

## DNA BARCODE KERANG KEPAH (*Polymesoda* Sp.) DI BAGAN PERCUT DAN DANAU SIOMBAK SUMATERA UTARA MENGGUNAKAN GEN CYTOCHROME OXIDASE SUB UNIT 1 (CO1)

Mutiara Alya Utami<sup>1\*</sup>, Zahratul Idami<sup>2</sup>, Kartika Manalu<sup>3</sup>

Jurusan Biologi, FST, Universitas Islam Negeri Sumatera Utara, Indonesia

Corresponding author: [mutiaralyautami@gmail.com](mailto:mutiaralyautami@gmail.com)

### Abstract

**Background:** DNA Barcode is a molecular technique using short sequences of nucleotide bases that aims to identify and classify living things. This study aims to obtain nucleotide characters from DNA barcode results from kepah clams using CO1 genes in Sumatran waters, to determine the results of molecular identification of species of kepah clams (*Polymesoda* sp.) found in North Sumatra waters, and to determine the kinship relationships of kepah clam species (*Polymesoda* sp.) in North Sumatra waters. Samples were obtained in Bagan Percut and Lake Siombak, carried out from July to August 2023 at the Biomolecular Laboratory, Medan State University.

**Methods:** The method used is to use DNA barcodes with CO1 genes.

**Results:** The results of research of species of the genus *Polymesoda* sp. namely *Polymesoda erosa* and *Polymesoda expansa* obtained from processing sequencing data by analyzing nucleotide characters using the Mega 11 application, namely variations in the percentage of AT content (62.69%), GC content (37.56%) for *Polymesoda erosa* species and AT content (62.42%), GC content (38.64%) for *Polymesoda expansa* species, which means both species have primitive properties. Molecular identification of the genus *Polymesoda* sp. obtained from the results of DNA sequence samples along 369 bp so that it is suitable to be used as DNA barcodes. The genetic distance between the species studied is *Polymesoda erosa* (0.000) and *Polymesoda expansa* (0.920) which means they have a close genetic distance.

**Conclusion:** Phylogenetic tree reconstruction carried out using the Neighbour Joining method shows that between the two species *Polymesoda erosa* (Bagan Percut) and *Polymesoda expansa* (Lake Siombak) have a close kinship and come from a common ancestor.

**Kata kunci:** DNA Barcode, *Polymesoda* sp., CO1 Gene

### Abstrak

**Latar Belakang:** DNA Barcode merupakan suatu teknik molekuler dengan menggunakan urutan pendek basa nukleotida yang bertujuan untuk mengidentifikasi dan mengklasifikasi makhluk hidup. Penelitian ini bertujuan untuk mendapatkan karakter nukleotida hasil DNA barcode dari kerang kepah menggunakan gen CO1 di Perairan Sumatera, untuk mengetahui hasil identifikasi molekuler spesies-spesies dari kerang kepah (*Polymesoda* sp.) yang ditemukan di Perairan Sumatera Utara, dan untuk mengetahui hubungan kekerabatan dari spesies-spesies kerang kepah (*Polymesoda* sp.) yang ada di Perairan Sumatera Utara. Sampel diperoleh di Bagan Percut dan Danau Siombak, dilaksanakan pada bulan Juli s/d Agustus 2023 di Laboratorium Biomolekuler, Universitas Negeri Medan.

**Metode:** Metode yang digunakan ialah menggunakan barcode DNA dengan gen CO1.

**Hasil:** Hasil penelitian spesies dari genus *Polymesoda* sp. yaitu *Polymesoda erosa* dan *Polymesoda expansa* yang didapatkan dari mengolah data hasil sekuensing dengan menganalisis karakter nukleotida menggunakan aplikasi Mega 11 yakni variasi persentase AT content (62,69%), GC content (37,56%) untuk spesies *Polymesoda erosa* dan AT content (62,42%), GC content (38,64%) untuk spesies *Polymesoda expansa*, yang berarti kedua spesies memiliki sifat yang primitif. Identifikasi molekuler genus *Polymesoda* sp. didapatkan dari hasil sekuens DNA sampel sepanjang 369 bp sehingga sesuai untuk dijadikan barcode DNA. Jarak genetik antara spesies yang diteliti yaitu *Polymesoda erosa* (0,000) dan *Polymesoda expansa* (0,920) yang berarti memiliki jarak genetik yang dekat.

**Kesimpulan:** Rekonstruksi pohon filogenetik dilakukan menggunakan metode Neighbour Joining menunjukkan bahwa antara kedua spesies *Polymesoda erosa* (Bagan Percut) dan *Polymesoda expansa* (Danau Siombak) memiliki hubungan kekerabatan yang dekat serta berasal dari nenek moyang yang sama.

