

# Identifikasi Genetik Udang Mantis Dengan Pendekatan DNA Barcoding Gen Sitokrom Oksidase 1 (CO1)

Muhammad Dailami<sup>1</sup>, Dandi Saleky<sup>2</sup>, Abdul Hamid A. Toha<sup>3</sup>, Lalu Panji Imam Agamawan<sup>4</sup>

<sup>1</sup>Program Studi Budidaya Perairan, Departemen Manajemen Sumberdaya Perikanan dan Kelautan, FPIK Universitas Brawijaya

<sup>2</sup>Program Studi Manajemen Sumberdaya Perairan, Jurusan Manajemen Sumberdaya Perairan, Faperta Universitas Musamus

<sup>3</sup>Program Studi Manajemen Sumberdaya Perairan, Jurusan Perikanan, FPIK Universitas Papua

<sup>4</sup>Program Studi Ilmu Perikanan, Jurusan Ilmu Kelautan dan Perikanan, FMIPA Universitas Cenderawasih

\*e-mail korespondensi: muhdailami@ub.ac.id

## INFORMASI ARTIKEL

Diterima : 21 Mei 2022  
Disetujui : 20 Juni 2022  
Terbit Online : 26 Juni 2022

### Key Words:

Udang Mantis  
DNA Barkode  
Gen CO1

## ABSTRACT

Mantis shrimp is one of the marine organisms that has a very abundant diversity of species. The similarity of morphology of this group make it difficult to identify morphologically. Therefore, identification was carried out using a DNA barcoding approach. The purpose of this study was to identify the mantis shrimp species from Manokwari waters using molecular techniques. The CO1 gene fragments were amplified by using LCO and HCO primers. The DNA sequences obtained were analyzed for homology, phylogeny, and genetic distance using MEGA X software. A total of 537 base pairs of CO1 gene fragments of mantis shrimp from Manokwari were obtained. The results of the homology analysis on GenBank, show the highest similarity of 91.18% with sequences from the genus *Gonodactylus*. Analysis of phylogenetic tree and genetic distance showed the same results and supported each other with homology analysis on GenBank data.

Copyright © 2021 Universitas Cenderawasih

## PENDAHULUAN

Udang mantis adalah salah satu hewan invertebrata yang termasuk dalam kelompok udang (*crustacea*) dan termasuk dalam ordo stomatopoda (WoRMS, 2022). Habitat udang mantis yaitu disekitar karang mati yang memiliki celah-celah atau lubang yang berguna untuk tempat bersembunyi. Beberapa jenis lain dari udang mantis juga hidup di daerah pantai dengan substrat berlumpur (Patek & Caldwell, 2005). Distribusi udang mantis sangat luas, dapat ditemui hampir di seluruh wilayah Indonesia yang memiliki wilayah pantai berkarang. Udang mantis merupakan kekayaan keanekaragaman hayati Indonesia yang harus dilestarikan.

Udang mantis merupakan organisme laut yang memiliki keragaman jenis yang tinggi. Terdapat lebih dari 450 spesies udang mantis yang tersebar dalam beberapa kelompok famili (Van Der Wal, *et al.*, 2017). Beberapa nama spesies dari udang mantis merupakan sinonim dari nama spesies udang mantis yang lain. Bentuk morfologi beberapa jenis udang ini sangat mirip sehingga menyulitkan dalam identifikasi secara morfologi. Oleh karena itu diperlukan sebuah metode identifikasi yang lebih mudah dan akurat dalam identifikasi spesies udang mantis. Metode

identifikasi spesies dengan pendekatan DNA *barcoding* telah banyak dilakukan dan dikembangkan. DNA *Barcoding* adalah sebuah metode identifikasi spesies dengan cara menganalisis perbandingan sekuens dari gen tertentu dengan database yang ada seperti GenBank dan BOLD System (Barcode Of Life Database)(Ratnasingham S, and Hebert, 2013).

