

Keragaman Genetik Udang Gua Genus *Stenasellus* dari Gua Baturijal, Sumatera Utara berdasarkan Gen Mitokondria COI

Muhammad Helmi Fauzan
20/458297/BI/10530

Dosen Pembimbing: Dra. Tuty Arisuryanti, M.Sc., Ph.D.

INTISARI

Gua merupakan bentuk ekosistem yang terisolir karena minimnya pertukaran energi dan material organik, migrasi organisme, serta minimnya fluktuasi parameter fisikokimia pada zona gelap gua. *Troglobites* merupakan organisme dengan persebaran secara eksklusif pada daerah terestrial di dalam zona gelap gua, sedangkan *Stygobites* merupakan kelompok hewan yang secara eksklusif menempati kawasan perairan dalam zona gelap sistem gua. *Stenasellus* merupakan salah satu *stygobites* yang hidup di air tanah dengan sebaran pada mikrohabitat berupa genangan air, kolam alami dalam gua, danau, serta sungai bawah tanah. Salah satu daerah distribusi *Stenasellus* spp. di Indonesia adalah Gua Baturijal, Lau Damak, Bahorok, Langkat, Sumatera Utara. Namun demikian, keragaman genetik udang gua (*Stenasellus* spp.) dari Gua Baturijal, Lau Damak, Bahorok, Langkat, Sumatera Utara belum pernah diamati. Berdasarkan hal tersebut, tujuan penelitian ini adalah untuk menganalisis keragaman genetik udang gua (*Stenasellus* spp.) dari Gua Baturijal, Lau Damak, Bahorok, Langkat, Sumatera Utara menggunakan penanda gen mitokondria COI. Penelitian ini dilakukan dengan menggunakan metode PCR dengan universal primer *LCO1490* dan *HCO2198*. Tahapan penelitian meliputi isolasi DNA, amplifikasi DNA, elektroforesis, purifikasi dan sekuensing. Data yang diperoleh selanjutnya dianalisis menggunakan software GeneStudio, DNASTAR, BLAST, BOLD, MESQUITE, MEGA11, dan DnaSP. Berdasarkan hasil penelitian ini, diketahui terdapat indikasi bahwa udang gua (*Stenasellus* spp.) di Gua Baturijal merupakan dua spesies berbeda berdasarkan analisis jarak genetik dan pohon filogenetik serta masing-masing spesies *Stenasellus* tersebut memiliki keragaman genetik berdasarkan keragaman haplotipe dan keragaman nukleotida pada ketujuh sampel yang diuji. Rerata jarak genetik kedua spesies *Stenasellus* tersebut adalah 17,65%. Spesies *Stenasellus*-1 terdiri dari 4 sampel memiliki nilai keragaman haplotipe $1 \pm 0,177$ dan keragaman nukleotida $0,01188 \pm 0,00368$, sedangkan *Stenasellus*-2 terdiri dari 3 sampel memiliki nilai keragaman haplotipe $1 \pm 0,272$ dan keragaman nukleotida $0,01070 \pm 0,00452$. Hasil penelitian ini diharapkan dapat memberi manfaat berupa informasi genetik udang gua yang dapat digunakan untuk menyusun pustaka gen mitokondria COI udang gua di Indonesia dan dapat dimanfaatkan sebagai basis identifikasi maupun program konservasi udang gua (*Stenasellus* spp.) di Indonesia.

Kata kunci : gen COI, variasi genetik, Crustacea, Isopoda, *Stenasellus*

Genetic Variation of Cave Shrimp Genus *Stenasellus* from Baturijal Cave, North Sumatra based on *COI* Mitochondrial Gene

Muhammad Helmi Fauzan
20/458297/BI/10530

Supervisor: Dra. Tuty Arisuryanti, M.Sc., Ph.D.

ABSTRACT

Caves are a form of exclusive isolated ecosystem due to the minimal flow of energy and organic material exchange, movement of organisms from within and outside the area, and minimal fluctuations in physicochemical parameters in the dark zone of caves. Troglobites are organisms that are exclusively distributed in terrestrial areas within the dark zone of caves, while Stygobites are a group of animals that exclusively inhabit aquatic areas within the dark zone of cave systems. *Stenasellus* is one of the stygobites that live in groundwater with distribution in microhabitats such as water puddles, natural pools in caves, lakes, and underground rivers. One of the distribution areas of *Stenasellus* spp. in Indonesia is Baturijal Cave, Lau Damak, Bahorok, Langkat, North Sumatra. No research has been conducted on the genetic variation of cave shrimp (*Stenasellus* spp.) from Baturijal Cave, Lau Damak, Bahorok, Langkat, North Sumatra. Therefore, the aim of this research is to analyze genetic variation of cave shrimp (*Stenasellus* spp.) from Baturijal Cave, Lau Damak, Bahorok, Langkat, North Sumatra using *COI* mitochondrial gene as a barcoding marker. This research will be conducted using the PCR method and universal primers *LCO1490* and *HCO2198*. The stages of the research included DNA isolation, DNA amplification, electrophoresis, purification and sequencing. The data obtained will be analyzed using GeneStudio, DNASTAR, BLAST, MESQUITE, MEGA, and DnaSP software. Based on the findings of this research, it is evident that there are indications suggesting that cave shrimp (*Stenasellus* spp.) in Baturijal Cave represent two distinct species based on genetic distance analysis and phylogenetic tree construction. Each of the two distinct species have also genetic variation based on haplotype diversity and nucleotide diversity values among the seven samples investigated. The average genetic distance between the two *Stenasellus* species is 17,65%. *Stenasellus*-1, consisting of 4 samples, has a haplotype diversity value of $1 \pm 0,177$ and a nucleotide diversity value of $0,01188 \pm 0,00368$. Meanwhile, *Stenasellus*-2, comprising 3 samples, has a haplotype diversity value of $1 \pm 0,272$ and a nucleotide diversity value of $0,01070 \pm 0,00452$. The results of this study are expected to provide genetic information on cave shrimp (*Stenasellus* spp.) which can be used to assemble a *COI* mitochondrial gene library and can be used as a basis data for identification and conservation programs for cave shrimp (*Stenasellus* spp.) in Indonesia.

Keywords: *COI* gene, genetic variation, Crustacea, Isopoda, *Stenasellus*