



Volume 10, nomor 1, tahun 2024

# Biogenerasi

Jurnal Pendidikan Biologi  
<https://e-journal.my.id/biogenerasi>



## ANALISIS MOLEKULER KERANG (*Anadara* sp.) MENGGUNAKAN MARKER GEN CYTOCHROME OXYDASE SUBUNIT 1 (CO1) DI PERAIRAN PERCUT SEI TUAN

Anggrainy Dwi Pratiwi\*, Zahratul Idami, Kartika Manalu, Universitas Islam Negeri Sumatera Utara, Indonesia

\*Corresponding author E-mail: [anggrainidwp17@gmail.com](mailto:anggrainidwp17@gmail.com)

### Abstract

The purpose of this study was to determine the species of *Anadara* sp. clams found in Percut Sei Tuan Waters using gene markers, the diversity of *Anadara* sp. clams using CO1 Gene Markers, and the kinship of *Anadara* sp. clams found in Percut Sei Tuan Waters. This study has 4 stages, namely DNA isolation using the Favorgen kit, PCR amplification, electrophoresis and sequencing. The DNA sequencing results were analyzed using the MEGA 11 application. The results showed that of the three samples that had been analyzed using the CO1 gene marker obtained using BLAST and NCBI, namely the *Anadara granosa*, *Anadara antiquata*, and *Anadara gubernaculum* samples. With the calculation results of higher AT content (28.9%) and lower GC content (20.12%) which states that the species is more primitive. In the pairwise distance matrix, the samples of *Anadara antiquata* (Percut Sei Tuan) and *Anadara granosa* (Percut Sei Tuan) which are in the same clade with different sub clades have a genetic distance ranging from 111.45 to 213.77. The phylogenetic tree also shows that the three samples have a close kinship relationship.

**Keywords:** *Anadara* sp., CO1 Gene, Phylogenetic Tree

### Abstrak

Tujuan penelitian ini adalah untuk mengetahui spesies Kerang *Anadara* sp. yang ditemukan di Perairan Percut Sei Tuan dengan menggunakan marker gen, keanekaragaman Kerang *Anadara* sp. dengan menggunakan Marker Gen CO1, dan hubungan kekerabatan Kerang *Anadara* sp. yang ditemukan di Perairan Percut Sei Tuan. Penelitian ini memiliki 4 tahapan yaitu isolasi DNA menggunakan kit Favorgen, amplifikasi PCR, elektroforesis dan sekuensing. Hasil sekuensing DNA dianalisis dengan aplikasi MEGA 11. Hasil penelitian menunjukkan bahwa dari ketiga sampel yang telah dianalisis menggunakan marker gen CO1 didapatkan dengan menggunakan BLAST dan NCBI yaitu sampel *Anadara granosa*, *Anadara antiquata*, dan *Anadara gubernaculum*. Dengan hasil perhitungan AT content lebih tinggi (28,9%) dan GC content lebih rendah (20,12%) yang menyatakan bahwa spesies tersebut lebih primitif. Pada matriks *pairwise distance* sampel *Anadara antiquata* (Percut Sei Tuan) dan *Anadara granosa* (Percut Sei Tuan) yang berada pada satu clade sama dengan sub clade yang berbeda memiliki jarak genetik berkisar 111.45 sampai 213.77. Pada pohon filogenetik juga menunjukkan bahwa dari ketiga sampel memiliki hubungan kekerabatan yang dekat.

**Kata Kunci:** *Anadara* sp., Gen CO1, Pohon Filogenetik

© 2024 Universitas Cokroaminoto palopo

Correspondence Author :  
Universitas Islam Negeri Sumatera Utara

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

## PENDAHULUAN

Sumatera Utara merupakan salah satu pulau yang terdapat banyak laut dan pantai salah satunya ialah Kecamatan Percut Sei Tuan. Secara geografis Kecamatan Percut Sei Tuan yang terletak di Kabupaten Deli Serdang memiliki perbatasan antara Kecamatan Labuhan Deli dan Kecamatan Batang Kuis. Kampung nelayan di Desa Percut merupakan salah satu desa pesisir yang menghasilkan udang, kepiting, kerang, dan ikan (Ginting, 2017).