Tujuan penelitian ini adalah menentukan identitas spesies udang mantis yang dikoleksi dari perairan Manokwari dengan menggunakan pendekatan DNA *barcoding* yang menggunakan pendekatan BLAST (*basic local alignment search tools*) pada database National Center For Biotechnology Information (NCBI) (Camacho, *et al.*, 2008). Analisis lanjutan dalam identifikasi genetik dapat dilakukan dengan membuat pohon filogenetik dan melakukan analisis jarak genetik. Pengelompokan dalam pohon filogenetik akan memberikan gambaran klasifikasi spesies dari sampel.

## BAHAN DAN METODE

### Waktu dan Lokasi Penelitian

Sampel udang mantis diambil dari wilayah perairan Manokwari. Sampel diawetkan dalam larutan etanol 90% dan dilakukan penggantian

larutan etanol setiap kali etanol mengalami perubahan warna menjadi keruh. Penggantian etanol dilakukan secara berulang sebanyak 3 kali, untuk memastikan sampel tetap berada dalam keadaan baik. Proses Analisis DNA dilakukan di Laboratorium Genetika Universitas Papua selama 3 bulan.

### Isolasi DNA

Metode isolasi DNA yang digunakan merujuk pada penelitian yang dilakukan Toha *et al.*, (2020) dan Lutfi, *et al.*, (2019) yakni DNA diisolasi menggunakan DNAeasy mini kit dari GenAid. Metode ini dilakukan dengan mengambil 30 mg sampel udang mantis, kemudian memasukkan ke dalam 200  $\mu$ L larutan lisis *buffer*. Degradasi protein dalam daging udang mantis dilakukan dengan menambahkan 10  $\mu$ L proteinase K kemudian diinkubasi selama 10 menit pada suhu 65°C. pada saat proses inkubasi, sebanyak 100  $\mu$ L larutan *buffer* elusi juga dipanaskan untuk digunakan pada tahap akhir. Setelah 10 menit, larutan sampel ditambahkan dengan GT2 *buffer* sebanyak 100  $\mu$ L kemudian masukkan ke dalam *freezer* selama 3 menit. Kemudian tahap selanjutnya memindahkan seluruh campuran ke dalam kolom GD lalu disentrifugasi selama 1 menit dengan kecepatan 3500 rpm. Filtrat yang dihasilkan dibuang, kemudian kolom GD dicuci dengan menggunakan *buffer* W1 kemudian W2. Setelah itu, kolom GD yang berisi campuran sampel tersebut ditambahkan *buffer* elusi yang telah dipanaskan sebanyak 100  $\mu$ L dan diinkubasi pada suhu ruang selama 3 menit untuk melarutkan DNA yang terikat pada kolom GD. Selanjutnya kolom GD dipindahkan ke dalam tabung mikrosentrifugasi dan dilakukan sentrifugasi pada kecepatan 15000 rpm selama 30 detik untuk memperoleh filtrat yang berisi isolat DNA genom. Isolat DNA selanjutnya akan digunakan pada tahap PCR.

### PCR Gen COI dan Elektroforesis

Primer yang digunakan dalam proses amplifikasi fragmen gen COI adalah primer LCO-1490 dan HCO-2198 (Folmer, 1994) dengan urutan sekuens untuk primer LCO-1490 adalah 5'-TAACTTCAGGGTGACCAAAAAATCA-3' dan primer HCO-2198 adalah 5'-GGTCAACAAATCATAAAG ATATTGG-3'. PCR dilakukan dengan menggunakan 50  $\mu$ L larutan yang berisi 25  $\mu$ L Go Taq Green Mastermix, 13  $\mu$ L ddH<sub>2</sub>O, 5  $\mu$ L isolat DNA, 2,5  $\mu$ L primer LCO, 2,5  $\mu$ L primer HCO, 1  $\mu$ L DMSO dan 1  $\mu$ L BSA (*bovine serum albumin*) dengan profil suhu sesuai Toha *et al.*, (2020).

