yang primitif. Hubungan kekerabatan *Portnus* sp. pada rekonstruksi pohon filogenetika membentuk 1 clade besar dan 1 clade kecil, dimana pada clade besar *P. sanguinolentu* (RJ1) lebih dekat dengan *P. sanguinolentus* yang berasal dari Australia (MN184696) sedangkan pada *P. trituberculatus* (RJ2) lebih dekat dengan *P. trituberculatus* yang berasal dari China (KP976345) dan *P. pelagicus* yang berasal dari Singapura (EF661948), sedangkan *P. pelagicus* (RJ3) membentuk clade kecil dengan *P. pelagicus* yang berasal dari Vietnam (MN3370020) yang berarti memiliki jarak yang dekat dengan spesies tersebut.

DAFTAR RUJUKAN

Afiahayati & Mulyana, S. 2008. Multiple *Squence Alignment* Menggunakan *Hidden Markov* Model. *Seminar Nasional Informatika*.

Anggoro, A., Hanami, C. C. & Mahfudz, A. A. 2022. Identifikasi Jenis dan Daerah Penangkapan Rajungan Pulau Baai Kota Bengkulu. *Seminar Nasional Hasil Penelitian Kelautan dan Perikanan*.

Daga, R., Hatta, M., Samad, A. & Nawir, F. 2023. *Salembo Pulau Religi*. Yogyakarta : PT. Nas Media Pustaka.

Erlinda, S., Sara L. & Irawati, N. 2016. Makanan Rajungan (*Portunus pelagicus*) di Perairan Lakara Kabupaten Konawe Selatan, Sulawesi Tenggara. *Jurnala Manajemen Sumber Daya Perairani*. 1(2). 131-140.

Hebert, P. D. N., Cywinska, A., Ball, S. L. & Dewaard, J. R. 2003. Biological Identifications Through DNA Barcodes. *The Royal Society*. 270, 313-321.

Hidayani, A. A., Fujaya, Y., Trijuno, D. Dh. & Alimuddin. 2020. Variasi Genetik Intrapopulasi Rajungan (*Portunus pelagicu*) dari Kaimana, Papua Barat Indonesia Berdasarkan Sekuen Gen Sitokrom C Oksidase (CO1). *Journal of Fisheries and Marine Science*. 3 (2). 71-83.

Kholiq, H., Romdhin, M. U. & Susanto, M. 2020. Algoritma *Needleman-Wunsch* dalam Menentukan Tingkat Kemiripan Urutan DNA Rusa Timor (*Cervus timorensis*) dan Rusa Merah (*Cervus elaphus*). *Eigen Mathematics Journal*. 3 (2). 125-133.

Mursyid, M. F., Prabowo, P. A., Sudrajat, I. P., Puspa, D., Farhandika, N., Mourniaty, A. Z .A., Suharti, R., Kadarusman & Triyono, H., 2020. Aspek Biologi Rajungan (*Portunus pelagicus*) di Teluk Banten, Indonesia. *Buletin JSJ*. 2 (2). 83-92.

Radifa, M., Wardianto, Y., Simanjuntak, C. P. H., & Zairion, Z. 2020. Preferensi Habitat dan Distribusi Spasial yuwana Rajungan (Portunus Pelagicus) Di Perairan Pesisir Lampung Timur, Provinsi Lampung. *Journal of Natural Resouurces and EnvirontmentalManagement*. 10 (2). 183-197.

Rahayu, D. A. & Jannah, M. 2019. *DNA Barcode Hewan dan Tumbuhan Indonesia*. Jakarta Selatan : Yayasan Inspirasi Ide Berdaya.

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.

Susanto, B. 2007. Pertumbuhan, Sintasan dan Keragaman ZOEA Sampai Megalopa Rajungan (*Portunus pelagicus*) Melalui Penurunan Salinitas. *Jurnal Perikanan (J. Fish. Sci.)*. 9 (1). 154-160.