

Validasi Udang Air Tawar *Caridina gracilipes* Danau Sentani Menggunakan Pendekatan DNA Barcoding

Lalu Panji Imam Agamawan¹, Riki Kogoya¹, Muhammad Asghar Nazal^{2*}, Maulid Dio Suhendro³.

¹Program Studi Ilmu Perikanan, Jurusan Ilmu Kelautan dan Perikanan, FMIPA Universitas Cenderawasih. Jln. Kamp. Wolker. Waena. Papua.

²Program Studi Sistem Informatika, Jurusan Sistem Informatika, FMIPA Universitas Cenderawasih. Jln. Kamp. Wolker. Waena. Papua.

³Perhimpunan dokter hewan indonesia- flyingvet (IAM-Flyingvet)

*e-mail korespondensi: asghar.nazalm@gmail.com

INFORMASI ARTIKEL

Diterima : 25 Oktober 2024
Disetujui : 30 November 2024
Terbit Online : 30 November 2024

Kata Kunci:

Caridinia gracilipes,
DNA Barcoding,
Udang Air Tawar.

ABSTRAK

Danau Sentani merupakan danau terbesar di Provinsi Papua yang masuk dalam wilayah pemerintahan Kota Jayapura dan Kabupaten Jayapura. Salah satu sumberdaya perikanan penting yang belum dimanfaatkan dengan baik di daerah Danau Sentani adalah udang air tawar. Informasi kejelasan dari suatu spesies, terutama sumberdaya perairan Danau Sentani, khususnya udang air tawar *Caridina gracilipes* masih sangat minim. Oleh karena itu penelitian ini dilakukan dengan tujuan untuk melakukan validasi secara genetik udang air tawar *Caridina gracilipes* yang berada pada perairan Danau Sentani. Metode yang digunakan adalah metode Barcoding DNA Mitokondria, gen COI. Gen COI ketiga sampel berhasil diamplifikasi dengan panjang basa 767 (SpS01), dan 686 (SpS02 dan SpS03). Hasil penjejajaran pada Gen Bank NCBI dengan aplikasi BLAST menunjukkan kemiripan sampel nukleotida SpS01 99.54%, SpS02 sebesar 99.85% dan SpS03 sebesar 100% dengan data GenBank NCBI yaitu *Caridina gracilipes*. Hasil BLAST diperkuat juga dengan pohon filogenetik, yang menunjukkan bahwa ketiga sampel (SpS01, SpS02, dan SpS03) berada pada satu kelompok spesies *Caridina gracilipes*.

PENDAHULUAN

Danau Sentani merupakan danau terbesar di Provinsi Papua yang masuk dalam wilayah pemerintahan Kota Jayapura dan Kabupaten Jayapura. Danau ini memiliki luas sekitar 9.630 hektar dan terletak pada ketinggian 75m di atas permukaan laut (Walukow, 2012). Morin *et al.* (2023) mencatat terdapat 14 *inlet*, 3 di antaranya adalah Sungai Belo, Sungai Flafouw, dan Sungai Kampung Harapan sedangkan *outlet* dari Danau Sentani terletak di sebelah Timur mengalir menuju Sungai Tami di Kabupaten Keerom. Danau ini memiliki kedalaman yang bervariasi, Indrayani *et al.* (2015) menunjukkan bahwa titik terdalam Danau Sentani mencapai sekitar 70m. Danau Sentani memiliki peran penting dalam kehidupan masyarakat sekitar karena menjadi sumber daya perikanan air tawar yang signifikan.

Salah satu sumberdaya perikanan penting yang belum dimanfaatkan dengan baik di daerah Danau Sentani adalah udang air tawar. Secara umum udang merupakan komponen biotik perairan yang berperan penting, baik di perairan laut, payau, Sungai, ataupun danau sebagai produsen sekunder yakni sebagai pakan alami bagi ikan-ikan yang berada pada ekosistem tersebut terutama udang-udang yang berukuran kecil. Said dan Sadi (2017)

dalam publikasinya menyebutkan bahwa pada perairan Danau Sentani terdapat dua jenis udang air tawar yaitu *Macrobrachium minutum* dan *Caridina gracilipes*. Salah satu udang tersebut merupakan udang *endemic* danau Sentani yaitu *M. minutum*.

Pada pengelolaan perikanan, pengetahuan ataupun informasi terkait kejelasan dari suatu spesies sangat penting. Dengan informasi tersebut diharapkan pengelolaan perikanan akan berjalan dengan lancar dan tepat sasaran. Salah satu metode yang dapat digunakan untuk mengetahui suatu spesies yaitu dengan menggunakan metode DNA Barcoding. Metode atau teknik DNA Barcoding adalah suatu teknik identifikasi dengan menggunakan potongan gen tertentu. Teknik DNA barcoding memungkinkan identifikasi organisme pada berbagai tahapan kehidupan, seperti telur, larva, atau bahkan fragmen tubuh yang tidak diketahui asalnya. Hal ini menjadi keunggulan dibandingkan dengan teknik identifikasi konvensional yang biasanya memerlukan bentuk organisme yang lengkap. Teknik ini pertama kali diperkenalkan oleh Paul Hebert bersama koleganya pada tahun 2003. Dalam penelitian mereka, Hebert *et al.* (2003) menunjukkan bahwa gen cytochrome oxidase I (CO-I) pada DNA mitokondria dapat berfungsi sebagai sistem identifikasi standar untuk

hewan, memberikan dasar yang kuat bagi pengembangan metode identifikasi berbasis genetik.