**Key words:** DNA Barcode, *Polymesoda* sp., Gen CO1.

## PENDAHULUAN

Sumatera Utara merupakan daerah pesisir yang kaya akan potensi hasil laut dan perikanan. Kawasan ini memiliki peluang besar untuk dikembangkan menjadi pusat ekonomi kelautan dan perikanan yang lebih maju dan berkelanjutan. Salah satu komoditas laut yang menunjukkan nilai ekonomis tinggi dan prospek masa depan yang cerah adalah moluska (Taihuttu, *et al.*, 2019). Diantara berbagai jenis moluska, kerang menjadi salah satu komoditas yang banyak diminati. Kerang hadir dalam berbagai bentuk dan ukuran cangkang, dan dapat ditemukan di berbagai tipe perairan, termasuk air tawar, estuary, dan laut. Salah satu jenis kerang yang umum ditemukan adalah kerang kepah. Kerang ini dikenal sebagai hewan budidaya laut yang memiliki kemampuan adaptasi tinggi terhadap perubahan lingkungan yang ekstrem, serta tingkat survival rate yang sangat baik (Amin, 2019). Kerang kepah merupakan hewan dasar perairan yang dilindungi oleh dua cangkang simetris. Secara umum, ciri morfologi kerang kepah yang terdapat di perairan Sumatera utara tidak mudah dibedakan antar spesies karena bentuk dan warna cangkangnya yang hampir serupa. Cangkangnya cembung seperti cawan, pipih, dan bagian pinggirnya tajam. Identifikasi morfologi dalam genus kerang kepah (*Polymesoda* sp.) sangat rentan terhadap kesalahan, terutama pada fase *juvenil* ketika mereka mengubur dirinya pada lumpur, sehingga sulit diidentifikasi. Oleh karena itu, diperlukan pendekatan identifikasi yang lebih tepat, salah satunya melalui analisis DNA *barcode*.

Simbolon & Aji (2021) menunjukkan bahwa DNA *barcode* bisa menjadi alat yang efektif untuk memantau dan mengelola biota laut. DNA *Barcode* adalah sistem identifikasi yang cepat dan akurat berdasarkan urutan basa nukleotida dari gen penanda pendek yang telah terstandarisasi, seperti gen *Cytochrome Oxidase Sub Unit 1* (CO1) (Tindi, *et al.*, 2017). Teknik ini menggunakan potongan gen tertentu yang telah terbukti efektif dalam menentukan perbedaan antara spesies (Zein & Dewi, 2013). Informasi genetik pada hewan disimpan dalam DNA inti serta DNA organel (*mitokondria* dan *kloroplas*). DNA *mitokondria* (mtDNA) memiliki keunggulan dalam studi keragaman genetik, salah satunya karena ukurannya yang relatif kecil, sehingga memungkinkan studi komprehensif (Taihuttu, *et al.*, 2019). Gen

*Cytochrome Oxidase Sub Unit 1* (CO1) merupakan gen penyandi dalam genom DNA *mitokondria* (mtDNA) yang memiliki banyak kelebihan, seperti minimnya delesi dan insersi pada sekuennya serta beberapa bagian yang bersifat dilestarikan, sehingga sangat cocok digunakan sebagai DNA *barcode* untuk mengidentifikasi spesies (Tindi, *et al.*, 2017).

Penelitian molekuler yang telah dilakukan terhadap jenis kerang kepah (*Polymesoda* sp.) sebelumnya hanya berfokus pada identifikasi genetik (Jabarsyah & Arizono, 2016) dengan memanfaatkan gen *mitokondria* melalui gel elektroforesis *SDS page*. Namun, penelitian tersebut tidak mencakup identifikasi molekuler yang menggunakan gen CO1 (*Cytochrome Oxidase Sub Unit 1*), DNA *barcode* yang dapat dibuktikan melalui urutan basa DNA serta hubungan filogenetik (kekerabatan) yang ditunjukkan melalui kontruksi pohon filogenetik. Bersumber pada latar belakang diatas penulis merasa perlu dilakukannya riset tentang “DNA *barcode* kerang kepah (*Polymesoda* sp.) di perairan Sumatera Utara menggunakan gen *Cytochrome Oxidase Sub Unit 1* (CO1)” sehingga tiap jenis spesies kerang kepah dapat diidentifikasi lebih detail dan mudah dibedakan secara genetik.