Hasil PCR kemudian diteruskan ke tahap elektroforesis untuk mengetahui keberhasilan

proses amplifikasi fragmen gen COI. Elektroforesis dilakukan menggunakan gel agarosa 1% (b/v) dimana sebanyak 0,5 gram agarosa dilarutkan ke dalam 45 mL SB-*Buffer*, kemudian dipanaskan sampai tidak berwarna (bening) dan dicetak pada cetakan yang berisi sisir gel. Gel yang telah mengeras dimasukkan ke dalam tangki elektroforesis yang telah diisi dengan SB-*buffer*. Sumur gel pada gel agarosa diisi dengan campuran 4  $\mu$ L isolat DNA dan 1  $\mu$ L *loading dye*. Elektroforesis dilakukan selama 30 menit pada tegangan 100 volt Dailami, *et al.*, (2018). Gel hasil elektroforesis kemudian diangkat dan rendam selama 20 menit dalam larutan *etidium bromida*. Kemudian gel dibilas terlebih dahulu sebelum diamati menggunakan UV-Transluminator dan didokumentasikan menggunakan kamera.

### Sekuensing DNA

Isolat DNA yang merupakan produk PCR yang telah menunjukkan hasil positif kemudian dilanjutkan ke tahap sekuensing DNA. Sekuensing DNA dilakukan oleh 1st Base, Malaysia melalui PT. Genetika Science Indonesia dengan menggunakan metode dideoksi terminasi sanger dengan hasil berupa AB1 file. Hasil sekunsing DNA dikirimkan melalui email.

### Proof Reading Sekuens DNA

Hasil sekuensing DNA dengan file berformat \*.AB1 dilakukan pengecekan kesesuaian antara elektroforegram dan sekuens DNA yang diperoleh. Sekuens dari Primer LCO digunakan sebagai forward dan sekuens dari primer jg-HCO dilakukan reverse complement untuk digunakan sebagai reverse. Setelah itu, menurut Thompson, Higgins & Gibson (1994) penggunaan menu *clustall W* dilakukan untuk mensejajarkan kedua sekuens. Apabila terdapat urutan sekuens yang tidak sesuai dengan elektroferogram, maka diperbaiki dan disesuaikan dengan tiap peak di elektroferogramnya. Hasil yang diperoleh kemudian disimpan dengan format *fasta file* menjadi satu sekuens (*contig*).

### Homologi Sekuens DNA

Sekuens DNA yang dihasilkan kemudian dibandingkan dengan *database* DNA yang ada pada GenBank. Proses perbandingan ini dilakukan menggunakan Basic Local Alignment Search tools (BLAST) yang dapat diakses melalui website NCBI yaitu <https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi> (Boratyn *et al.*, 2013). Analisis homologi dilakukan mengikuti metode yang digunakan oleh Dailami *et al.* (2021b). Hasil dari BLAST NCBI disajikan dalam bentuk tabel kemudian diunduh dengan format

fasta file sehingga dapat digunakan untuk membuat pohon filogenetik.

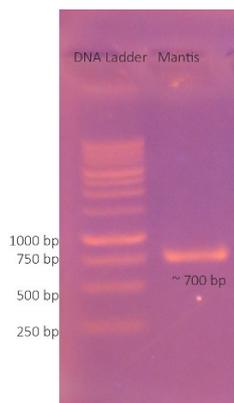
### Pembuatan Filogenetik

MEGA X adalah aplikasi yang digunakan untuk membuat pohon filogenetik (Kumar, Stecher, Li, Knyaz, & Tamura, 2018). Pembuatan pohon filogenetik memerlukan 10 sekuens pembandingan dari NCBI menggunakan metode *neighbour joining* dan *maximum likelihood* dengan *bootstrapt* 1000 replikasi. Untuk memperoleh jarak genetik, perhitungan dilakukan dengan metode yang sama.