Kress dan Erickson (2007) menjelaskan bahwa istilah DNA barcoding digunakan untuk merujuk pada sistem identifikasi yang didasarkan pada urutan DNA dari satu atau beberapa lokus genetik sebagai unit komplementer. Pendapat dari Savolainen *et al.* (2005) dan penelitian Hajibabaei *et al.* (2007) menggarisbawahi bahwa DNA barcoding berfungsi sebagai alat identifikasi taksonomi yang menggunakan region DNA pendek yang bersifat standar, universal, dan cukup variatif untuk membedakan spesies satu dengan yang lain. Teknik ini sangat praktis dalam hal efisiensi waktu untuk identifikasi dalam jumlah besar (Ebihara, 2010; Stoeckle *et al.*, 2011) dan sangat efektif dalam mengidentifikasi spesies kriptik (Jaafar *et al.*, 2012; Lahaye *et al.*, 2008). Selain untuk identifikasi, DNA barcoding juga bermanfaat untuk mengecek atau memvalidasi keragaman genetik dan hubungan kekerabatan (Ginneken *et al.*, 2017), survei ekologi

(Xue dan Li, 2011), serta analisis filogenetik dan laju evolusi (Trontelj *et al.*, 2005; Mayden *et al.*, 2007; Liao *et al.*, 2009; Tang *et al.*, 2011).

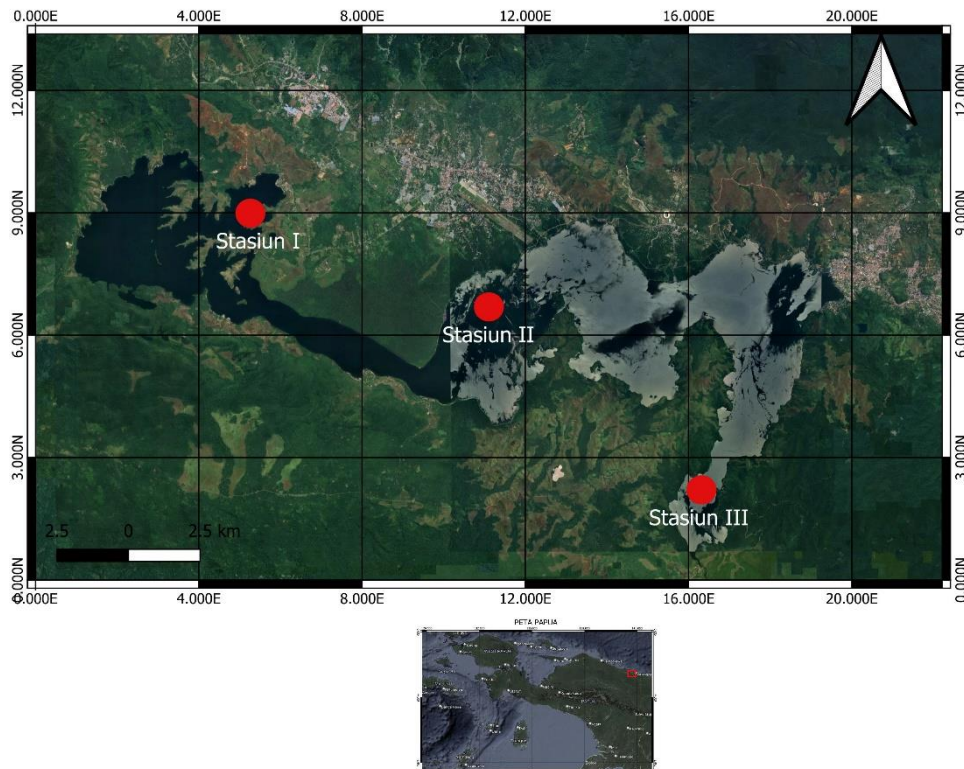
Informasi sumberdaya perairan Danau Sentani, khususnya udang air tawar *Caridina gracilipes* masih sangat minim. Oleh karena itu penelitian ini dilakukan dengan tujuan untuk melakukan validasi secara genetik udang air tawar *Caridina gracilipes* yang berada pada perairan Danau Sentani.

BAHAN DAN METODE

Waktu dan Lokasi Penelitian

Penelitian ini dilakukan kurang lebih selama 3 bulan, dimulai dari pengambilan sampel udang air tawar hingga pengerjaan laboratorium. Sampel udang *Caridina gracilipes* diambil langsung di perairan Danau Sentani yakni pada bagian Timur, Tengah dan Barat. Peta lokasi pengambilan sampel disajikan pada gambar 1.