Tujuan dari penelitian ini adalah untuk memperoleh karakter nukleotida hasil DNA *barcode* dari kerang kepah menggunakan gen CO1 di Perairan Sumatera, selain itu, penelitian ini bertujuan untuk mengetahui hasil identifikasi molekuler dari berbagai spesies dari kerang kepah (*Polymesoda* sp.) yang ditemukan di Perairan Sumatera Utara, serta untuk memahami hubungan kekerabatan antar spesies kerang kepah di wilayah tersebut. Manfaat dari penelitian ini terdiri dari memberikan pengetahuan kepada pembaca tentang DNA *Barcode* Kerang Kepah (*Polymesoda* sp.) di Perairan Sumatera Utara Menggunakan Gen *Cytochrome Oxidase Sub Unit 1* (CO1), serta memberikan informasi kepada masyarakat bahwa data yang dihasilkan dapat menjadi landasan dalam mempelajari kerang kepah, khususnya terkait penentuan DNA *Barcode* dengan menggunakan Gen CO1, selain itu, peneliti juga diharapkan menjadi referensi bagi penelitian-penelitian lain yang berkaitan DNA *Barcode* Kerang Kepah (*Polymesoda* sp.) di Perairan Sumatera Utara Menggunakan Gen *Cytochrome Oxidase Sub Unit 1* (CO1).

**MATERI DAN METODE**

**Waktu dan Tempat**

Penelitian ini dilaksanakan di Laboratorium Biomolekuler, Universitas Negeri Medan. Kegiatan penelitian dilaksanakan pada bulan Juli hingga Agustus 2023.



(a)

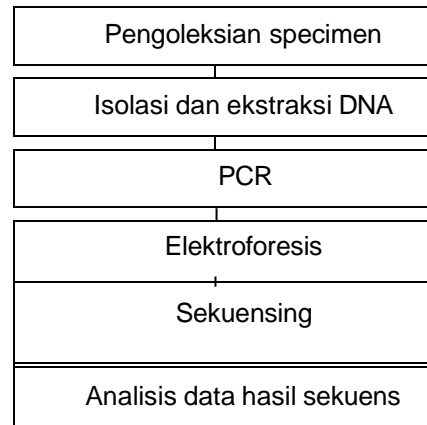


(b)

**Gambar 1.** Lokasi Pengambilan Sampel

**Tahapan Penelitian**

Penelitian ini melibatkan enam tahapan, yaitu pengumpulan spesimen atau sampel, isolasi dan ekstraksi DNA, PCR (*Polymerase Chain Reaction*), elektroforesis, sekuensing dan analisis data hasil sekuens (Gambar 1).



**Gambar 2.** Diagram alir metode penelitian.

**Koleksi Sampel**

Penelitian DNA *Barcode* pada *Polymesoda* sp. ini dilakukan dengan menggunakan sampel jaringan yang diambil dari Danau Siombak dan Bagan Percut. Bagian yang dianalisis adalah engsel kanan dan kiri dari kerang kepah yang masih segar dan dalam kondisi dewasa. Setelah diambil, sampel kerang kepah tersebut dimasukkan kedalam *ice box* dan disimpan didalam *freezer* untuk mencegah pembusukkan.

**Isolasi DNA**

Isolasi DNA dilakukan dengan mengikuti prosedur dan standar dari kit favorgen yang dapat diakses di ([www.favorgen.com](http://www.favorgen.com)). Proses dimulai dengan pengambilan sampel otot engsel kerang seberat 50 mg, yang kemudian dicampurkan dengan alkohol 70%, sampel tersebut selanjutnya digerus menggunakan mortal dan alu, sebelum dipindahkan ke dalam tabung *microcentrifuge* 1,5 ml. Setelah itu, ditambahkan 200µl FATG1 *Buffer* dan 20 µl *proteinase K*, lalu sampel divortex atau dihomogenkan dan diinkubasi selama 3 jam pada suhu 60°C, setelah inkubasi, sampel didiamkan pada suhu ruang.

Tahapan berikutnya adalah proses DNA *binding*, dimana 200µl FATG2 *Buffer* ditambahkan dan sampel diinkubasi selama 10 menit pada suhu 65°C. Kemudian, 200 µl etanol 96% dicampurkan ke dalam larutan sebelumnya dan divortex atau dihomogenkan. Setelah proses pencampuran selesai, FATG *column* ditambahkan untuk mengikat DNA dan dilakukan sentrifugasi selama 1 menit dengan kecepatan 17.700 x g. Larutan dalam *collection tube* dibuang dan FATG *column* diletakkan kembali.

Proses pencucian dilakukan dengan menambahkan 400 µl W1 Buffer kedalam FATG column, diikuti dengan sentrifugasi selama 2 menit dengan kecepatan yang sama, larutan yang dihasilkan dibuang dan 750 µl Wash Buffer ditambahkan, lalu disentrifugasi selama 2 menit, setelah itu, larutan dibuang dan elusi dilakukan dengan menambahkan 50 µl elution buffer dua kali, kemudian disentrifugasi selama 2 menit. Molekul DNA yang diperoleh disimpan dalam freezer.

