

**KERAGAMAN GENETIK KEPITING BIOLA, *Tubuca coarctata*
(H. Milne Edwards, 1852), DARI PANTAI PASIR MENDIT, KULON PROGO,
BERDASARKAN GEN MITOKONDRIA 16S rRNA**

Safira Pramesti Wibowo

21/477612/BI/10757

INTISARI

Indonesia merupakan negara kepulauan yang mempunyai garis pantai atau pesisir yang panjang. Salah satu spesies yang dapat dijumpai pada ekosistem tersebut adalah kepiting biola (*Tubuca coarctata*). Kepiting biola spesies *Tubuca coarctata* terdapat pada wilayah pesisir dan mangrove. Kepiting biola merupakan anggota subfilum Crustacea, ordo Decapoda dalam family Ocypodidae. Kepiting biola spesies *Tubuca coarctata* biasanya ditemukan di muara sungai, hutan mangrove, dan pantai dengan area berlumpur serta berpasir. Habitat kepiting biola spesies *Tubuca coarctata* di Indonesia salah satunya terletak di Pantai Pasir Mendit, Kulon Progo, Daerah Istimewa Yogyakarta (DIY). Namun, penelitian tentang keragaman genetik kepiting biola dari Pantai Pasir Mendit menggunakan gen mitokondria 16S belum pernah dilakukan. Oleh sebab itu, penelitian ini dilakukan dengan tujuan mengetahui keragaman genetik kepiting biola spesies *Tubuca coarctata* dari Pantai Pasir Mendit, Kulon Progo, DIY. Metode PCR dengan primer universal 16Sar dan 16Sbr digunakan untuk penelitian ini. Proses penelitian terdiri dari isolasi DNA, amplifikasi DNA, elektroforesis, dan sekuensing. Hasil data yang diperoleh dianalisis menggunakan program GeneStudio, BLAST, MESQUITE, MEGA, BEAST, DnaSP, NETWORK, dan GenAIEx. Berdasarkan hasil penelitian, analisis intrapopulasi menunjukkan adanya keragaman genetik dan dari 9 sampel yang diteliti dengan panjang fragmen 503 bp terdapat 7 haplotipe dan 9 situs polimorfik yang terdiri dari 6 *parsimony informative sites*, 2 *singleton sites*, serta 1 *gap* dengan jarak genetik berkisar 0-1,41%. Nilai keragaman haplotipe adalah $0,917 \pm 0,092$ dan keragaman nukleotida adalah $0,00730 \pm 0,00105$. Analisis interpopulasi dengan populasi dari Australia dan Taiwan yang diambil dari basis data *GenBank* menunjukkan ada keragaman genetik interpopulasi, yaitu terdapat 8 haplotipe dan dari panjang fragmen 492 bp terdapat 18 situs polimorfik yang terdiri dari 5 *parsimony informative sites* dan 11 *singleton site*, serta 2 *gap*. Selanjutnya nilai keragaman haplotipe adalah $0,894 \pm 0,078$ dan keragaman nukleotida adalah $0,00894 \pm 0,00163$. Jarak genetik antar sampel berkisar antara 0-2,08%. Analisis filogenetik menunjukkan terdapat 3 *clade*. Hasil analisis jejaring haplotipe dan analisis dengan *Principal Coordinate Analysis* (PCoA) menunjukkan bahwa tidak ada *sharing* haplotipe antara *Tubuca coarctata* dari Kulon Progo dengan *Tubuca coarctata* dari Australia dan Taiwan. Hasil dari penelitian ini diharapkan dapat membantu dalam pembuatan pustaka gen mitokondria 16S dan sebagai referensi untuk konservasi dan pemanfaatan yang berkelanjutan serta penelitian lanjutan mengenai kepiting biola di Indonesia.

Kata kunci: *Tubuca coarctata*, keragaman genetik, gen mitokondria 16S rRNA

**GENETIC VARIATION OF FIDDLER CRAB, *Tubuca coarctata*
(H. Milne Edwards, 1852), FROM PASIR MENDIT BEACH, KULON PROGO
BASED ON THE MITOCHONDRIAL 16S rRNA GENE**

Safira Pramesti Wibowo

21/477612/BI/10757

ABSTRACT

Indonesia is an archipelagic country with a long coastline. One of the species found in this ecosystem is the fiddler crab (*Tubuca coarctata*). The fiddler crab (*Tubuca coarctata*) is a species of fiddler crab mainly found in coastal and mangrove areas. The fiddler crab is a member of the subphylum Crustacea, order Decapoda, and the family Ocypodidae. Fiddler crabs are usually found in river estuaries, mangrove forests, and beaches with muddy and sandy areas. Pasir Mendit Beach, Kulon Progo, Special region of Yogyakarta is one of the habitat of the fiddler crab in Indonesia. However, research on the genetic variation of the fiddler crab using the mitochondrial 16S rRNA gene from Pasir Mendit Beach has not been conducted. Therefore, this research was conducted to determine the genetic variation of the fiddler crab (*Tubuca coarctata*) from Pasir Mendit Beach, Kulon Progo, Yogyakarta. This study used PCR method with universal primers, *16Sar* and *16Sbr*. The stages of this study consisted of DNA isolation, DNA amplification, electrophoresis, and sequencing. The results of the data obtained were analysed using GeneStudio, BLAST, MESQUITE, MEGA, BEAST, DnaSP, NETWORK, and GenAIEx programs. The intrapopulation analysis showed genetic variation. From 9 samples with 503 bp, 7 haplotypes and 8 polymorphic sites were detected consisting of 6 parsimony informative sites, 2 singleton sites, and 1 gap. Genetic distance between samples ranged from 0-1.41%. The value of haplotype diversity was 0.917 ± 0.092 and nucleotide diversity was 0.00730 ± 0.00105 . In addition, the interpopulation analysis (the 16S sequence data from this research combined to 16S sequence data from Australia and Taiwan taken from the GenBank database) revealed genetic variation. The results identified 8 haplotypes and from a fragment length of 492 bp there were 16 polymorphic sites consisting of 5 parsimony informative sites, 11 singleton sites and 2 gap. Furthermore, the value of haplotype diversity is 0.894 ± 0.078 and nucleotide diversity is 0.00894 ± 0.00163 . Genetic distance between samples ranged from 0-2.08%. Phylogenetic analysis showed that there were 3 clades. The results of haplotype network analysis and analysis with Principal Coordinate Analysis (PCoA) showed that there was no haplotype sharing between *Tubuca coarctata* from Kulon Progo with *Tubuca coarctata* from Australia and Taiwan. The results of this study are expected to be used to assembly the mitochondrial 16S gene library and as a guide and reference for conservation and sustainable use and further research on fiddler crabs in Indonesia.

Keywords: *Tubuca coarctata*, genetic variation, 16S rRNA gene