PETA LOKASI PENGAMBILAN SAMPEL UDANG AIR TAWAR



Gambar 1. Peta Lokasi Pengambilan Sampel Udang Air Tawar *Caridina gracilipes* di Perairan Danau Sentani.

Ekstraksi dan Isolasi DNA

Metode isolasi DNA yang digunakan dalam penelitian ini mengacu pada metode yang dikembangkan oleh Toha *et al.* (2020) dengan beberapa modifikasi seperlunya, dengan menggunakan DNAeasy Mini Kit yang berasal dari

GenAid. Proses isolasi diawali dengan mengambil 30 mg sampel udang *C. gracilipes*, kemudian dimasukkan ke dalam 200 μ L larutan lisis buffer. Untuk mendegradasi protein dalam sampel, ditambahkan 10 μ L proteinase K, diikuti dengan

inkubasi selama 10 menit pada suhu 65°C. Selama inkubasi, 100 µL larutan buffer elusi dipanaskan terlebih dahulu untuk digunakan pada tahap akhir proses. Setelah inkubasi, larutan sampel ditambahkan 100 µL GT2 buffer dan dimasukkan ke dalam freezer selama 3 menit. Campuran tersebut kemudian dipindahkan ke kolom GD dan disentrifugasi selama 1 menit pada kecepatan 3500 rpm. Filtrat hasil sentrifugasi dibuang, dan kolom GD dicuci menggunakan buffer W1, diikuti dengan buffer W2. Selanjutnya, 100 µL buffer elusi yang telah dipanaskan ditambahkan ke kolom GD dan diinkubasi pada suhu ruang selama 3 menit untuk melarutkan DNA yang terikat pada kolom. Kolom GD kemudian dipindahkan ke tabung mikrosentrifugasi dan disentrifugasi dengan kecepatan 15000 rpm selama 30 detik untuk mendapatkan filtrat yang mengandung isolat DNA genom. Isolat DNA ini selanjutnya digunakan dalam tahap PCR.

Amplifikasi dan Elektroforesis DNA

Primer yang digunakan dalam proses amplifikasi udang adalah jgLCO (5'-TIT CIA CIA AYC AYA ARG AYA TTG G -3') dan jgHCO (5'-TAI ACY TCI GGR TGI CCR AAR AAY CA -3') (Geller et al., 2013). Total volume reaksi PCR adalah 26 µL, yang terdiri dari 2 µL template DNA hasil ekstraksi, 1,25 µL masing-masing primer dengan konsentrasi 10 mM, 9 µL ddH₂O, dan 12,5 µL Ready mix. Campuran reaksi ini kemudian diamplifikasi menggunakan mesin Applied Biosystems™ 2720 Thermal Cycler. Protokol PCR yang digunakan memiliki profil suhu dan waktu sebagai berikut: tahap awal Denaturasi: 94 °C selama 3 menit, diikuti dengan tahap Denaturasi: 94 °C selama 30 detik, Annealing pada 57 °C selama 30 detik, dan tahap Extension pada 72 °C selama 60 detik. Siklus dari tahap Denaturasi hingga Extension dilakukan sebanyak 38 kali, dan tahap terakhir adalah final extension pada 72 °C.

Hasil dari PCR kemudian dilanjutkan ke proses elektroforesis untuk mengevaluasi keberhasilan amplifikasi fragmen gen COI. Elektroforesis dilakukan dengan menggunakan gel agarosa 1% (b/v), yang dibuat dengan melarutkan 0,5 gram agarosa dalam 45 mL SB-Buffer, lalu dipanaskan hingga larut dan dicetak dalam cetakan berisi sisir gel. Gel yang sudah mengeras kemudian ditempatkan dalam tangki elektroforesis yang telah diisi dengan SB-buffer. Sumur pada gel agarosa diisi dengan campuran 4 µL isolat DNA dan 1 µL loading

dye. Proses elektroforesis dilakukan selama 30 menit dengan tegangan 100 volt.

Sekuensing DNA

Isolat DNA yang dihasilkan dari proses PCR dan telah terkonfirmasi positif selanjutnya diproses untuk tahap sekuensing DNA. Proses sekuensing ini dilakukan oleh 1st Base yang bekerja sama dengan PT. Genetika Science Indonesia, menggunakan metode dideoksi terminasi Sanger, yang menghasilkan file dalam format AB1 yang dikirimkan melalui email. Kemudian dilakukan *proof reading* sekuens DNA, menggunakan perangkat lunak MEGA 11 (*Molecular Evolutionary Genetics Analysis version 11*). Proof reading bertujuan untuk pengecekan kesesuaian elektroforesis rantai basa nukleotida yang diperoleh. Proses *proofreading* mengikuti metode yang digunakan oleh Dailami et al. (2022) yakni pensejajaran menggunakan menu *clustall W*. Pensejajaran dilakukan antara sekuense *Forward* (Primer LCO) dengan sekuense *Reverse* (jg-HCO) untuk menemukan perbedaan yang kemudian dilakukan penyesuaian sesuai *peak* pada elektroforesis.