### Amplifikasi PCR (*Polymerase Chain Reaction*)

Perbanyak gen CO1 menggunakan teknik PCR (*Polymerase Chain Reaction*) dengan memanfaatkan primer forward (LCO1490) dan reverse (HCO2198). Proses amplifikasi DNA ini menggunakan *Kit favorgen for animal tissue*. Total volume reaksi yang digunakan adalah 25 µl, yang terdiri dari 17 µl ddH<sub>2</sub>O, 5µl *kit favorgen*, 1 µl DNA *template* dan 1 µl volume dari masing-masing primer.

Proses amplifikasi dilakukan dengan mesin PCR (*Sensquest*) dengan pengaturan suhu sebagai berikut : *pre-denaturasi* pada suhu 94°C selama 3 menit, *denaturasi* pada suhu 94°C selama 1 menit dilakukan sebanyak 30 siklus, *annealing* pada suhu 50°C sebanyak 30 siklus, *elongasi* pada suhu 72°C selama 1 menit sebanyak 30 siklus dan satu siklus perpanjangan akhir pada suhu 72°C selama 10 menit. Produk PCR kemudian dianalisis melalui elektroforesis menggunakan *gel agarosa* 0,8 gr, *buffer TBE* dengan tegangan 100 volt selama 45 menit. Dilakukan pewarnaan DNA dengan *Etidium Bromida* dan dilihat menggunakan UV *transluminator*.

### Sekuensing

Sekuensing DNA pada *Polymesoda* sp. merupakan langkah penting untuk memperoleh informasi mengenai urutan nukleotidanya. Dalam penelitian ini, proses sekuensing dilaksanakan dengan menggunakan jasa perusahaan genetika, yaitu 1<sup>st</sup> BASE Malaysia. Produk amplifikasi DNA dari *Polymesoda* sp. digunakan sebagai sampel dalam reaksi pengurutan atau sekuensing.

### Analisis Data

Hasil sekuens gen CO1 kerang kepah dianalisis dalam bentuk kromatogram

menggunakan MEGA (*Molecular Evolutionary Genetic Analysis*) versi 11. Untuk meningkatkan akurasi, urutan basa pada bagian awal dan akhir dihilangkan sekitar 50 bp dan kesalahan dalam pembacaan nukleotida diperbaiki. Hasil sekuensing dengan primer *reverse* kemudian digabungkan dengan hasil dari primer *forward*. Untuk mengidentifikasi spesies kerang kepah, proses BLAST (*Basic Local Alignment Search Tool*) dilakukan menggunakan informasi urutan basa nukleotida melalui akses ke Bank gen NCBI di ([www.blast.ncbi.nlm.nih.gov](http://www.blast.ncbi.nlm.nih.gov)). Analisis filogenetik dilakukan dengan metode *Neighbour Joining*, sementara pengukuran jarak genetik menggunakan metode *Pairwise Distance*, yang membandingkan satu sekuen DNA dengan yang lainnya. Penjajaran (*alignment*) dilakukan menggunakan perangkat lunak *ClustalW* untuk menentukan tingkat homologi dari urutan basa DNA yang sedang dianalisis.

### HASIL DAN PEMBAHASAN

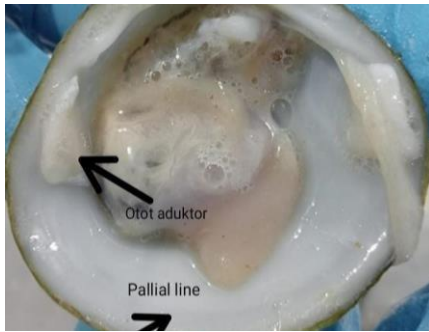
#### Analisis Variasi dan Presentase GC Content dan AT Content

Hasil analisis komposisi karakter nukleotida dari sampel yang diteliti yaitu *Polymesoda erosa* yang berasal dari Bagan Percut dan *Polymesoda expansa* dari Danau Siombak, menunjukkan perbedaan komposisi yang signifikan. *Polymesoda erosa* Bagan Percut memiliki AT Content lebih tinggi, mencapai 62,69%, dibandingkan dengan *Polymesoda expansa* Danau Siombak. Disisi lain, *Polymesoda expansa* Danau Siombak menunjukkan GC Content yang lebih tinggi, yakni 38,64% dibandingkan dengan *Polymesoda erosa* Bagan Percut. Meskipun keduanya memiliki nilai AT Content yang tinggi dan GC Content yang rendah, perbedaan nilai tersebut mencerminkan karakteristik genetik yang unik diantara kedua spesies tersebut.

#### Identifikasi Morfologi *Polymesoda* sp.



(a)



(b)

**Gambar 3.** Morfologi *Polymesoda erosa* Bagan Percut (a) tampak luar dan (b) tampak dalam.

Hasil pengamatan ciri dari sampel *Polymesoda erosa* Bagan Percut memiliki warna cangkang yang kecoklatan (coklat kehitaman), bentuk tubuh yang simetris *bilateral*, dibagian dalam cangkang terdapat *pallial line* dan otot *aduktor*. Hal ini ini dinyatakan pada penelitian Amelia (2019), bahwa *Polymesoda erosa* mempunyai cangkang yang tebal dan kuat dan memiliki warna coklat dan coklat kehitaman serta hal ini juga dibuktikan pada penelitian Deni (2020), bahwa bentuk tubuh dari *Polymesoda erosa* tergolong simetris *bilateral* dan memiliki otot *aduktor* berfungsi untuk membuka atau menutup cangkang.