## HASIL DAN PEMBAHASAN

### Amplikon fragmen Gen COI

Proses perbanyak fragmen gen COI divisualisasikan dalam gel elektroforesis yang menunjukkan adanya pita DNA dengan panjang mencapai 700 pasang basa (Gambar 1). Produk PCR tersebut dilanjutkan dengan analisis sekuensing DNA dan menghasilkan file elektroferogram dengan format \*.ab1 file. Elektroferogram diolah dengan melakukan proofreading antara puncak elektroferogram dengan sekuens DNA yang muncul. Berdasarkan data tersebut, diperoleh sekuens fragmen gen COI dari sampel udang mantis Manokwari dengan panjang mencapai 537 pasang basa yang berbeda dengan hasil yang terlihat pada gel elektroforesis. Hal ini dikarenakan kualitas dari elektroferogram yang dihasilkan kurang baik, akibat banyaknya pengotor dalam elektroferogram yang dihasilkan. Akibatnya banyak sekuens bagian awal dan akhir yang harus dihilangkan.



Gambar 2. Pita DNA yang dihasilkan pada gel elektroforesis fragmen gen COI Udang Mantis asal Manokwari

Ukuran DNA hasil amplifikasi fragmen gen COI dari udang mantis didapatkan pita DNA pada ukuran sekitar 700 pasang basa. Ukuran ini memiliki panjang yang sama dengan beberapa fragmen gen COI dari spesies lain seperti

Rhincodon typus (Toha et al., 2020), dan pada kelompok gastropoda (Saleky et al., 2016). Hal ini dapat diartikan bahwa region dari fragmen gen CO1 yang digunakan berada pada posisi yang tepat untuk analisis DNA Barcoding.

Pita DNA yang dihasilkan pada hasil elektroforesis juga memiliki kualitas yang baik dengan bentuk yang teratur dan kecerahan pita yang sangat baik. Kualitas pita DNA ini menggambarkan kualitas produk PCR yang dihasilkan. Jika kecerahan pita DNA kurang baik atau lebih buruk dari DNA marker mengindikasikan konsentrasi produk PCR yang rendah. Hasil penelitian ini menunjukkan konsentrasi produk PCR yang memadai dengan ditandai kualitas pita DNA yang baik pada hasil gel elektroforesisnya..

### Urutan Sekuens DNA

Sekuens DNA fragmen gen CO1 dari udang mantis asal Manokwari memiliki panjang 537 pasang basa. Sekuens ini diperoleh dari gabungan sekuens *forward* dan *reverse* yang telah dilakukan *proof reading* terhadap peak elektroferogram yang muncul. Sekuens tersebut menyandi asam amino sebanyak 109 asam amino.

Total nukleotida G+C dari fragmen Gen COI udang mantis asal Manokwari adalah 47.3% dan A+T yaitu 52.7%, yang menunjukkan bahwa jumlah G+C lebih sedikit dari pada jumlah basa A+T. Nukleotida A selalu berpasangan dengan nukleotida T dan dihubungkan oleh 2 ikatan hidrogen. Ikatan hidrogen antara basa A dan T lebih lemah dibandingkan ikatan hidrogen antara G dan C yang memiliki 3 ikatan hidrogen. Sekuens DNA dengan persentase G+C lebih kecil akan memiliki suhu denaturasi yang lebih rendah jika dibandingkan dengan sekuens dengan kandungan G+C yang lebih tinggi. Adapun sekuens lengkap dari fragmen gen CO1 udang mantis yang berhasil diamplifikasi disajikan pada Gambar 2.

```
ACTGCTCTTAGGTTAATTATTCGAGCAGAGCTTGGACAAC
CTGGTAGTTTAAATGGAGATGATCAAATTTATAATGTAGT
AGTCACAGCCCACGCTTTTATTATAATTTTTTTCATAGTT
ATGCCATTATAAATGGAGGCTTTGGTAATTGACTAGTCC
CTCTTATACTAGGAGCTCCTGATATAGCATTTCCACGAAT
AAACAACATAAGATTTTGACTTTTACCCCGCTCTTACA
TTACTCCTTTCAAGAGGTATAGTAGAAAGAGGAGTAGGGA
CAGGGTGAACGTGTTTATCCTCCCTAGCCGCAGGAATTGC
CCATGCGGGAGCTTCTGTAGATTTAGGTATCTTTTCATTG
CATATAGCAGGAGCTTCTTCAATTTTAGGAGCAGTAAACT
TTATTACAACAGTAATTAACATACGATCAAACGGGATAAC
TATAGACCGGATACCCTTATTTGTTTGAGCTGTTTTTATT
ACAGCCATTCTACTTTTATTATCTCTGCCAGTATTAGCAG
GAGCTATTACAATAA
```

Gambar 2. Urutan Sekuens DNA dari fragmen gen COI Udang Mantis asal Manokwari.