Homologi Sekuense DNA

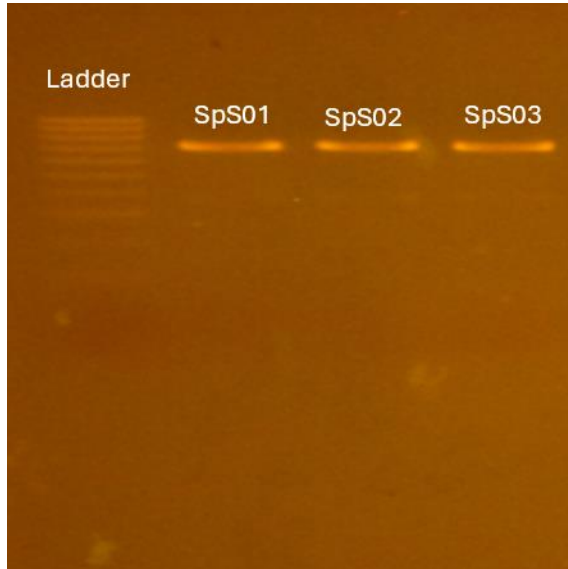
Analisis homologi sekuens DNA adalah teknik penting dalam bioinformatika yang digunakan untuk membandingkan sekuens genetik dari berbagai organisme. Termasuk di dalamnya adalah Validasi secara molekuler dengan memperhatikan persentasi kemiripan urutan basa nukleotida organisme yang kita teliti dengan apa yang ada pada GenBank. Homologi sekuense dapat diketahui dengan suatu *tool* yang sering disebut BLAST (*Basic Local Alignment Search Tool*), yang kelak akan menunjukkan sekuense homolog, informasi identitas, dan informasi panjang. Metode homologi yang digunakan disesuaikan dengan metode yang digunakan oleh Dailami et al. (2021).

HASIL DAN PEMBAHASAN

Fragmen Gen COI *Caridina gracilipes*

Amplifikasi fragmen gen COI ditampilkan melalui gel elektroforesis, disajikan pada Gambar 2. Produk PCR selanjutnya dianalisis melalui sekuensing DNA, menghasilkan file elektroforesis dalam format ekstensi *.ab1. Proses pengolahan elektroforesis dilakukan dengan melakukan *proofreading* pada puncak-puncak elektroforesis yang terdeteksi dari

sekuens DNA yang dihasilkan. Analisis ini akan menghasilkan sekuens fragmen gen CO1 dari sampel udang air tawar *Caridina gracilipes* perairan Danau Sentani.



Gambar 2. Hasil Elektroforesis ketiga sampel udang air tawar *Caridina gracilipes*.

Hasil elektroforesis dengan pita terang menunjukkan bahwa proses amplifikasi berjalan dengan baik. Sebaliknya, pita samar yang diamati pada gel elektroforesis menunjukkan ketidaksesuaian dalam proses amplifikasi DNA (Robyn et al., 2014). Dengan demikian, hasil elektroforesis ini menunjukkan bahwa DNA udang air tawar *C. gracilipes* Danau Sentani berhasil diamplifikasi.

Sekuense DNA *Caridina gracilipes*

Rantai basa nukleotida yang diperoleh rata-rata sepanjang 780bp, setelah dilakukan *proofreading* di peroleh sampel Sentani SpS01 767bp, SpS02 dan SpS03 686bp.

Tabel 1. Urutan basa nukleotida sampel udang *C. gracilipes* yang ditemukan di perairan Danau Sentani.

