

# Keragaman Genetik dan Filogenetik Kepiting Biola (*Uca Spp.*) di Pesisir Pantai Jailolo, Kabupaten Halmahera Barat

Abdurrachman Baksir, Nebuchadnezzar Akbar\*, Firdaut Ismail

Program Studi Ilmu Kelautan, Fakultas Perikanan Dan Kelautan, Universitas Khairun  
Jl. Pertamina Kampus II Unkhair Gambesi Kota Ternate Selatan Indonesia  
Email: nezzarnebuchad@yahoo.co.id

## Abstract

### Genetic and Phylogenetic Diversity of Violin Crab (*Uca Spp.*) in Jailolo Coastal Coast, West Halmahera Regency

The types of crabs that inhabit coastal and mangrove areas are violin crabs (*Uca spp.*). The research genetic aspects is important to be able to explain the current status of crabs. The research location in the villages of Payo (geothermal water area) and Tuada (tourist sites). Sampling was done purposively, namely the mangrove area that received the flow of geothermal water sources (Payo Village = 4 samples) and the mangrove area that did not get any influence (Tuada Village = 2 samples). Amplification of Biola crab DNA (*Uca Spp.*) using primer jgLCO1490 and jgHCO2198 Sequences were analyzed with MEGA5 (Molecular Evolutionary Genetic Analysis) software, genetic distance, DnaSP 4.0 diversity of haplotype (*Hd*) and nucleotide diversity ( $\pi$ ), and Network 4.6 haplotype distribution. Environmental parameters collected include (temperature, pH land, pH water, salinity and substrate). The results environmental parameters show that differences values at two locations. Identification species crab found family Ocypodidae, genus *Uca* with species of *perplexa*, *annulipes*, *crassipes* and *lactea*. The results of genetic matching were found, similar to the results of morphological identification. Genetic diversity was found highly with nucleotides and haplotype variations. Phylogenetic reconstruction of *Uca Spp* crabs shows the kinship that occurs between species, although there is a gap (gap) between different species of location. Genetic distance and Fixation Index (*Fst*) analysis which also shows genetic proximity between species and strong genetic flow between species, despite different locations.

**Keyword :** Fixation index analysis, genetic diversity, genetic distance

## Abstrak

Jenis kepiting yang mendiami wilayah pesisir dan mangrove adalah kepiting biola (*Uca spp.*). Penelitian tentang aspek genetik begitu penting untuk dapat menjelaskan status kepiting saat ini. Lokasi penelitian di desa Payo (Daerah sumber air panas bumi) dan Tuada (Lokasi wisata). Sampling dilakukan secara purposive yaitu area mangrove yang mendapatkan aliran sumber air panas bumi (Desa Payo = 4 sampel) dan tidak mendapatkan pengaruh (Desa Tuada = 2 sampel). Amplifikasi DNA kepiting Biola (*Uca spp*) menggunakan primer jgLCO1490 dan jgHCO2198 Sekuen dianalisis dengan software MEGA5 (Molecular Evolutionary Genetic Analysis), jarak genetik, DnaSP 4.0 keanekaragaman haplotipe (*Hd*) dan keanekaragaman nukleotida ( $\pi$ ) dan Network 4.6 distribusi haplotipe. Parameter lingkungan diukur meliputi (suhu, pH air, pH tanah, salinitas dan substrat). Hasil pengukuran parameter lingkungan memperlihatkan perbedaan nilai kedua lokasi. Identifikasi jenis kepiting ditemukan famili Ocypodidae, genus *Uca* dengan spesies *perplexa*, *annulipes*, *crassipes* dan *lactea*. Keragaman genetik sangat tinggi dengan jumlah nukleotida dan haplotipe yang bervariasi. Rekonstruksi filogenetik memperlihatkan kekerabatan terjadi antar spesies, meskipun terdapat adanya jarak (*Gap*) antar spesies yang berbeda lokasi. Analisis jarak genetik dan analisis *Fixation Index (Fst)* yang juga memperlihatkan adanya kedekatan genetik dan aliran genetik yang kuat antar spesies, meskipun berbeda lokasi.