Kerang merupakan hewan laut yang memiliki cangkang. Kerang bulu yang dijual di pasar ikan Percut Sei Tuan berasal dari perairan laut Percut Sei Tuan (Simamora dan Tumanggor, 2022). Kerang adalah salah satu biota kelas moluska yang paling banyak. Kerang hidup di laut terutama di daerah pesisir, terkadang di daerah pasang surut serta air tawar. Kerang biasanya di temukan di dasar berlumpur atau berpasir (Rahayu, *et al.*, 2016).

Selain digunakan untuk mengidentifikasi dan mengukur jarak genetik, gen *Cytochrome Oxidase Subunit I* (COI) juga dapat digunakan untuk merekonstruksi filogenetik suatu spesies, termasuk proses evolusi. Silsilah yang menunjukkan bahwa setiap urutan DNA dipisahkan oleh spesies dan juga oleh jarak genetik (Saleky & Merly, 2021). Jarak genetik menunjukkan adanya pengaruh dari isolasi geografis pada suatu populasi. Variasi basa nukleotida disebabkan oleh mutasi. Mutasi adalah penyebab utama perbedaan variasi basa nukleotida pada gen *Cytochrome Oxidase Subunit 1* (CO1). Variasi kecil dapat mempengaruhi identitas suatu jenis dan bahkan urutan asam amino yang memberi penanda protein (Monalisa, *et al.*, 2019).

Maka dari itu, penulis tertarik melakukan penelitian tentang “Analisis Molekuler Kerang (*Anadara* sp.) Menggunakan Marker Gen *Cytochrome Oxidase Subunit 1* (CO1) di Perairan Percut Sei Tuan” sehingga setiap individu kerang dapat diidentifikasi secara jelas dan dapat dibedakan secara morfologi.

## METODE

Penelitian ini dilaksanakan pada bulan Januari sampai dengan bulan Mei 2024. Pengambilan sampel dilakukan pada bulan Januari tepatnya pada musim angin barat. Sampel dikoleksi dari Perairan Percut Sei Tuan, Sumatera Utara. Pengerjaan proses DNA *Barcoding* dilaksanakan di Laboratorium Genetika dan Mikrobiologi, Universitas Islam Negeri Sumatera Utara, Medan, Kampus IV Tuntungan.

Alat yang digunakan dalam penelitian DNA *Barcoding* pada *Anadara* sp. diantaranya ialah kamera digital, ice box, spidol permanen, mikro pipet (volume 10 µl, 20 µl, 100µl, dan 1000 µl), freezer, *BIO-RAD*, tip mikro pipet, vortex (*Biosan Multi-Vortex V-32*), sentrifuge (*Eppendorf*), hotplate (*Benchmark*), collection tube, spin column, PCR (*Polymerase Chain Reaction*), tube PCR 0,2 ml, tube 1,5 ml, alat gel documentation (*BIOSTEP*), labu Erlenmeyer 500 ml, dan gelas ukur 100 ml.

Bahan yang digunakan dalam penelitian antara lain sampel jaringan kaki perut kerang yang diambil dari Perairan Percut Sei Tuan, Sumatera Utara, etanol 96%, aquades steril, ice gel, aluminium foil, tisu, gloves, larutan TBE Buffer, gel agarose, Proteinase-K, *Taq Polymerase*, DNA Extraction Kit (*Qiagen Kit*, USA), dan primer LCO1490 (*forward*) dan HCO2198 (*reverse*).

Urutan nukleotida hasil sekuensing kerang *Anadara* sp. dan urutan basa DNA dengan kerang yang lain disejajarkan menggunakan metode *Clustal W*. Data hasil sekuen nukleotida yang telah diedit kemudian dibandingkan dengan sekuen DNA pada basis data (*GenBank*) di NCBI (*National Center for Biotechnology Information*) dengan menggunakan *BLAST* (*Basic Local Alignment Search Tool*). Pohon filogenetik dibangun berdasarkan *bootstrap Neighbour-Joining* (NJ). Proses pensejajaran urutan basa nukleotida, pengukuran jarak genetik serta pohon filogenetik dilakukan dengan menggunakan software MEGA 11.