Tabel 1. Komposisi Nukleotida Fragmen Gen COI Udang Mantis Asal Manokwari.

Sampe l	G	C	A	T	Panjang g Basa
Udang Mantis	28.5 %	18.8 %	33.9 %	18.8 %	537.0

### Homologi Sekuens DNA

Sekuens Udang Mantis asal Manokwari yang diperoleh dalam penelitian ini memiliki kemiripan paling tinggi 91.18% dengan sekuens dari *Gonodactylus chiragra* (kode akses: DQ191682.1). Hasil BLAST sekuens pada database NCBI dapat dilihat pada Tabel 3.

Tabel 2. Hasil perbandingan homologi dengan BLAST NCBI

Sampel	Spesies	Kemiripan	Kode Akses	Coverage
Udang Mantis	<i>Gonodactylus chiragra</i>	91.18%	DQ191682.1	99%
Udang Mantis	<i>Gonodactylus chiragra</i>	90.69%	AF205250.1	99%
Udang Mantis	<i>Gonodactylellus affinis</i>	90.44%	MW301115.1	99%
Udang Mantis	<i>Gonodactylus smithii</i>	90.44%	NC_060311.1	99%
Udang Mantis	<i>Gonodactylus chiragra</i>	89.19%	HM138785.1	99%

Pada hasil BLAST NCBI, diperoleh hasil *coverage* yang berkisar dari 97% - 100% yang memperlihatkan hasil BLAST memiliki variasi panjang sekuens yang berbeda-beda. Nilai *coverage* 100% berarti bahwa sekuens yang terdapat dalam NCBI tersebut memiliki panjang yang sama dengan sekuens sampel yang diuji (Dailami, et al., 2021a). Dengan adanya variasi panjang sekuens ini akan berdampak pada *persen identity* hasil BLAST yang diperoleh.

Hasil BLAST ini menunjukkan bahwa sekuens sampel tidak dapat diidentifikasi secara genetik pada saat ini karena belum memadainya sekuens DNA gen CO1 untuk udang mantis yang tersedia di GenBank. Berdasarkan hasil BLAST terlihat bahwa sekuens sampel ini memiliki genus *Gonodactylus* namun tidak dapat dipastikan sampai level spesies. Untuk dapat memastikan bahwa genus dari sampel ini adalah benar berasal dari genus *Gonodactylus* maka perlu dilakukan analisis lebih lanjut dengan membuat pohon filogenetik.

### Pohon Filogenetik

Pembuatan pohon filogenetik dilakukan dengan menggunakan sekuens pembanding yang diperoleh dari GenBank. Adapun sekuens yang digunakan sebagai pembanding disajikan dalam Tabel 3.

Tabel 3. Daftar sekuens yang digunakan dalam pembuatan pohon filogenetik

No	ID Sekuens	Kode Akses NCBI
1	Udang Mantis	Penelitian ini
2	<i>Gonodactylus chiragra</i>	DQ191682.1
3	<i>Gonodactylus chiragra</i>	AF205250.1
4	<i>Gonodactylellus affinis</i>	MW301115.1
5	<i>Gonodactylus smithii</i>	NC_060311.1
6	<i>Gonodactylus chiragra</i>	HM138785.1
7	<i>Haptosquilla glyptocercus</i>	HM138789.1
8	<i>Haptosquilla stoliura</i>	AF205241.1
9	<i>Chorisquilla spinosissima</i>	AF205254.1

Parameter yang digunakan dalam membuat pohon filogenetik ditentukan berdasarkan hasil pengujian terhadap 24 model substitusi nukleotida yang terdapat dalam aplikasi MEGA. Hasil perhitungan model test tersebut disajikan dalam Tabel 4. Berdasarkan tabel tersebut, terlihat bahwa model T92+G (*Tamura 3-parameter + Gamma Dstribution*) memiliki nilai *bayesian information criterion* (BIC) terendah (2748.7) yang berarti bahwa model tersebut merupakan model yang paling tepat digunakan dalam pembuatan pohon filogenetik untuk dataset dalam penelitian ini (Nei and Kumar, 2000). Setiap dataset yang digunakan akan memiliki model terbaik yang berbeda-beda.