**Kata kunci :** Analisis *fixation index*, *Uca*, keragaman genetik, jarak genetik

## PENDAHULUAN

Ekosistem mangrove tersebar luas di wilayah pesisir Jailolo. Tahir *et al.* (2017) menyebutkan bahwa berdasarkan hasil analisis data Citra Alos Avnir-2 ditemukan mangrove yang terdapat di Teluk Jailolo adalah 393.77 ha, sebagian besar menyebar disekitar garis pantai bagian Timur Teluk Jailolo, dengan kategori tingkat kerapatan sangat jarang hingga lebat. Akbar *et al.* (2015) mengatakan keberadaan hutan mangrove sangat penting untuk menjaga keberlangsungan hidup sumberdaya ikan dan juga keberadaan biota disekitar mangrove. Kehadiran ekosistem ini menyediakan ruang dan habitat untuk berbagai organisme. Keberadaan ekosistem mangrove

memberikan peluang hidup kepiting biola untuk dijadikan sebagai tempat tinggal. Distribusi mangrove dan kepiting biola (*Uca Spp.*) juga berada pada wilayah yang tidak mendapatkan pengaruh sumber air panas bumi. Hal ini dikarenakan tidak semua jenis kepiting biola mampu hidup dan bertahan di berbagai wilayah belahan dunia. Jenis-jenis krustasea sebagai fauna bentik sangat umum ditemukan di wilayah ini dimana jenis dan sebarannya sangat bervariasi (Muniarti, 2010).

Penelitian untuk melihat kondisi kepiting biola (*Uca spp.*) berdasarkan informasi genetik telah dilakukan Laurenzano *et al.* (2016) tentang pola kontras keanekaragaman genetik clinal dan potensi kolonisasi pada dua spesies kepiting di Atlantik Barat serta Nehemia dan Kochzius (2017) tentang penurunan keragaman genetik dan perubahan aliran gen dalam kepiting biola akibat degradasi hutan mangrove di Tanzania. Namun informasi genetik kepiting biola (*uca spp*) di Indonesia belum di tersedia. Penelitian tingkat molekuler yang mengkaji aspek genetik begitu penting untuk dapat menjelaskan status populasi saat ini (Akbar *et al.*, 2018). Pengetahuan tentang struktur populasi genetik penting untuk kepentingan pengelolaan yang efektif, stok sumberdaya dan menentukan kebijakan konservasi (Nishida *et al.*, 1998; Chiang *et al.*, 2006; 2008; Carpenter *et al.*, 2011; Akbar *et al.*, 2014b; Aguila *et al.*, 2015; Jefri *et al.*, 2016 ; Kusuma *et al.*, 2016; Saleky *et al.*, 2016; Akbar *et al.*, 2018). Perkembangan ilmu pengetahuan dan teknologi telah menambah konsep penelitian ekologi, biologi menjadi biologi molekuler. Molekuler memberikan informasi tambahan tentang DNA. Informasi genetik pada kepiting biola (*Uca spp.*) pada daerah yang terpengaruh sumber air panas bumi dan tidak mendapatkan pengaruh, belum dilakukan, sehingga diperlukan pendekatan. Penelitian ini bertujuan untuk melihat keragaman genetik dan filogenetik Kepiting Biola (*Uca Spp.*) di Pesisir Pantai Jailolo Kabupaten Halmahera Barat.

## MATERI DAN METODE

Bahan yang digunakan adalah Kepiting Biola (*Uca Spp.*) yang ditangkap didaerah pantai (Desa Payo = 4 sampel) dan (Desa Tua = 2 sampel). Bahan lain yang digunakan adalah etanol 90%, agorosa, kertas sampel, es batu, kiagen, enzim dan ETBR dari Biodiversity Indonesia (Bionesia), Bali. Peralatan digunakan meliputi mikro tube, heating block (Fisher Scientific, Grant, USA), *centrifuge* (Fisher Scientific, Grant, USA), vortex mixer (Fisher Scientific, Grant, USA), vortex ginie (Fisher Scientific, Grant, USA), PCR mesin (2720, Applied Biosystem), mesin ultraviolet (Thermo scientific, EC 300 XL, USA), oven (700 W, Sanyo) timbangan, mikro pipet, cool box, pH meter, pH tanah, hand refraktometer, bunsen, dan *refrigerator*

Penelitian dilaksanakan di desa Payo (Daerah sumber air panas bumi) dan Tuada (Lokasi wisata) Jailolo, Kabupaten Halmahera Barat. Provinsi Maluku Utara. Kegiatan penelitian dilakukan pada wilayah pesisir yang terdapat potensi air panas bumi (*Geothermal*) dan Wisata.