**Gambar 4.** Morfologi *Polymesoda expansa* Danau Siombak.

*Polymesoda expansa* atau yang dikenal dengan nama kerang kepah lokan terdapat pada ekosistem mangrove yang berlumpur dan hidup di air yang payau (Nayli, 2018). Berdasarkan pengamatan pada sampel *Polymesoda expansa* Danau Siombak memiliki cangkang yang tengahnya cembung dan memiliki warna kuning kehijauan, hal ini telah dibuktikan pada penelitian Syahputri (2022), bahwa Struktur morfologi bentuk cangkang dari *Polymesoda*

*expansa* seperti piring, pada bagian pinggir cangkang berbentuk pipih dan cembung pada bagian tengah, serta dibuktikan pada penelitian Jabarsyah dan Arizono (2016), bahwa *Polymesoda expansa* memiliki warna kuning kehijauan saat muda dan coklat kehitaman saat kerang berumur dewasa. Berdasarkan hasil pengamatan yang dilakukan pada kedua sampel *Polymesoda erosa* Bagan Percut dan *Polymesoda erosa* Danau Siombak dengan membandingkan pada beberapa artikel tersebut, maka telah ditetapkan bahwa sampel kerang dari Bagan Percut merupakan spesies *Polymesoda erosa* dan sampel kerang dari Danau Siombak merupakan spesies *Polymesoda expansa*.

**Sekuensing DNA *Polymesoda* sp.**

Hasil sekuens sampel *Polymesoda erosa* (Bagan Percut) dan *Polymesoda expansa* (Danau Siombak) didapatkan berupa kromatogram dengan bentuk file berformat .AB1. Kromatogram DNA sampel dibaca sebagai grafik berbentuk elektroferogram, yang mewakili seluruh nukleotida yang dibaca oleh mesin. Basa nitrogen DNA (A, C, G, T) diterjemahkan untuk menganalisis urutan yang diperoleh dari puncak (*peak*).

**Tabel 1.** Urutan Nukleotida DNA genus *Polymesoda* sampel *Polymesoda erosa* dan *Polymesoda expansa* hasil sekuensing.

Sampel	Urutan Nukleotida (sekuens)
<i>Polymesoda erosa</i> (Bagan Percut)	TTGGTTCCTTAATGTTAAGTGCTCCTGATATAGCTT TTATTAATTGTTGCTATACCTGTTTTGGCTGGTGCTT
<i>Polymesoda expansa</i> (Danau Siombak)	TTGGTTCATGATGTTGAGGGCTCCTGATATAGCGT TTATTAATTATTGCTATACCAGTTTTGGCTGGGGCTT

**Hubungan Filogenetik *Polymesoda* sp. Jarak Genetik Sampel dan Out Groups (*Pairwise Distance*)**

Nilai jarak genetik (*Pairwise Distance*) pada seluruh spesies *Polymesoda* sp. yang dianalisis didapatkan nilai berkisar 0,000 sampai 1,777. Nilai *pairwise distance* pada kedua sampel *Polymesoda erosa* adalah 0,000. Pada kedua sampel *Polymesoda expansa* nilai *pairwise distance* berkisar 0,301 hingga 1,777. Hal ini menunjukkan bahwa seluruh sampel *Polymesoda erosa* dan *Polymesoda expansa* similar, tidak ada jarak genetik dan termasuk

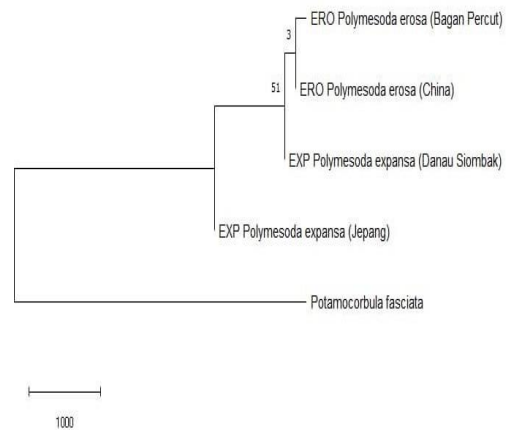
dalam populasi takson yang sama sedangkan pada sampel *Potamocorbula fasciata* (*out group*) memiliki nilai *pairwise distance* berkisar 5848,883 hingga 8716,428, hal ini menunjukkan bahwa sampel *Potamocorbula fasciata* (*out group*) tidak similar, ada jarak genetik dan tidak termasuk dalam populasi takson yang sama dengan *Polymesoda erosa* dan *Polymesoda expansa*.