Tabel 3. Hasil pengujian 24 model substitusi untuk dataset sekuens yang akan digunakan dalam pembuatan pohon filogenetik

Model	#Param	BIC	AICc	InL
T92+G	18	2748.7	2637.6	-1300.7
T92+G+I	19	2756.9	2639.6	-1300.7
HKY+G	20	2766.6	2643.2	-1301.5
TN93+G	21	2771.9	2642.4	-1300.1
HKY+G+I	21	2774.7	2645.2	-1301.5
TN93+G+I	22	2775.4	2639.6	-1297.7
GTR+I	24	2781.8	2633.8	-1292.7
GTR+G	24	2781.9	2633.8	-1292.7
GTR+G+I	25	2785.6	2631.4	-1290.5
K2+G	17	2796.3	2691.4	-1328.6
K2+G+I	18	2802.5	2691.4	-1327.6
T92	17	2908.1	2803.2	-1384.5
GTR	23	2909.6	2767.7	-1360.7
TN93	20	2913.1	2789.6	-1374.7
T92+I	18	2916.3	2805.2	-1384.5
TN93+I	21	2921.3	2791.7	-1374.7
HKY	19	2922.7	2805.5	-1383.6
K2	16	2925.6	2826.9	-1397.4
HKY+I	20	2930.9	2807.5	-1383.6
K2+I	17	2933.8	2828.9	-1397.4
JC+G	16	2948.7	2849.9	-1408.9

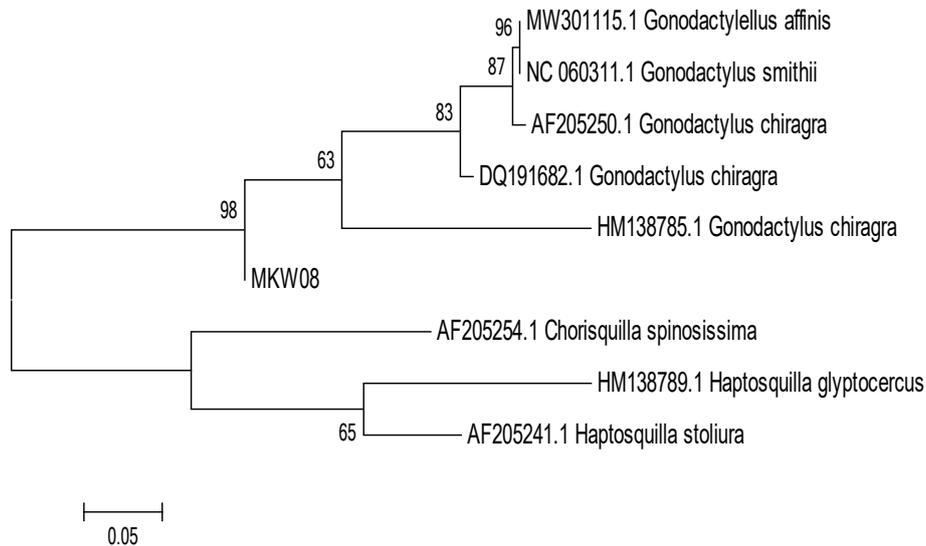
Model	#Param	BIC	AICc	InL
JC+G+I	17	2956.9	2851.9	-1408.9
JC	15	3055.5	2962.8	-1466.4
JC+I	16	3063.7	2964.9	-1466.4

Keterangan: HKY: Hasegawa-Kishino-Yano, GTR: General Time Reversible, T92: Tamura 3-parameter, TN93: Tamura-Nei, JC: Jukes-Cantor, K2: Kimura 2-parameter.