Pengambilan di daerah aliran sumber air panas bumi (Desa Payo = 4 sampel) dan area mangrove normal (Desa Tua = 2 sampel). Parameter lingkungan perairan meliputi suhu, salinitas, pH (air dan tanah). Jenis substrat diperoleh berdasarkan pengamatan di lapangan melalui pengayakan, diraba dan dilihat. Koleksi sampel kepiting biola (*Uca Spp*) menggunakan tangan (*Hand collections*) dengan menggali lubang (*digging*) menggunakan skop kecil sedalam  $\pm 30$  cm (Hasan, 2015). Spesies yang diperoleh difoto dan dimasukkan ke tube berisi etanol 70-99 % (Hasan, 2015; Nehemia dan Kochzius, 2017 ; Akbar *et al.*, 2018 ). Penambahan data sekuens DNA mitokondrial kepiting Biola (*Uca Spp.*) dari wilayah lain untuk dijadikan sebagai pembanding (sekunder). Data sekuens di unduh dari *GenBank* dengan *accession number* keperluan pembanding (sekunder).

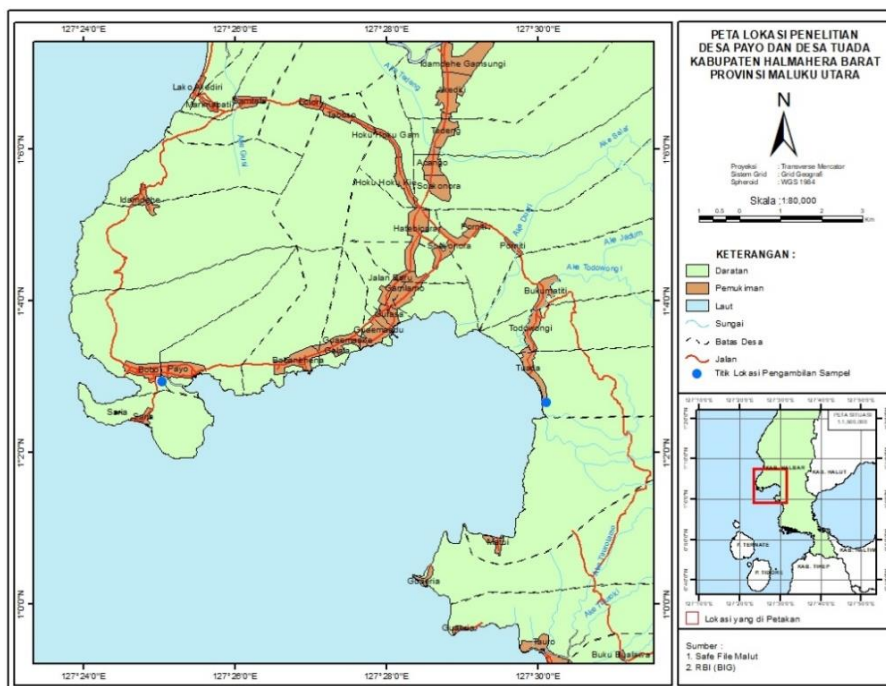
Ekstraksi sampel dilakukan dengan menggunakan *DNeasy Blood & Tissue Kit*. Jaringan sampel diambil sebanyak  $\pm 25$  mg dengan menggunakan pinset dan dimasukkan ke dalam tube 1,5ml. Amplifikasi atau perbanyak DNA dilakukan dengan metode PCR (*polymerase hain reaction*). Sampel hasil ekstraksi diamplifikasi pada lokus COI (sitokrom oksidase I) dengan metode Gold

(Bioline). Parameter yang digunakan dalam metode ini adalah sebagai berikut : pre-denaturasi pada suhu 94°C selama 3 menit, denaturasi pada suhu 94°C selama 30 detik, *annealing* pada suhu 50°C selama 30 detik, dan *extension* pada suhu 72°C selama 1 menit, dan final extension pada suhu 72°C selama 2 menit, dan proses PCR ini (denaturasi, aneling dan extension) diulang sebanyak 38 siklus (Barber *et al.*, 2006). Amplifikasi digunakan dua primer, yaitu primer depan (*forward*) jgLCO1490 dengan urutan nukleotida sebagai berikut TITCIACIAAYCAYAARGAYATTGG dan primer belakang (*reverse*) jgHCO2198 dengan urutan nukleotida sebagai berikut TAIACYTCIGGRTGICCRAARAAYCA (Geller *et al.*, 2013). Hasil PCR yang telah berhasil dilakukan analisis sekuensing dengan metode Sanger *et al.* (1977) untuk mendapatkan urutan pasang basah sekuen.