## HASIL DAN PEMBAHASAN

DNA Kerang *Anadara* sp. yang telah didapatkan dari konsensus antara primer forward dan primer reverse, selanjutnya dianalisis dengan urutan bilangan basa nukleotida pada website <https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi> yang telah dipilih BLAST Nukleotida.

>KD *Anadara Antiquata*

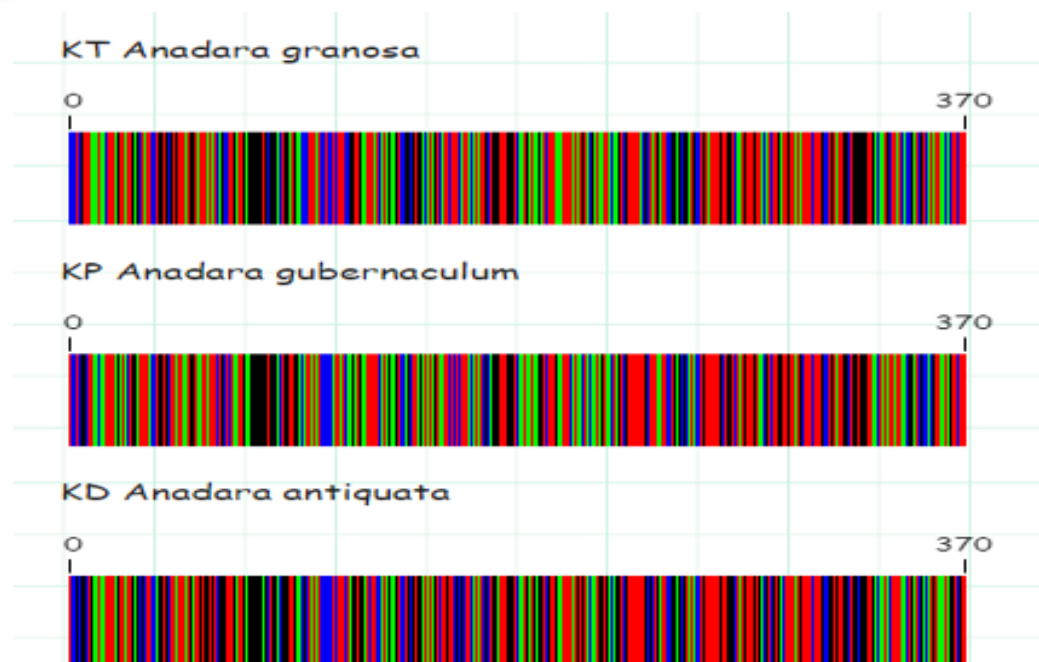
```
TCCGCGGCTGAATAATTTTAGTTATTGAGCGCTTCCAGGTGCTTATTTATGATTGTGGTGTGCGGGTTTGATTGAGGGGGAGCTGGACGGGTTGAA
CGCTATATCCCCCTCTTTCTAGGTGGATCTTCCATAGAAGTCCGCTGGATATAGTCTTGTTCGCGCTTCATATCGCTGGATTTGGGTCATATGAT
GAGGTGCTTGAATTTATGTGTACAATGGTGACAGGTCGTTTTTTGCGCTGATTCGGAGCGTATACCTGTTTTTTGTTGGGCTATGTTTGTGAC
GTCGTGACTTTTATGTTTTCTTTGCCGGTGTGGCTGGCGGGTTGACAATACTTTAACTGATCGACATGTAAATAGGTCGTTTTTCCGCCACAG
GGTGGGGGGGATCCGTTGCTTTTTAGCATTGTTTTGGTTTTCGGTACCCCTGAAGTTTATTGTGTTAATCTTCCTGGGTTGCGGTTGGTGAGG
CATGCAATTGTTAAAGTGCCGGAAGTTACGTGTTTTTGGTCTTGCCGGGATGGTGTATGCTATGACAGTCGATTGGGGCTTAGGATTTATTGT
TTGGGCTCATCATATGTTTACAGTAGGAATGGATGTTGATAGACGTGCTATTTACCGGGCGACGATAGTAATTGCTGTGCCAACAGGAATAAA
AGTATTTAGTTGATTAGCAACTCTTCATGGGAGAATTATAATTCGATTCACCTCCTAGGTTTGTGGATTTGGATTGGATTTTGTGTTTTGTTTAC
TTTGGCGGATTAACAGGGGTAATCTTTCTCATGGTAGGCTTGA
```