**Tabel 2.** Jarak Genetik Sampel dan *Out groups* (*Pairwise Distance*).

Spesies	1	2	3	4	5
<i>ERO Polymesoda erosa</i> (Bagan Percut)					
<i>Polymesoda erosa</i> (China)	0,000				
<i>EXP Polymesoda expansa</i> (Danau Siombak)	0,920	1,777			
<i>Polymesoda expansa</i> (Jepang)	1,777	0,920	0,301		
<i>Potamocorbula fasciata</i>	7493,074	7493,074	5848,883	8716,428	

**Pohon Filogenetik**

Hasil rekonstruksi pohon filogenetik berdasarkan gen CO1 menunjukkan bahwa seluruh spesies membentuk 4 klad dengan *Potamocorbula fasciata* terpisah menjadi *out group*. Klad 1 terdiri dari *Polymesoda erosa* (Bagan Percut) dan *Polymesoda erosa* (China), klad 2 *Polymesoda expansa* (Danau Siombak), klad 3 *Polymesoda expansa* (Jepang) dan klad 4 (*out group*) *Potamocorbula fasciata*. Spesies antara *Polymesoda erosa* (Bagan Percut) dan *Polymesoda erosa* (China) berada pada satu klad sedangkan *Polymesoda expansa* (Danau Siombak) dan *Polymesoda expansa* (Jepang) berada pada klad yang berbeda tetapi memiliki jarak genetik yang tidak jauh. Sampel *Polymesoda erosa* dari Bagan Percut serta sampel *Polymesoda expansa* dari Danau Siombak masih memiliki hubungan kekerabatan dan juga tidak terlalu jauh serta masih berada pada satu nenek moyang yang sama dan tidak berada pada garis keturunan yang lain (*out group*) (Solihin, et al., 2021).



**Gambar 5.** Pohon Filogenetik Kerang Kepah *Polymesoda* sp. dengan kerabatnya Beserta *out group* Berdasarkan Gen CO1 Direkonstruksi dengan metode *Neighbour Joining* Berdasarkan Model Kimura-2-Parameter.

Spesies *Polymesoda erosa* (China) dan *Polymesoda expansa* (Jepang) yang termasuk dalam spesies pembanding, didapatkan dari *GenBank* (NCBI), begitu juga dengan spesies yang menjadi *out group*. Pada pohon filogenetik dapat dilihat bahwa spesies kerang kupang *Potamocorbula fasciata* yang menjadi *out group* memiliki jarak genetik yang jauh dengan sampel *Polymesoda erosa* dari Bagan Percut dan China serta spesies *Polymesoda expansa* dari Danau Siombak dan Jepang.

**SIMPULAN**

Senyawa Berdasarkan hasil analisis variasi dan presentase dengan menggunakan aplikasi MEGA 11, *GC content* dan *AT content* didapatkan karakter nukleotida hasil DNA *barcode* dari spesies *Polymesoda*, yakni kedua sampel *Polymesoda erosa* (Bagan Percut) dan *Polymesoda expansa* (Danau Siombak) memiliki nilai presentase *GC content* yang rendah dibandingkan dengan nilai presentase *AT content*, maka dapat dikatakan bahwa kedua sampel yakni *Polymesoda erosa* (Bagan Percut) dan *Polymesoda expansa* (Danau Siombak) memiliki sifat yang primitif. Berdasarkan hasil dari rekonstruksi pohon filogenetik, didapatkan hubungan kekerabatan dari spesies *Polymesoda*,

yakni seluruh spesies terbagi menjadi 4 klad besar dimana *Polymesoda erosa* (Bagan Percut) dan *Polymesoda expansa* (Danau Siombak) masih memiliki hubungan kekerabatan dan juga tidak terlalu jauh serta masih berada pada satu nenek moyang yang sama dan tidak berada pada garis keturunan yang lain (*out group*).

## UCAPAN TERIMA KASIH

Penulis mengucapkan terima kasih kepada pembimbing saya, Ibu Zahratul Idami, M.Sc dan Ibu Kartika Manalu, M.Pd, atas bimbingan, arahan dan masukan berharga yang diberikan selama penulisan jurnal penelitian ini sehingga dapat dipublikasi dan dapat dirilis.