| Kode sampel | Urutan basa nukleotida |
|-------------|--|
| SpS01 | TACATTATATTTTATATTAGGAGCTTGAGCTGGAATAGTAGGATCTGCACTAAGACTTTTAATTCAGCAGA ACTAGGACAACCAGGTAACCTGATTGGAAATGATCAAATTTACAATGTTATTGTCAGTCCCACGCTTTTAT TATAATTTTCTTCATGGTCATGCCAATTATGATTGGGGGGTTTCGGAACTGACTAGTCCCTCTTATATTAGG GGCCCCGATATAGCATTCCCTCGAATAAATAACATAAGATTTTGACTTTTACCTCCTGCTCTCACACTCCTT CTATCAAAAGGTATGGTAGAAAGTGGGGTAGGTACAGGCTGAACAGTCTATCCTCCTTTAGCAGGTAGAATT GTCACGCTGGAGCTTCAGTAGATTTAGGAATTTTTCCCTACACTTGGCAGGAATTTCTTCAATTCTAGGAG CAGCTAACTTTATATCTACAGTAGCTAACATGCCAAGTCCGGGTATACTAAGAGATCGTATACCTCTTTTGT GTGATCTGTCTTCTTAACTGCTGTTCTTCTTACTCTCCCTACCAGTCCCTAGCTGGAGCTATTACGATGCTA CTAGTAGACCGTAATTTGAATTCAGCTTTCTTCGACCCTGCCGGAGGAGGTGATCCCATCCTATATCAGCACT TATTTTGATTCTTCGGCCACCCGGGAAGTCTAAGCAATTC AACCTCTATCGTCGACTTGTTCTGGTTCTTCG GCCACCCGAGGTCTACCAATGCCTGATGATTCTGCAAGA |
| SpS02 | TACATTATATTTTATATTAGGAGCTTGAGCTGGAATAGTAGGAACTGCACTAAGACTTTTAATTCAGCAGA ACTAGGACAACCAGGTAACCTGATTGGAAATGATCAAATTTACAATGTTATTGTCAGTCCCACGCTTTTAT TATAATTTTCTTCATGGTCATGCCAATTATGATTGGGGGGTTTCGGAACTGACTAGTCCCTCTTATATTAGG GGCCCCGATATAGCATTCCCTCGAATAAATAACATAAGATTTTGACTTTTACCTCCTGCTCTCACACTCCTT CTATCAAGAGGTATGGTAGAAAGTGGGGTAGGTACAGGCTGAACAGTCTATCCTCCTTTAGCAGGTAGAATT GTCACGCTGGAGCTTCAGTAGATTTAGGAATTTTTCCCTACACTTGGCAGGAATTTCTTCAATTCTAGGAG CAGCTAACTTTATATCTACAGTAGCTAACATGCCAAGTCCGGGTATACTAAGAGATCGTATACCTCTTTTGT GTGATCTGTCTTCTTAACTGCTGTTCTTCTTACTCTCCCTACCAGTCCCTAGCTGGAGCTATTACGATGCTA CTAGTAGACCGTAATTTGAATTCAGCTTTCTTCGACCCTGCCGGAGGAGGTGATCCCATCCTATATCAGCACT TATTTTGATTCTTCGGCCACCCGGGAAGTCTAA |

| Kode sampel | Urutan basa nukleotida |
|-------------|---|
| Sp03 | TACATTATATTTTATATTAGGAGCTTGAGCTGGAATAGTAGGAAGTGCCTAAGACTTTTAAATTCGAGCAGA ACTAGGACAACCAGGTAACCTGATTGGAATGATCAAATTTACAATGTTATTGTCAGTCCACGCTTTTAT TATAATTTTCTTCATGGTCATGCCAATTATGATTGGGGGTTTCGGGAAGTACTAGTCCCTCTTATATTAGG GGCCCCGATATAGCATTCCTCGAATAAATAACATAAGATTTTGACTTTTACCTCCTGCTCTCACACTCCTT CTATCAAGAGGTATGGTAGAAAGTGGGGTAGGTACAGGCTGAACAGTCTATCCTCCTTTAGCAGGTAGAATT GCTCACGCTGGAGCTTCAGTAGATTTAGGAATTTTTCCCTACACTTGGCAGGAATTTCTTCAATTCTAGGAG CAGCTAACTTTATATCTACAGTAGCTAACATGCCAAGTGGGGTATACTAAGAGATCGTATACCTCTTTTGT GTGATCTGTCTTCTTAACTGCTGTTCTTCTTACTCTCCCTACCAGTCTAGCTGGAGCTATTACGATGCTA CTAGTAGACCGTAATTTGAATTCAGCTTTCTTCGACCCTGCCGGAGGAGGTATCCCATCTATATCAGCACT TATTTTGATTCTTCGGCCACCC-GGAAGTCAA |

Urutan basa nukleotida selanjutnya dilakukan pencocokan pada data GenBank, pada laman NCBI dengan menggunakan tools *BLAST (Basic Local Alignment Search tool)*. Program ini membandingkan urutan DNA yang dimiliki dengan database GenBank untuk mengidentifikasi urutan

serupa, sehingga membantu menentukan gen atau protein yang homolog (Sofi *et al.*, 2022). Hasil BLAST menunjukkan dengan jelas bahwa SpS01, SpS02, dan SpS03 merupakan spesies *Caridina gracilipes*. Hal ini ditunjukkan dengan tingkat Identity di atas dari 90%.

Tabel 2. Hasil BLAST yang dilakukan pada GenBank NCBI

| Field ID | Lab ID | Species | bp | Gene | Accession Number | Query Cover (%) | Identity (%) |
|----------|---------------|----------------------------|-----|------|------------------|-----------------|--------------|
| SpS01 | BIOSUB240.002 | <i>Caridina gracilipes</i> | 767 | COI | MN526093.1 | 88 | 99.54 |
| SpS02 | BIOSUB277.005 | <i>Caridina gracilipes</i> | 686 | | PP313050.1 | 96 | 99.85 |
| SpS03 | BIOSUB277.006 | <i>Caridina gracilipes</i> | 686 | | | 96 | 100 |