Hasil pohon filogenetik yang diperoleh disajikan pada Gambar 3. Pohon filogenetik menunjukkan bahwa sampel udang mantis asal Manokwari berada dalam satu clade dengan udang mantis *Gonodactylus chiragra*, *Gonodactylus chiragra*, *Gonodactylellus affinis*, *Gonodactylus smithii*. Hal ini menunjukkan bahwa sampel ini merupakan anggota dari genus *Gonodactylellus*.

Analisis jarak genetik yang dilakukan pada sekuens sampel dengan perbandingan sekuens

dari NCBI menunjukkan bahwa sampel memiliki jarak genetik dengan sampel dari genus *Gonodactylus* sebesar 0.1193 sedangkan jarak genetik sampel udang mantis Manokwari dengan genus *Haptosquilla* dan *Chorisquilla* yaitu sebesar 0.1421-0.1528. Hal ini sesuai dengan hasil BLAST dan juga pohon filogenetik yang menunjukkan bahwa sampel udang mantis Manokwari merupakan anggota dari genus *Gonodactylus*. Para peneliti terdahulu mampu mengidentifikasi organisme laut seperti ikan sampai level spesies dengan menggunakan fragmen gen CO1. Sebagai contoh, penelitian yang dilakukan oleh Pramono et al. (2017), yang berhasil mengidentifikasi ikan genus *mystus*, penelitian yang dilakukan Dailami et al. (2021a), yang juga berhasil mengidentifikasi lobster *Panulirus versicolor* dengan menggunakan DNA Barcoding.



Gambar 3. Pohon filogenetik Pohon filogenetik yang dibuat dengan menggunakan *maximum likelihood* dengan parameter T92+G (*tamura 3 paramater + gamma distribution*) dan *bootstrap* 1000 replikasi.

Tabel 4. Jarak Genetik sampel udang mantis asal Manokwari dengan sekuens dari GenBank

ID Sampel	1	2	3	4	5	6	7	8	9
1. MKW08									
2. DQ191682.1_Gonodactylus_chiragra	0.0977								
3. AF205250.1_Gonodactylus_chiragra	0.1037	0.045							
4. MW301115.1_Gonodactylellus_affinis	0.1069	0.042	0.0128						
5. NC_060311.1_Gonodactylus_smithii	0.1069	0.042	0.0128	0.000					
6. HM138785.1_Gonodactylus_chiragra	0.1193	0.129	0.1367	0.140	0.1402				
7. HM138789.1_Haptosquilla_glyptocercus	0.1421	0.182	0.1752	0.171	0.1717	0.197			
8. AF205241.1_Haptosquilla_stoliura	0.1497	0.169	0.1762	0.165	0.1656	0.183	0.120		
9. AF205254.1_Chorisquilla_spinosissima	0.1528	0.155	0.1515	0.154	0.1549	0.165	0.138	0.1440	

## KESIMPULAN

Fragmen gen COI dari udang mantis asal Manokwari dapat digunakan untuk identifikasi sampai level genus. Sekuens sampel udang mantis asal manokwari memiliki kesamaan dengan udang mantis dari genus *Gonodactylus* dengan kemiripan mencapai 91.18%. Analisis filogenetik menunjukkan bahwa sampel udang mantis ini berada dalam satu *clade* dengan udang mantis *Gonodactylus* dan berbeda *clade* dengan genus *Haptosquilla* dan *Chorisquilla*.