## DAFTAR PUSTAKA

- Amelia, F., dan Ramses, R. 2019. Biokonsentrasi Faktor Logam Berat Pada Kerang Dari Perairan Batam, Kepulauan Riau, Indonesia. *Jurnal Kimia dan Pendidikan*, 4(2): 152-163.
- Anam, K., Cahyadi, W., dan Azmi, I. 2021. Analisis Hasil Elektroforesis DNA dengan Image Processing Menggunakan Metode Gaussian Filter. *Journal of Electronics and Instrumentation Systems*, 11(1): 37-48.
- Budiarto, B. R. 2015. Polymerase Chain Reaction (PCR): Perkembangan dan Perannya dalam Diagnostik Kesehatan. *BioTrends*, 6(2): 29-38.
- Campbell, N. A., Simon, E. J., Dickey, J. L., Hogan, K. A., and Reece, J. B. 2016. *Essential Biology, Edisi Keenam*. Terjemahan : Daming Tyas Wulandari. Erlangga. Jakarta.
- Chen, S., Yao, H., and Han, J. 2014. Validation of the ITS2 Region as a Novel DNA Barcode for Identifying Medicinal Plant Species. *PLoS One*, 5(1): 1-8.
- Deni, W., dan Nurdiansyah, S. I. 2020. Kepadatan dan Pola Distribusi *Polymesoda erosa* Di Ekosistem Mangrove Desa Peniti, Kabupaten Mempawah Kalimantan Barat. *Jurnal Laut Khatulistiwa*, 3(1): 1-9.
- Favorgen Protocol. 2023. *Tissue Genomic DNA Extraction Mini Kit.FavorPrep™*
- Hall, B. G. 2018. *Phylogenetic Tree Made Easy : A How to Manual*. Oxford University Press. Oxford.
- Harahap, M. R. 2018. Elektroforesis: Analisis Elektronika Terhadap Biokimia Genetika. *CIRCUIT : Jurnal Ilmiah Pendidikan Teknik Elektro*, 2(1): 21-26.
- Hariyadi, S., Narulita, E., dan Rais, A. 2018. Perbandingan Metode Lisis Jaringan Hewan dalam Proses Isolasi DNA Genom Pada Organ Liver Tikus Putih (*Rattus norvegicus*). *Jurnal Biology Education*, 15(1): 689-692.
- Jabarsyah, A., dan Arizono, T. 2016. Identifikasi Kerang Kapah Di Pantai Timur Pulau Tarakan. *Jurnal Omni Akuatika*, 12(2): 92-98.
- Jarulis, Muslim, C., Kamilah, S. N., Utama, A. F., Permana, D., Sari, M. M., Prayitno, A. H., dan Jannah, I. M. 2021. DNA barcode of Enggano hill myna, *Gracula religiosa enganensis* (Aves: Sturnidae) based on mitochondrial DNA cytochrome oxidase subunit I. *Biodiversitas*, 22(3): 1635-1643.
- Kadarsah, A., dan Susilawati, I. O. 2019. Karakter Morfometri Kerang Kepah *Polymesoda erosa* dari Dua Jenis Vegetasi Mangrove (*Avicennia marina* dan *Rhizophora apiculata*). *Jurnal Lingkungan Lahan Basah*, 4(1): 168-173.
- Kombong, C. B. S., dan Arisuryanti, T. 2018. Komposisi Nukleotida Sekuen Gen Mitokondria 16S dan CO1 Ikan Gabus (*Channa Striata Bloch*) Dari Danau Sentani, Jaya Pura, Papua. *Jurnal Perikanan Universitas Gadjah Mada*, 20(2): 57-62.
- Kumar, S., Stecher, G., Li, M., Knyaz, C. dan Tamura, K.. 2018. MEGA X: Molecular Evolutionary Genetics Analysis across Computing Platforms. *Molecular Biology and Evolution*, 35(6): 1547-1549.
- Liu, Z., Zeng, X., Yang, D., Chu, G., Yuan, Z., and Chen, S. 2013.