Komposisi urutan basa nukleotida *C. gracilipes* Danau Sentani memiliki jumlah rata-rata basa Timin (T) sebesar 32.7%, kemudian basa Sitosin (C) sebesar 21.7%, basa Adenin (A) sebesar 25.9%, dan Guanin (G) sebesar 19.7%, komposisi ini menunjukkan bahwa proporsi terbesar adalah basa Timin dan Adenin. Tingginya proporsi kedua basa tersebut menunjukkan adanya kondisi AT bias, dikarenakan nukleotida Adenin dan Timin lebih tinggi dibandingkan dengan Guanin dan Sitosin. Fenomena AT bias berpengaruh terhadap adaptasi lingkungan, laju mutasi dan Ekspresi gen (Šnábel, 2012). Wilayah DNA yang kaya akan AT memiliki peran penting dalam aspek struktural, fungsional, dan evolusi. Fleksibilitas dan polimorfismenya yang tinggi mendukung berbagai proses biologis (Elias, 2023), seperti pembentukan struktur *hairpin* (formasi skunder dalam molekul DNA atau RNA yang terbentuk ketika suatu urutan nukleotida saling berpasangan dengan urutan komplementer pada untai yang sama) dan interaksi dengan ligan (Reyes, 2023). Secara fungsional, sekuens AT kaya ini sering menjadi elemen *cis* (segmen) pengatur gen, khususnya pada promoter virus, serta terlibat dalam pengaturan kromatin (Giri *et al.*, 2020). Implikasi dalam pembahasan evolusi, dominasi AT

dalam genom tertentu, seperti pada patogen, memberikan keuntungan adaptif terkait tingkat mutasi dan stabilitas genetik, dengan trade-off terhadap kawasan kaya GC yang lebih stabil. Dengan kata lain kawasan dengan komposisi AT lebih tinggi sangat rentan bermutasi dibandingkan dengan kawasan yang memiliki komposisi GC tinggi (Vinogradov dan Anatskaya, 2017).

Pohon Filogenetik

Pohon filogenetik dibentuk untuk memperkuat hasil BLAST yang telah dilakukan sebelumnya. Pohon filogenetik dilakukan dengan menggunakan sekuens pembandingan yakni data udang *C. gracilipes* yang berada pada GenBank dan juga penggunaan *outgroup*. Penggunaan *outgroup* dalam penyusunan filogenetik sangat penting karena dapat membantu menetapkan akar pada pohon filogenetik, yang memungkinkan penentuan arah evolusi dan polaritas ciri. *Outgroup* idealnya adalah spesies atau kelompok yang secara genetik dekat tetapi secara evolusioner berada di luar kelompok yang sedang diteliti (*ingroup*).

Model yang digunakan untuk menyusun pohon filogenetik dipilih berdasarkan pengujian terhadap 24 model substitusi nukleotida pada aplikasi MEGA 11. Berdasarkan hasil model test yang disajikan

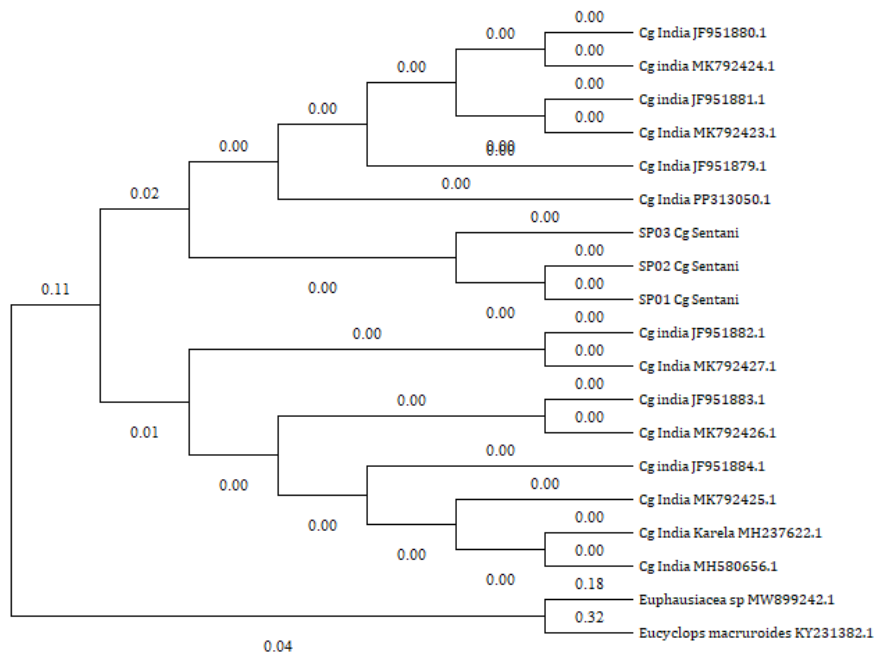
pada Tabel 3, model T92+I (*Tamura 3-parameter + Invariant Site*) memiliki nilai *Bayesian Information Criterion* (BIC) terendah sebesar 3848.015, sehingga dianggap paling sesuai untuk dataset penelitian ini (Nei dan Kumar, 2000).

