

ABSTRACT

MORPHOLOGY, MORPHOMETRY, AND MOLECULAR IDENTIFICATION OF LOBSTERS (*Panulirus* spp.) IN THE SOUTHERN JAVA SEA AND BUTON ISLAND

Species identification of spiny lobsters (*Panulirus* spp.) from the waters of southern Java and Buton Island was conducted by combining morphological, morphometric and molecular data. Molecular data was based on the mitochondrial 16S rRNA gene and obtained DNA with sequence lengths ranging from 436–495 bp. Morphological identification showed results that could consistently identify five different species, namely *P. homarus*, *P. versicolor*, *P. longipes*, *P. penicillatus*, and *P. ornatus*. The results of Principal Component Analysis (PCA) analysis of lobster morphometric characters show that the posterior carapace can be used as a potential distinguishing character between species. However, the scatter plot of PCA results showed overlapping results indicating a high morphological similarity of morphometric characters among conspecifics, allowing a potential risk of misidentification. Molecular data successfully established taxon levels of all species, supported by high percent identity (>97–100%), phylogenetic trees formed, as well as clear barcoding gaps between intraspecific (0–1%) and interspecific (4–22%) genetic distances. The results of this study indicate that the use of molecular markers is important to complement traditional morphological identification. This integrated method can provide a strong foundation for accurate species identification, and the results can be utilized as a basis for effective management and conservation of *Panulirus* spp. lobsters.

Keywords: cluster, DNA barcoding, Palinuridae, phylogeny, truss morphometric

INTISARI

IDENTIFIKASI MORFOLOGI, MORFOMETRI, DAN MOLEKULER LOBSTER (*Panulirus* spp.) DI PERAIRAN SELATAN JAWA DAN PULAU BUTON

Identifikasi spesies lobster berduri (*Panulirus* spp.) dari perairan selatan Jawa dan Pulau Buton dilakukan dengan menggabungkan data morfologi, morfometri, dan molekuler. Data molekuler berdasarkan pada gen 16S rRNA mitokondria dan diperoleh DNA dengan panjang sekuen berkisar antara 436–495 bp. Identifikasi secara morfologi menunjukkan hasil yang secara konsisten dapat mengidentifikasi lima spesies yang berbeda, yaitu *P. homarus*, *P. versicolor*, *P. longipes*, *P. penicillatus*, dan *P. ornatus*. Hasil analisis *Principal Component Analysis* (PCA) karakteristik morfometri lobster menunjukkan bahwa bagian karapas *posterior* dapat digunakan sebagai karakteristik pembeda potensial antar spesies. Namun, *scatter plot* hasil PCA menunjukkan hasil tumpang tindih yang mengindikasikan adanya kesamaan morfologis yang tinggi dari karakteristik morfometri di antara spesies sejenis sehingga memungkinkan adanya potensi risiko kesalahan identifikasi. Data molekuler berhasil membentuk tingkatan takson dari semua spesies, didukung oleh *percent identity* yang tinggi (>97–100%), pohon filogenetik yang terbentuk, serta celah *barcoding* yang jelas antara jarak genetik intraspesifik (0–1%) dan interspesifik (4–22%). Hasil penelitian ini menunjukkan bahwa penggunaan penanda molekuler penting untuk melengkapi identifikasi secara morfologi tradisional. Metode yang terintegrasi ini dapat memberikan landasan yang kuat dalam mengidentifikasi spesies secara akurat sehingga hasil yang diperoleh dapat dimanfaatkan sebagai dasar dalam upaya pengelolaan dan konservasi lobster *Panulirus* spp. secara efektif.

Kata kunci: DNA *barcoding*, filogenetik, klaster, Palinuridae, *truss morfometric*