- Applying DNA Barcodes for Identification of Plant Species in the Family Araliaceae. *Gene*, 499: 76-80.
- Melinda, M., Sari, S. P., dan Rosalina, D. 2015. Kebiasaan Makan Kerang Kepah (*Polymesoda erosa*) di Kawasan Mangrove Pantai Pasir Padi. *Jurnal OSEATEK*, 9(1): 35-44.
- Nayli, Z. 2018. *Keanekaragaman Bilvalvia Pada Kawasan Ekosistem Mangrove Kecamatan Kuta Raja Kota Banda Aceh*. Banda Aceh.
- Puspitaningrum, R., dan Chris, A. 2018. *Genetika Molekuler dan Aplikasinya*. Adobelllustrator Cs4. Jakarta.
- Rahayu, D. A., dan Miftahul, J. 2019. *DNA Barcode Hewan dan Tumbuhan Indonesia*. Yayasan Inspirasi Ide Berdaya. Jakarta.
- Raw, C. H., Yudistira, A., dan Simbala, H. E. I. 2018. Isolasi, Identifikasi Secara Molekuler Menggunakan Gen 16s rRNA, dan Uji Aktivitas Antibakteri Bakteri Simbion Endofit yang Diisolasi dari Alga *Halimeda opuntia*. *PHARMACON : Jurnal Ilmiah Farmasi*, 7(2): 53-61.
- Ristiana, R., Rustam, A., Zein, M. S. A., dan Zulkarnain. 2021. DNA Barcoding Pada Familia Bovidae Berdasarkan Gen CO1 (Cytochrome Oxydase Subunit 1). *FILOGENI: Jurnal Mahasiswa Biologi*, 1(2): 63-68.
- Rohimah, S., Mukarramah, L., dan Sindiya, V. 2018. Eksplorasi Jenis dan Potensi DNA Barcode Anggrek *Thrixspermum* Secara In Silico. *Jurnal Biodjati*, 3 (2): 148-156.
- Sagala, L. R. 2021. *Penentuan Barcode DNA Berdasarkan Lokus Gen rbcL Pada Zingiber loerzingii Valetton*. Sumatera Utara.
- Saleky, D., dan Merly Sendy. 2021. Pendekatan DNA Barcoding untuk Identifikasi *Cassidula angulifera* (Petit, 1841) (Moluska: Gastropoda). *Jurnal Sumberdaya Akuatik Indopasifik*, 5(1): 55-64.
- Sasmito, D., E., K., Kurniawan, R., dan Muhimmah., I. 2014. Karakteristik Primer pada Polymerase Chain Reaction (PCR) untuk Sekuensing DNA: Mini Review. *Jurnal Informatika Medis*, 6(5): 93-102.
- Simbolon, A. R., dan Aji, L. P. 2021. Identifikasi Molekulardan Struktur Filogenetik Moluska (Gastropoda dan Bivalvia) Di Perairan Biak, Papua. *Jurnal Bawal*, 13(1): 11-21.
- Syahputri, N. K. 2022. Kepadatan dan Pola Persebaran Kerang Totok (*Geloina expansa*) Di Ekosistem Mangrove Kecamatan Malangke Barat, Kabupaten Luwu Utara. Makassar.
- Syamsul, M., dan Zein, A. 2016. Teknik Molekuler untuk Identifikasi Spesies Ordo Cetartiodactyla Menggunakan DNA Barcode Molecular Techniques for Species Identification of Cetartiodactyla Order Using DNA Barcode.
- Taihuttu, M. P. J., Corebima, A. D., dan Ghofur, A. 2019. Analisis Filogenetik Kerang Abalon (*Haliotis* sp.) Di Perairan Maluku Berdasarkan Sekuen Gen COI. *Jurnal Ilmu Hayat*, 3(2): 72-79.
- Tasma, I. M. 2015. Pemanfaatan Teknologi Sekuensing Genom untuk Mempercepat Program Pemuliaan Tanaman. *Jurnal Litbang Pertanian*, 34(4): 159-168.
- Tindi, M., Mamangkey, N. G. F., dan Stenly, W. 2017. DNA Barcode dan Analisis Filogenetik Molekuler Beberapa Jenis Bivalvia Asal Perairan Sulawesi Utara Berdasarkan Gen CO1. *Jurnal Pesisir dan Laut Tropis*, 1(2): 32-38.
- Triandiza, T., dan Hawis, M. 2018. Aplikasi Analisa Morfologi dan DNA Barcoding Pada Penentuan Jenis Kepiting Porcelain (*Pisidia* sp.) yang Berasal dari Pulau Tunda, Banten. *Jurnal Sumberdaya Akuatik Indopasifik*, 2(2): 81-90.
- Wang, D-Y., Wang, Q., Wang, Y-L., Xiang, X-G., Huang, L-Q., dan Jin, X-H. 2017. Evaluation of DNA Barcodes in Codonopsis (Campanulaceae) and in some Large Angiosperm Plant Genera. *PLoS ONE*, 12(2):1-14.



- Wirdateti., Wulandari, S. W., dan Kuswandi, P. C. 2015. Penanda Genetik Tarsius (*Tarsius* spp.) dengan Menggunakan Gen CytochromeOxidase I (COI) DNA Mitokondria (mtDNA) Melalui Metode Sekuensing. *Jurnal Biologi Indonesia*, 11(2): 275-284.
- Wulandari, R., Nasution, S., dan Tanjung, A. 2022. Habitat dan Distribusi Kerang Kepah (*Polymesoda erosa*) Di Kawasan Mangrove Muara Sungai Tiram Kabupaten Padang Parlaman Sumatera Barat. *Jurnal Ilmu Perairan*, 10(1): 1-8.
- Xiong, J. 2016. *Essential Bioinformatics*. Cambridge University Press. New York.
- Yusuf, Z. K. 2018. Polymerase Chain Reaction (PCR). *Jurnal Saintek*, 5(6): 1-6.
- Zein, M. S. A., dan Dewi, M. P. 2013. *DNA Barcode Fauna Indonesia*. Kencana. Jakarta.