>KT *Anadara Granosa*

```
GTCGCGGTTGATAGGGATCTGTTTAAGATTTTATATTCGTTAATTTAGCACAGCCGGCGGGCTTTATGTAGAGGTGAGTCAGTTGTATAATGT
AATTATTACGAGGCATGCGTTTATTATAATTTTTTTTTTTGTTATGCCAGTGATGATGGGGGGGTTGGGAATTGGTTAATCCGATTATAGTTGG
GTGGGTGATATAAGTCACCCCTCGTTTAAATAACTTTAGTTATTGAGCTATTCCTGGTGCCTGTTTATGGTATTATATCAGCCTTGATTGAGGG
GGGTGCGGGGACTGGATGAACCTTTATCCTCTCTTTCCGGTTGAATTTATCATAGAAGTCCGGCGTTGGACATAGTCATTCTTTCATTACATAT
TGCTGGGTTTGGGTCAATGATAAGATCTTTAAATTTTATATGTACGATAATTACAAGTCGTTTTTACGCTATGATTCCGGAGCGGATGCCTGATT
TTGTTGGTCAATGTTTGTACATCTTGATTGTTACTATTTCTTTGCCGTGATTGGCTGGGGGGTTGACAATGCTTATCACCAGTCGTCATATTA
CACTTCTTT
```

>KP *Anadara Gubernaculum*

```
TCCTCGGTTAACAATTTTAGATACTGGATTTTACCTGGTGCTTTATTAATGGTAATTTCTGCTCTAATTGAAGGGGGGGTGGGACTGGTTG
GACATTATATCCCCATTATCAAGATGAATTTTTCATAGAAGTCCAGCTTTAGATATAGTAATCTCTCTTACATATCGCAGGGGTTGGGTCAT
AATAAGGTCTTTGAATTTCACTACAATAGTAAGTACGTGTTTTTGGCTTAAATTCCTGAGCGCATACCTGTTTTTGGTGGTCTATGTTTGT
AACGTCCTTGGTTGTTACTGCTTTCTTTGCCGTGATTGGCTGGTGGGTTAACTATATTTAACGGATCGCCACGTTAATAGTTCTTTTTCCGTCC
GCAGGGAGGAGGGGATCCTTATTATTTAGCATTGTTTTGGTTTTTGGTCATCCTGAGGTTTATGCTTAAATCTTCTGGGTTTGGTCTGAT
TAGTCATACAATTATTAAGGGGGCGGAAATTTGCGAGTTTTTGGTCTTGCAAGGTATGGTTTATGCGATACAATCTATTGGGGTTTAGGTTTGT
TGTTTGGGCCATCATATATTACAGTGGGTATAGATGTTGATAGTCGCGCTTACTTTACAGGTGCAACAATGGTGATTGCTATTCTACAGGGAT
TAAAGTATTTAGGTGATTAGCTACAGTTTATGGAAGAGTAATGCTTCGATTACTCCTAGGTTCTGCTGGGTATTGGGGTTTTTGTGTTTTATTAC
TATAGGTGGTTTGACAGGAGTGATCCTTTCCCATGGAA
```



Pada penelitian ini menghasilkan panjang urutan nukleotida pada fragmen DNA ampikon yang terlihat berdasarkan barcode DNA *Anadara* sp. dengan kode sampel KT, KP, dan KD. Ketiga sampel memiliki panjang yang sama yaitu 370 bp karena sudah disejajarkan

(Alignment) menggunakan aplikasi MEGA. Pembuatan barcode DNA ini dilakukan dengan website <https://bionad-ads.com/DNABarcodeWeb/>.

