

KEANEKARAGAMAN GENETIK UDANG MERAH (*Parhippolyte uveae* Borradaile, 1990) DI TANJUNG SANJANGAN, TOLITOLI, SULAWESI TENGAH BERDASARKAN GEN MITOKONDRIA 16S rRNA DAN COI

Retno Sari
17/417040/PBI/01477

INTISARI

Udang merah (Crustacea: Decapoda) merupakan spesies endemik yang ditemukan pada kawasan wisata Tanjung Sanjangan. Udang merah tersebut memiliki potensi ekonomi untuk dikembangkan karena memiliki warna merah cerah yang unik, sehingga banyak wisatawan datang berkunjung ke Tanjung Sanjangan. Namun demikian penelitian tentang identifikasi keragaman genetik udang merah (Crustaceae: Decapoda) di Tanjung Sanjangan, Tolitoli, Sulawesi Tengah secara molekuler belum pernah dilakukan. Belum tersedianya data keanekaragaman genetik udang merah di Tanjung Sanjangan mempengaruhi pengambilan keputusan serta penerapan kebijakan pada upaya konservasi udang merah. Oleh karena itu penelitian ini bertujuan untuk menganalisis keanekaragaman genetik udang merah di Tanjung Sanjangan menggunakan gen mitokondria *16S* dan *COI*. Metode yang digunakan pada penelitian ini adalah metode PCR dengan menggunakan primer 16Sar dan Sbr untuk target gen *16S* serta primer LCO1490 dan HCO2198 untuk target gen *COI*. Hasil analisis gen mitokondria *16S* dengan *Nucleotide-BLAST* menunjukkan bahwa sampel udang merah yang ditemukan teridentifikasi sebagai *Parhippolyte uveae* dengan similaritas 99,26%-99,63%. Pada penelitian ini digunakan 10 sampel untuk keanekaragaman genetik berdasarkan gen *16S rRNA* sedangkan untuk keanekaragaman genetik berdasarkan gen *COI* menggunakan 3 sampel. Dari 10 sampel yang diteliti terdapat 2 *haplotype* dengan 1 *variable site* yang juga merupakan *parsimony informative*. Selanjutnya *haplotype diversity* dan *nucleotide diversity* berturut-turut adalah 0,556 dan 0,001 dengan jarak genetik 0-0,2%. Adapun analisis menggunakan gen *COI* dari tiga sampel yang diteliti memiliki 3 *haplotype* dengan 7 *variable sites* tanpa *parsimony site* dengan 3 diantaranya merupakan situs kodon *nonsynonymous*, yaitu pada situs kodon ke-13, 35 dan 133. Nilai *haplotype diversity* dan *nucleotide diversity* berturut-turut adalah 1,0 dan 0,01161 dengan jarak genetik berkisar 0,018-0,15%. Hasil penelitian ini merupakan yang pertama dilaporkan dan diharapkan menambah wawasan mengenai spesies udang merah (Crustaceae: Decapoda) yang berada di Tanjung Sanjangan, Tolitoli, Sulawesi Tengah sebagai sumber informasi untuk pelestarian salah satu sumber keanekaragaman hayati Indonesia yang berkelanjutan.

Kata kunci : *Parhippolyte uveae* – BLAST – PCR – keanekaragaman genetik – gen *16S* – gen *COI*

GENETIC DIVERSITY OF RED SHRIMP (*Parhippolyte uveae* Borradaile, 1990) IN TANJUNG SANJANGAN, TOLITOLI, CENTRAL SULAWESI BASED ON 16S rRNA AND COI MITOCHONDRIAL GENES

Retno Sari
17/417040/PBI/01477

ABSTRACT

Red shrimp (Crustacea: Decapoda) is an endemic species found in the tourist area of Tanjung Sanjang. The red shrimp has economic potency to be developed due to its unique color which can attract tourists to visit Tanjung Sanjangan. However, research on the identification of genetic diversity of red shrimp (Crustaceae: Decapoda) in Tanjung Sanjang, Tolitoli, Central Sulawesi has never been done molecularly. The insufficient genetic information of red shrimp in Tanjung Sanjang affects on decision rules and policies to conserve the red shrimp. Therefore, the aim of this study was to analyze the genetic diversity of red shrimp in Tanjung Sanjangan using the 16S mitochondrial and COI genes. The method used in this study is the PCR method using 16Sar and Sbr primers for 16S gene and LCO1490 and HCO2198 primers for COI gene. Analysis of 16S mitochondrial gene using nucleotide BLAST showed that the red shrimp were identified as *Parhippolyte uveae* with identity 99,26%-99,63%. In this study 10 samples were used for genetic diversity based on the 16S rRNA gene while for genetic diversity based on the COI gene using 3 samples. From the ten red shrimp samples, two haplotypes were detected with one variable site which was also considered as parsimony informative. Haplotype diversity and nucleotide diversity were 0.556 and 0.001 respectively with genetic distance ranging from 0-0.2%. Next, COI analysis revealed that the three red shrimp samples have three haplotypes with seven variable sites without parsimony site. In addition, there were three nonsynonymous codon found in the variable sites. The diversity haplotype and nucleotide diversity were 1.0 and 0.01161 respectively with genetic distances ranging from 0.018 to 0.15%. The results of this study are the first to be reported and are expected to complete genetic information which can contribute for conservation program.

Keywords: *Parhippolyte uveae*- BLAST - PCR - genetic diversity - 16S gene - COI gene