Sekuen control region mtDNA dianalisis menggunakan empat aplikasi yaitu MEGA5 dan X (*Molecular Evolutionary Genetic Analysis*) (Tamura *et al.*, 2011; Kumar *et al.*, 2018) untuk penjeran sekuen DNA, DnaSP 4.0 (Rozas *et al.*, 2003) digunakan untuk mengetahui keanekaragaman haplotype (*Hd*) (Nei, 1987), keanekaragaman nukleotida ( $\pi$ ) dan Network 4.6 digunakan untuk rekonstruksi sebaran haplotipe yang ditemukan.

**HASIL DAN PEMBAHASAN**

Kehidupan biota laut sangat dipengaruhi kondisi lingkungan disekitar habitat, sehingga parameter lingkungan menjadi faktor pembatasan utama kehidupan biota laut. Rahayu *et al.* (2018) mengatakan bahwa faktor fisika kimia lingkungan merupakan parameter lingkungan yang mempengaruhi kehidupan kepiting biola (*Uca spp.*). Hasil pengukuran memperlihatkan bahwa terdapat perbedaan nilai yang ditemukan terhadap parameter lingkungan fisika-kimia pada kedua lokasi (Tabel 1). Perbedaan ini diakibatkan pada lokasi desa Payo memiliki ciri lingkungan yang lebih ekstrim, kepiting uca spp hidup di daerah yang dipengaruhi sumber aliran air panas bumi (*Geothermal water*). Aliran air panas bumi adalah air tawar yang masuk ke daerah mangrove dengan sumber dari mata air alami yang keluar dari lubang dalam tanah. Kondisi ini mempengaruhi suhu lingkungan hidup kepiting uca spp, dimana ditemukan suhu air 51°C, suhu tanah 54°C, salinitas 0 ‰, pH air 6.1 dan pH tanah 7 (Tabel 1).



**Gambar 1.** Peta Lokasi Penelitian (Titik Biru = Lokasi Penelitian)

**Tabel 1.** Parameter Lingkungan di Lokasi Penelitian

Parameter Lingkungan					Substrat	Lokasi
Suhu Air (°C)	Suhu Tanah (°C)	Salinitas (‰)	pH Air	pH Tanah		
51	54	0	6.1	7	Tanah Liat	Desa Payo
29	20	27	7	6.7	Pasir Berlumpur	Desa Tuada

Suhu tanah yang diukur pada liang bioturbasi kepiting *uca spp* memiliki suhu yang lebih tinggi dibandingkan dengan suhu air panas yang mengalir diatas permukaan. Kondisi ini dimungkinkan akibat kondisi liang yang sempit dengan sirkulasi udara yang sedikit, sehingga suhu air yang masuk menjadi bertambah dan meningkatkan suhu tanah. Suhu lingkungan yang ditemukan ini lebih panas jika dibandingkan yang dilaporkan Natania *et al.* (2017) yang menemukan suhu lingkungan kepiting *uca spp* yakni 25-30 °C di ekosistem mangrove desa Kahyapu Pulau Enggano. Nilai salinitas yang diperoleh juga berbeda yang ditemukan pada lokasi lain. Rahayu *et al.* (2018) di kawasan mangrove Kabupaten Purworejo Jawa Tengah dengan kisaran nilai 3-9 ‰. Hal ini menunjukkan bahwa salinitas yang rendah masih dapat mendukung kehidupan dikarenakan dapat mentolerir kadar salinita yang tidak normal. Rahayu *et al.* (2018) menyatakan kisaran tersebut masih dalam kisaran oligohalin (0,5-5 ppt) sampai mesohalin (5-18 ppt) dan masih dapat mendukung kehidupan krustasea. Nilai pH tanah dan air yang diperoleh berdasarkan hasil pengukuran, menunjukkan bahwa kepiting *uca spp* hidup pada kondisi pH yang normal. Hasil penelitian yang sama juga dilaporkan Supraygogi *et al.* (2014) dimana ditemukan pH tanah 6.1 sedangkan Krisnawati *et al* (2018) menemukan pH air dengan nilai 7.25-7.49. Rahayu *et al.* (2018) mengatakan bahwa derajat keasaman (pH) di perairan 6-7 masih dalam batasan normal untuk kehidupan biota air laut termasuk kepiting biola.