#### Keanekaragaman Genetik *Anadara* sp.

| Spesies                        | Komposisi Nukleotida (%) |             |             |              |              |              |
|--------------------------------|--------------------------|-------------|-------------|--------------|--------------|--------------|
|                                |                          |             |             | G            | A+T          | G+C          |
| KD <i>Anadara antiquata</i>    | 7,73                     | 6,44        | 7,25        | 28,57        | 27,49        | 22,50        |
| KP <i>Anadara gubernaculum</i> | 0,16                     | 6,44        | 3,18        | 20,21        | 31,67        | 18,32        |
| KT <i>Anadara granosa</i>      | 9,62                     | 7,25        | 1,29        | 21,83        | 30,45        | 19,54        |
| <b>Avg.</b>                    | <b>9,17</b>              | <b>6,71</b> | <b>0,57</b> | <b>23,53</b> | <b>28,87</b> | <b>20,12</b> |

Pada tabel diatas terlihat persentase yang paling tinggi adalah AT Content dibandingkan dengan GC Content. Semakin tinggi kandungan pasangan basa A dan T maka semakin tinggi titik lebur DNA, hal ini disebabkan karena pasangan A dan T lebih stabil dan memerlukan lebih banyak energi panas untuk menguraikannya dibandingkan dengan pasangan basa G dan C. Rendahnya persentase GC Content menunjukkan bahwa spesies tersebut lebih primitif, dapat dilihat dari hasil perhitungan rata-rata yaitu AT Content (28,87%) dan GC Content (20,12%) (Khaira, et al., 2024).

#### Matriks Pairwise Distance

| KP <i>Anadara gubernaculum</i> (Percut Sei Tuan) |       |       |       |       |       |       |
|--------------------------------------------------|-------|-------|-------|-------|-------|-------|
| <i>Anadara gubernaculum</i> (China)              | 02.56 |       |       |       |       |       |
| KT <i>Anadara granosa</i> (Percut Sei Tuan)      | 53.58 | 13.77 |       |       |       |       |
| <i>Anadara granosa</i> (Malaysia)                | 67.76 | 19.95 | .97   |       |       |       |
| KD <i>Anadara antiquata</i> (Percut Sei Tuan)    | 54.22 | 81.23 | 21.15 | 11.45 |       |       |
| <i>Anadara antiquata</i> (Jepang)                | 5.62  | 2.83  | 53.13 | 4.76  | 54.17 |       |
| <i>Anadara antiquata</i> (China)                 | 76.43 | 41.23 | 30.96 | 8.17  | ,005  | 20,46 |

Pada tabel diatas menunjukkan nilai jarak genetik (*Pairwise Distance*) pada seluruh spesies *Anadara* sp. yang dinalisis didapatkan nilai berkisar 0,005 sampai 120,048. Nilai *pairwise distance* pada kedua sampel *Anadara antiquata* adalah 0,005. Nilai pada jarak genetik sampel *Anadara antiquata* dengan negara Jepang dan China berkisar 0,005 sampai 154,175. Pada sampel *Anadara gubernaculum* dengan negara China berkisar 15,620 sampai 276,431. Pada sampel *Anadara granosa* dengan negara Malaysia berkisar 6,970 sampai 213,776. Hal ini menunjukkan bahwa seluruh sampel dengan kode KD, KP, dan KT similar, tidak ada jarak genetik dan termasuk kedalam populasi takson yang sama. Dengan sejumlah replikasi data yang dihasilkan memungkinkan penaksiran besar yang berpengaruh terhadap pohon filogenetik. Semakin besar nilai *pairwise distance* maka semakin tinggi pula tingkat kepercayaan pohon filogenetik (Zein & Sulandari., 2008).

#### Pohon Filogenetik Sampel *Anadara* sp.



Hasil rekonstruksi pohon filogenetik berdasarkan gen CO1 menunjukkan seluruh spesies membentuk 2 clade. Terdapat satu clade besar yang terdiri dari dua sub clade 1 dan sub clade. Pada sub clade 1 terdapat *Anadara granosa* (Percut Sei Tuan) dan *Anadara granosa* (Malaysia) yang ternyata *Anadara granosa* memiliki hubungan kekerabatan yang dekat. Pada sub clade 2 terdapat *Anadara antiquata* (Percut Sei Tuan) dan *Anadara antiquata* (China) yang memiliki hubungan kekerabatan yang dekat. Sedangkan satu clade terdiri dari *Anadara gubernaculum* (China), *Anadara antiquata* (Jepang) dan *Anadara gubernaculum* (Percut Sei Tuan) yang memiliki hubungan kekerabatan sangat dekat. Analisis metode *Neighbor-joining* menggunakan model Kimura-2 merekonstruksi kekerabatan antarspesies dengan mengacu pada nilai jarak evolusi yang mengansumsikan bahwa setiap percabangan berevolusi dengan laju yang berbeda (Ginting, *et al.*, 2021).

