

**KERAGAMAN GENETIK KEPITING BIOLA, *Gelasimus borealis* (Crane, 1975),
DARI KULON PROGO, D.I. YOGYAKARTA BERDASARKAN GEN
MITOKONDRIA 16S rRNA**

Laura Silka Karawina Rokhmat
21/477107/BI/10746

INTISARI

Indonesia memiliki berbagai wilayah yang cocok untuk kehidupan kepiting biola, *Gelasimus borealis* (Crane, 1975), yang berupa zona intertidal pada daerah berlumpur atau berpasir, seperti muara sungai atau hutan mangrove. Namun, penelitian terkait kelimpahan spesies tersebut di Indonesia belum banyak dilakukan. Penelitian mengenai keragaman genetik *G. borealis* berdasarkan gen mitokondria 16S belum pernah dilakukan di Indonesia. Penelitian mengenai keragaman genetik penting dilakukan untuk pembentukan pustaka gen mitokondria 16S yang lebih komprehensif serta menjadi landasan bagi upaya konservasi. Oleh karena itu, penelitian ini bertujuan untuk mengetahui keragaman genetik *G. borealis* dari Kulon Progo, D.I. Yogyakarta dengan menggunakan gen mitokondria 16S. Penelitian ini menggunakan metode PCR dengan primer universal 16Sar dan 16Sbr melalui tahapan isolasi DNA, amplifikasi DNA, elektroforesis, dan sekuensing. Hasil penelitian ini dianalisis dengan program GeneStudio, BLAST, MESQUITE, MEGA, DnaSP, BEAST, NETWORK, dan GenAIEx. Berdasarkan hasil penelitian, analisis intrapopulasi tidak menunjukkan adanya keragaman genetik, sedangkan analisis interpopulasi dengan populasi dari Hong Kong dan Taiwan yang diambil dari basis data *GenBank* menunjukkan ada keragaman genetik interpopulasi, yaitu terdapat 5 *haplotype* dan dari panjang fragmen 495 bp terdapat 5 situs polimorfik yang terdiri dari 2 *parsimony informative sites* dan 3 *singleton sites*. Selanjutnya nilai keragaman *haplotype* adalah $0,857 \pm 0,108$ dan keragaman nukleotida adalah $0,00368 \pm 0,00055$. Jarak genetik antar sampel berkisar antara 0-0,61%. Analisis filogenetik menunjukkan *G. borealis* dari Kulon Progo berada dalam satu *clade* yang sama dan terpisah dengan *clade G. borealis* dari Hong Kong dan Taiwan dengan jarak genetik antara kedua *clade* adalah 0,45%. Hasil analisis jejaring *haplotype* dan analisis dengan *Principal Coordinate Analysis* (PCoA) menunjukkan bahwa tidak ada *sharing haplotype* antara *G. borealis* dari Kulon Progo dengan *G. borealis* dari Hong Kong dan Taiwan. Hasil tersebut juga mendukung data pohon filogenetik yang memperlihatkan bahwa *G. borealis* dari Kulon Progo membentuk *clade* tersendiri. Penelitian ini diharapkan dapat digunakan untuk menyusun pustaka gen mitokondria 16S kepiting biola dan yang dapat digunakan sebagai landasan konservasi kepiting biola di Indonesia.

Kata Kunci: *Gelasimus borealis*, gen mitokondria 16S, keragaman genetik

GENETIC VARIATION OF FIDDLER CRAB, *Gelasimus borealis* (Crane, 1975), FROM KULON PROGO, SPECIAL REGION OF YOGYAKARTA BASED ON 16S rRNA MITOCHONDRIAL GENE

Laura Silka Karawina Rokhmat

21/477107/BI/10746

ABSTRACT

Indonesia has various regions suitable for the habitat of fiddler crab, *Gelasimus borealis* (Crane, 1975), such as intertidal zones in muddy or sandy areas, including river estuaries and mangrove forests. However, research on the abundance of this species in Indonesia is still limited. Genetic variation of *G. borealis* based on the mitochondrial 16S gene has never been conducted in Indonesia. Research on genetic variation is important for the establishment of a more comprehensive mitochondrial 16S gene library and a basis for conservation efforts. Therefore, this study aimed to determine the genetic variation of *G. borealis* from Kulon Progo, Special Region of Yogyakarta using the mitochondrial 16S gene. This study used the PCR method with universal primers 16Sar and 16Sbr through DNA isolation, amplification, electrophoresis, and sequencing. Data were then analyzed using GeneStudio, BLAST, MESQUITE, MEGA, DnaSP, BEAST, NETWORK, and GenAIEx software. Intrapopulation analysis showed no genetic variation, while interpopulation analysis combined with samples from Hong Kong and Taiwan taken from GenBank revealed genetic variation. For eight samples (three from this study and five samples from Hong Kong and Taiwan taken from GenBank) with fragment length 495 bp, five haplotypes were revealed with five polymorphic sites (two parsimony informative sites and three singleton sites). Haplotype diversity of *G. borealis* was 0.857 ± 0.108 whereas nucleotide diversity was 0.00368 ± 0.00055 . In addition, the genetic divergence varied from 0% to 0.61%. Phylogenetic analysis showed that all of the individuals of *G. borealis* sampled from Kulon Progo clade together and separated and genetically differentiated with *G. borealis* from Hong Kong and Taiwan supported by genetic distance 0.45%. Haplotype network and Principal Coordinate Analysis revealed that no sharing haplotype between *G. borealis* from Kulon Progo and *G. borealis* from Hong Kong and Taiwan. The results from this study are expected to assembly mitochondrial 16S gene library which is important to be implemented in conservation.

Key Words: *Gelasimus borealis*, 16S mitochondrial gene, genetic variation