Tabel 3. Hasil pengujian 24 model substitusi pembentukan pohon filogenetik sampel udang *C. gracilipes* Danau Sentani

| Model | #Param | BIC | AICc | lnL |
|----------|--------|----------|----------|---------|
| T92+I | 38 | 3848.015 | 3573.757 | 1748.73 |
| T92 | 37 | 3848.333 | 3581.285 | -1753.5 |
| T92+G | 38 | 3850.199 | 3575.941 | 1749.82 |
| HKY | 39 | 3856.683 | 3575.216 | 1748.45 |
| T92+G+I | 39 | 3858.102 | 3576.635 | 1749.16 |
| HKY+I | 40 | 3858.716 | 3570.039 | 1744.86 |
| HKY+G | 40 | 3860.159 | 3571.482 | 1745.58 |
| TN93 | 40 | 3865.782 | 3577.105 | 1748.39 |
| TN93+I | 41 | 3867.047 | 3571.162 | 1744.41 |
| HKY+G+I | 41 | 3867.125 | 3571.239 | 1744.45 |
| TN93+G | 41 | 3869.267 | 3573.381 | 1745.52 |
| GTR | 43 | 3871.128 | 3560.826 | 1737.23 |
| GTR+I | 44 | 3872.902 | 3555.393 | -1733.5 |
| GTR+G | 44 | 3874.881 | 3557.372 | 1734.49 |
| TN93+G+I | 42 | 3876.243 | 3573.149 | -1744.4 |
| K2 | 36 | 3878.368 | 3618.53 | 1773.13 |

| Model | #Param | BIC | AICc | lnL |
|---------|--------|----------|----------|---------|
| K2+I | 37 | 3883.013 | 3615.965 | 1770.84 |
| GTR+G+I | 45 | 3883.175 | 3558.459 | 1734.02 |
| K2+G | 37 | 3883.917 | 3616.869 | -1771.3 |
| K2+G+I | 38 | 3892.226 | 3617.968 | 1770.84 |
| JC | 35 | 3925.187 | 3672.56 | 1801.16 |
| JC+G | 36 | 3932.167 | 3672.33 | 1800.03 |
| JC+I | 36 | 3932.589 | 3672.751 | 1800.24 |
| JC+G+I | 37 | 3941.225 | 3674.177 | 1799.95 |

Pohon filogenetik yang terbentuk disajikan pada Gambar 3. Pada gambar ini menunjukkan bahwa sampel udang air tawar *C. gracilipes* Danau Sentani (9SpS01, SpS02, dan SpS03) terkelompok sendiri dengan udang *C. gracilipes* yang berasal dari data GenBank. Sampel udang *C. gracilipes* juga terlihat masih masuk dalam kelompok besar udang *C. gracilipes* bersama dengan *C. gracilipes* lainnya yang berasal dari data GenBank, dan kelompok besar ini terpisah dengan kelompok *outgroup* yakni *Euphausiacea Sp* dan *Eucyclops macruroides* (sesama crustacea). Angka-angka yang berada pada gambar menunjukkan jarak genetik antara leluhur dari tiap spesies. Terlihat bahwa jarak antara spesies *C. gracilipes* sebesar 0.00 menunjukkan bahwa spesies ini sama, dan memvalidasi SpS01, SpS02, dan SpS03 adalah spesies *Caridina gracilipes*. Jarak genetik dengan nilai yang kecil menunjukkan kemungkinan besar bahwa spesies tersebut memiliki kesamaan (Hebert et al., 2003).



Gambar 3. Pohon Filogenetik antara *C. gracilipes* Danau Sentani dengan *C. gracilipes* yang berasal dari GemBank NCBI beserta *Outgroup*.

KESIMPULAN

Sampel udang air tawar SpS01, SpS02, dan SpS03 benar adalah udang *Caridina gracilipes* dengan hasil identity kemiripan urutan basa nukleotida gen COI sebesar 99,54% - 100%. Berdasarkan pohon filogenetik juga menunjukkan bahwa sampel udang air tawar Danau Sentani SpS01, SpS02, dan SpS03 merupakan udang *Caridina gracilipes* yang tersusun berkelompok dengan spesies *Cardinia gracilipes* lainnya yang merupakan database GenBank NCBI.

UCAPAN TERIMA KASIH

Ucapan terima kasih diberikan kepada LPPM Universitas Cenderawasih yang sudah membiayai penelitian ini melalui dana DIPA PNBP dengan Kontrak Nomor: 276/UN20.2.1/PG/2024.