## SIMPULAN DAN SARAN

Berdasarkan hasil analisis spesies Kerang *Anadara* sp yang terdapat di Perairan Percut Sei Tuan terdapat tiga spesies yaitu *Anadara granosa*, *Anadara antiquata*, dan *Anadara gubernaculum*. Keanekaragaman genetik Kerang *Anadara* dengan menggunakan analisis molekuler marker gen *cytochrome oxidase subunit 1* (CO1) di dapat hasil AT content yang lebih tinggi dibandingkan GC content. AT content pada kerang *Anadara antiquata*

yaitu 27,49% sedangkan GC content yaitu 22,50%. Pada kerang *Anadara gubernaculum* memiliki AT content yaitu 31,67% sedangkan GC content yaitu 18,32%. Pada kerang *Anadara granosa* memiliki AT content yaitu 30,45% sedangkan GC content yaitu 19,54%. Pada total keseluruhan ketiga sampel maka didapatkan jumlah AT content (28,9%) dan GC content (20,12%). Hal ini menunjukkan bahwa spesies tersebut lebih primitif. Hubungan kekerabatan yang didapatkan terdapat 2 clade yaitu satu clade yang memiliki 2 sub clade yaitu sub clade 1 *Anadara antiquata* (Percut Sei Tuan) memiliki hubungan kekerabatan dekat dengan *Anadara antiquata* (China), sedangkan sub clade 2 *Anadara granosa* memiliki hubungan kekerabatan dekat dengan *Anadara granosa* (Malaysia). Sedangkan pada clade 2 *Anadara gubernaculum* (China), *Anadara antiquata* (Jepang) dan *Anadara granosa* (Percut Sei Tuan) memiliki hubungan kekerabatan yang cukup dekat.

Adapun saran pada penelitian ini yaitu perlu adanya penelitian lanjutan dengan menggunakan primer selain primer CO1 dengan sampel seluruh Sumatera Utara untuk mendapatkan data yang lengkap mengenai molekuler marker gen DNA pada Kerang *Anadara* sp.

## DAFTAR RUJUKAN

Ginting, E.D.D., Susetya, I.E., Pratana, P., & Desrita. 2017. Identifikasi Jenis-Jenis Bivalvia di Perairan

- Tanjungbalai, Provinsi Sumatera Utara. *Acta Aquatica*. 4 (1). 13-20.
- Ginting, T.V.B., Nasution, S., & Effendi, I. 2021. Perubahan Genetik pada Kerang Sipetang (*Pharella acutidens*) yang Dipengaruhi oleh Logam Pb dan Cd di Perairan Selat Rupa. *Jurnal Natur Indonesia*. 19 (2). 43-50.
- Khaira, K., Tambunan, E.P.S., & Idami, Z. 2024. DNA Barcoding Pada Tumbuhan Harimonting (*Rhodomystus tomentosa*) Menggunakan Gen *trnL-F*. *Best Journal Biology Education Science & Technology*. 7(1). 366-372.
- Monalisa, E., Mantiri, F.R., & Lengkong, H.J. 2019. Kajian Variasi Sekuens Interspecies dan Filogeni Kelelawar *Pteropus* sp. Menggunakan Gen CO1. *Jurnal MIPA Unsrat*. 8 (2). 71-77.
- Rahayu, W.P., Rinanti, E., Nurjanah, S., & Nurwitri, C.C. 2016. Identifikasi *Liseria monocytogenes* Pada Kerang Hijau dan Kerang Darah. *JPHPI*. 19 (3). 329-338.
- 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.
- Simamora, H.P.M & Tumanggor, L. 2022. Analilis Kadar Timbal (Pb) Pada Kerang (*Anadara* sp) yang Di Jual Di Pasar Ikan Belawan dan Pasar Ikan Percut Sei Tuan. *Nutrition And Life Journal*. 1 (1). 1-7.
- Zain, M.S.A. & Sulandari, S. 2008. Keragaman Genetik Ayam Lombok Berdasarkan Sekuen D-LOOP DNA Mitokondria. *JITV*. 13 (4). 308-314