## DAFTAR PUSTAKA

- Boratyn, G. M., Camacho, C., Cooper, P. S., Coulouris, G., Fong, A., Ma, N., ... Zaretskaya, I. 2013. BLAST: a more efficient report with usability improvements. *Nucleic Acids Research*, 41(W1), W29–W33. <https://doi.org/10.1093/nar/gkt282>
- Camacho C., Coulouris G., Avagyan V., Ma N., Papadopoulos J., Bealer K., & Madden T.L. (2008) "BLAST+: architecture and applications." *BMC Bioinformatics* 10:421. PubMed
- Dailami, M., Santi, D., Murtihapsari, ., Abubakar, H., & Toha, A. H. A. 2018. Genetic analisis of cytochrome oxidase sub unit 1 gene fragment from *Cirrhilabrus cf. ryukyuensis* (Labridae) from Cenderawasih Bay and Raja Ampat. *Jurnal Iktiologi Indonesia*, 18(3), 209. <https://doi.org/10.32491/jii.v18i3.347>
- Dailami, M., Toha, A.H.A., Lapadi, I. and Kilawati, Y. 2021a. Genetic characteristics of lobster *Panulirus versicolor* (Latreille, 1804) from bird's head seascape-Papua based on cytochrome oxidase subunit 1 (COI) gene. In IOP Conference Series: Earth and Environmental Science (Vol. 743, No. 1, p. 012020). IOP Publishing. <https://dx.doi.org/10.1088/1755-1315/743/1/012020>
- Dailami, M., Widyawati, Y. and Toha, A.H.A. 2021b. Genetic Identification of Anchovy from Cenderawasih Bay using DNA Barcoding Approach. *Musamus Fisheries and Marine Journal*, pp.154-166. <https://doi.org/10.35724/mfmj.v3i2.3521>
- 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. *Mol. Mar. Biol. Biotechnol.* 1994;3:294–9.
- Kumar, S., Stecher, G., Li, M., Knyaz, C., & Tamura, K. 2018. MEGA X: Molecular evolutionary genetics analysis across computing platforms. *Molecular Biology and Evolution*, 35(6), 1547–1549. <https://doi.org/10.1093/molbev/msy096>
- Lutfi, Abubakar, H., Manaf, M., Lapadi, I., & Dailami, M. 201). Genetic Identification of Aplocheilus Panchax from the Waters of West Papua Using Molecular Approach for Preventing the Spread of Malaria. *Indian Journal of Public Health Research & Development*, 10(10), 1348–1353. <https://doi.org/10.5958/0976-5506.2019.03022.5>
- Nei, M., & Kumar, S. 2000. *Molecular Evolution and Phylogenetics*. Oxford University Press.
- Patek, S. N. & Caldwell, R. L. (2005). "Extreme impact and cavitation forces of a biological hammer: strike forces of the peacock mantis shrimp". *Journal of Experimental Biology*. 208 (19): 3655–3664. doi:10.1242/jeb.01831
- Ratnasingham, S., & Hebert, P. D. N. 2007. The Barcode of Life Data System BOLD : *Molecular Ecology Notes*, 2007(2007), 1–10. <https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2006.01678.x>
- Ratnasingham S, and Hebert PDN. 2013. A DNA-Based Registry for All Animal Species: The Barcode Index Number (BIN) System. *PLoS ONE* 8(8): e66213. DOI:10.1371/journal.pone.0066213
- Thompson, J. D., Higgins, D. G., & Gibson, T. J. 1994. CLUSTAL W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position-specific gap penalties and weight matrix choice. *Nucleic Acids Research*, 22(22), 4673–4680. <https://doi.org/10.1093/nar/22.22.4673>
- Toha, A. H. A., Dailami, M., Anwar, S., Setiawan, J. B., Jentewo, Y., Lapadi, I., ... Madduppa, H. 2020. The genetic relationships and indo-pacific connectivity of whale sharks (*Rhincodon typus*) with particular reference to mitochondrial COI gene sequences from Cendrawasih bay, Papua, Indonesia.

*Biodiversitas*, 21(5), 2159–2171.  
<https://doi.org/10.13057/biodiv/d210544>

Van Der Wal, C., Ahyong, S.T., Ho, S.Y.W., Lo, N.  
2017. "The evolutionary history of  
Stomatopoda (Crustacea: Malacostraca)  
inferred from molecular data". *PeerJ*. 5:  
e3844. doi:10.7717/peerj.3844

WoRMS. 2022. Stomatopoda. Accessed at:  
[https://www.marinespecies.org/aphia.php?  
p=taxdetails&id=14355](https://www.marinespecies.org/aphia.php?p=taxdetails&id=14355) on 2022-06-26