DAFTAR PUSTAKA

- Dailami, M., Saleky, D., Toha, A. H. A., Agamawan, L. P. I. 2020. Identifikasi Genetik Udang Mantis dengan Pendekatan DNA Barcoding Gen Sitokrom Oksidasi 1 (CO1). *Acroopra: Jurnal Ilmu Kelautan dan Perikanan Papua*, 5(1): 37 - 43. DOI: 10.31957/acr.v5i1.2269
- Dailami, M., Widyawati, Y. and Toha, A.H.A. 2021. 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>
- Ebihara, A., J.H. Nitta and M. Ito. 2010. Molecular Species Identification with Rich Floristic Sampling: DNA Barcoding the Pteridophyte Flora of Japan. *Plos ONE* 5(12): e15136.
- Elías, C. R. M.. 2023. Structural and functional studies of AT-Rich DNA ligands and their effect on trypanosoma brucei. doi: 10.5821/dissertation-2117-114006
- Ginneken, M.V.A.N., E. Decru, E. Verheyen and J. Snoeks. 2017. Morphometry and DNA Barcoding Reveal Cryptic Diversity in the Genus *Enteromius* (Cypriniformes : Cyprinidae) from the Congo Basin, Africa, 1-32.
- Giri, M., Maulik, A., Mahavir, S. 2020. Signatures of Specific DNA Binding by the AT-Rich Interaction Domain of BAF250a. *Biochemistry*, doi: 10.1021/ACS.BIOCHEM.9B00852
- Hebert, P. D. N., Cywinski, A. and Ball, S. L. 2003. Biological Identification through DNA Barcodes. *Proceedings of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences*, 270 (151), 313-321
- Indrayani E., Kamiso H. N., Suwarno H., dan Rustadi. Peta Batimetri Danau Sentani Papua. *Depik*, 4(3): 116 - 120.
- Kress, W.J. and Erickson, D.L. (2007) A Two-Locus Global DNA Barcode for Land Plants: The Coding *rbcL* Gene Complements the Non-Coding *trnH-psbA* Spacer Region. *PLoS ONE*, 2, e508. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0000508>
- Lahaye, R., M. Van der Bank, D. Bogarin, J. Warner, F. Pupulin, G. Gigot, O. Maurin, S. Duthoit, T.G. Barraclough and V. Savolainen. 2008. DNA Barcoding the Floras of Biodiversity Hotspot. *Proc. Nat. Acad. Sci.* 105(8):2923-2928
- Liao, T.Y., S.O. Kullander and F. Fang. Phylogenetic Analysis of the Genus *Rasbora* (Teleostei: Cyprinidae). *Zoologica Scripta*. Volume39, Issue2
- Mayden, R. L., R.H. Hanner and Bernatchez, L. 2011. Genetic Calibration of Species Diversity among North America's Freshwater Fishes. USA. Meganatham.
- Morin C. A., Fuad M., Muryono. 2023. Analisis Kualitas Air di Perairan Danau Sentani Kampung Asei Keil, Distrik Sentnai Timur, Kabupaten Jayapur. *ACROPORA: Jurnal Ilmu Kelautan dan Perikanan Papua*, 6(1): 76 - 83.
- Nei M. and Kumar S. 2000. *Molecular Evolution and Phylogenetics*. Oxford University Press, New York.
- Reyes, F. J. A. 2023. Structural studies of AT-rich DNA. doi: 10.5821/dissertation-2117-96301
- Robyn, E., Thompson., George, Duncan., Bruce, McCord. 2014. An investigation of PCR inhibition using Plexor(®) -based quantitative PCR and short tandem repeat amplification.. *Journal of Forensic Sciences*, 59(6):1517-1529. doi: 10.1111/1556-4029.12556
- Said, D. S., dan Sadi, N. H. 2017. Beberapa aspek Biologi Udang Asli Danau Sentani, Papua. *LIMNOTEK Perairan Darat Tropis di Indonesia*, 25(2): 65 - 77.
- Šnábel, V. 2012. Point Mutations, Their Transition Rates and Involvements in Human and Animal Disorders. doi: 10.5772/38493
- Sofi, M. Y., Afshana, S. K., Masoodi, Z. 2022. Ncbi blast. 95-102. doi: 10.1016/b978-0-323-91128-3.00021-5
- Stoeckle, M., Gamble, C., Kirpekar, R., Young, G., Ahmed, S., Little, D. P. 2011. Commercial Teas Highlight Plant DNA Barcode Identification Successes and Obstacles. *Sci Rep* 1, 42 <https://doi.org/10.1038/srep00042>
- Tang, K. L., M.K. Agnew, W. Chen, M.V. Hirt, M.E. Raley, T. Sado and R.L. Mayden. 2011. *Molecular Phylogenetics and Evolution*

-
- Phylogeny of the Gudgeons (Teleostei: Cyprinidae: Gobioninae). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 61(1), 103–124
- Toha, A.H.A., Dailami, M., Anwar, S., Setiawan, J.B., Jentewo, Y., Lapadi, I., ... Madupa, H. 2020. The genetic relationships and indo-pasific connectivity of whale sharks (*Rhincodon typus*) with Particular Reference to mitochondrial COI gene sequenching from Cenderawasih bay, Papua, Indonesia. *Biodiversitas*. 21(15), 2159-2171
- Trontelj, P., Y. Machino and B. Sket. 2005. Phylogenetic and Phylogeographic Relationships in the Cray Genus *Austropotamobius* Inferred from Mitochondrial COI *Gene Sequences*, 34, 212–226.
- Vinogradov, A. E., Anatskaya, O. V. 2017. DNA helix: the importance of being AT-rich. *Mammalian Genome*, doi: 10.1007/S00335-017-9713-8
- Walukow A. F. 2012. Analisis Kebijakan Penurunan Luas Hutan di Daerah Aliran Sungai Sentani Berwawasan Lingkungan. *J.Manusia dan Lingkungan*, 19 (1): 74 – 84.