Hasil pengukuran parameter lingkungan di desa Tuada menemukan bahwa keseluruhan parameter lingkungan masih dalam kondisi normal (Tabel 1). Hasil pengkuran diperoleh nilai suhu air 29°C, suhu tanah 20 °C, salinitas 27 ‰, pH air 7 dan pH tanah 6.7 (Tabel 1). Kondisi normal yang ditemukan ini dikarenakan lokasi ini tidak ditemukan sumber air panas yang mengalir ke arah mangrove dan laut. Habitat kepiting *uca spp* pada lokasi ini sangat dipengaruhi perairan air laut melalui intrusi, pasang surut dan gelombang yang menjulur ke arah daratan. Suhu air laut yang diperoleh, mirip dengan Rahayu *et al.* (2018) dengan kisaran 26-28°C. Hal ini menunjukkan suhu yang terdapat pada semua lokasi tersebut masih berada dalam batas toleransi organisme akuatik (Pertiwi *et al.*, 2015). Nilai salinitas berdasarkan hasil pengukuran menunjukkan bahwa kondisi perairan masih normal dan mendukung keberadaan biota. Budiman *et al.* (2014) mengatakan bahwa kadar salinitas yang normal 32-34 ‰. Hasil penelitian ini mirip dengan yang ditemukan Rahayu *et al.* (2018) dengan kadar salinitas 26-30‰. Natania *et al.* (2017) menyatakan bahwa salinitas merupakan parameter lingkungan yang mempengaruhi proses biologi dan secara langsung mempengaruhi kehidupan organisme termasuk kepiting biola (*Uca spp.*). Hasil pengukuran pH air dengan nilai 7 , hal ini menunjukan bahwa kondisi perairan sekitar masih sesuai untuk pertumbuhan kepiting *uca spp*. Laporan Rahayu *et al.* (2018) menemukan nilai pH yang mirip yakni dengan kisaran 6-8 dan Hidayat (2011) memperoleh nilai pH dengan nilai 7.2. Natania *et al.* (2017) mengatakan bahwa derajat keasaman (pH) mempengaruhi tingkat kesuburan perairan karena mempengaruhi kehidupan jasad renik. Nilai pH ditemukan lebih rendah dengan pH perairan yaitu 6.7, namun masih menggambarkan bahwa liang bioturbasi kepiting *uca* bersifat basa.

Perbedaan hasil yang ditemukan diakibatkan kondisi lingkungan pada lokasi penelitian berbeda, dimana pada lokasi lain tidak ditemukan pengaruh lingkungan air panas bumi (*Geothermal water*). Kondisi suhu air dan liang bioturbasi yang tinggi di desa Payo dapat mempengaruhi pertumbuhan dan bentuk morfologi kepiting *uca spp* yang relatif lebih kecil, namun tidak mengakibatkan kematian ataupun reproduksi. Keadaan berbeda di temukan di desa Tuada, dimana perairan dan kondisi parameter lingkungan yang normal, dikarenakan daerah ini

tidak dipengaruhi proses geothermal water. Keadaan anomali pada kedua daerah tseperti ini dapat mempengaruhi aspek genetik dari individu. Perbedaan genetik yang ditimbulkan mengakibatkan bisa menimbulkan disppersi genetik antar populasi. Sukmawati *et al.* (2016) mengatakan bahwa suhu lingkungan telah lama diketahui sebagai salah satu faktor abiotik yang berperan besar dalam kehidupan

Determinasi kepiting *Uca Spp* secara genetik melalui *Basic Local Alignment Search Tool (BLAST)* ditemukan spesies 4 spesies di desa Payo dan 2 spesies pada desa Tuada (Tabel 5). Keseluruhan sampel genetik memperlihatkan tingkat kemiripan diantara 97-100 % (Tabel 2). Hasil pencocokan genetik yang ditemukan, mirip dengan hasil identifikasi secara morfologi. Hal ini menunjukkan determinasi genetik dapat mengklarifikasi hasil penemuan secara morfologi dengan tingkat keakuratan yang sama. Shih *et al.* (2016) menemukan bahwa identifikasi morfologi kepiting *Uca Spp* ditemukan terdapat kesamaan antara spesies didalam populasi. Sejauh ini pengkajian untuk melihat struktur populasi dilakukan dengan metode konvensional melalui pendekatan morfologi dan meristik (Akbar *et al.*, 2014). Shih *et al.* (2009) mengatakan bahwa untuk menjawab permasalahan taksonomi, maka tidak hanya digunakan pengukuran tradisional secara morfologi tetapi juga diperkuat melalui analisis DNA. Pertiwi *et al.* (2015) mengatakan bahwa sulitnya identifikasi spesies secara morfologi, oleh karena itu diperlukan adanya identifikasi secara molekular untuk mendukung identifikasi spesies.

Amplifikasi dan penjejaran (*alignment*) DNA yang dilakukan pada 6 sampel kepiting *Uca Spp* di daerah lokus *cytochrome oxidase I (COI)* ditemukan 596 panjang basa (*base pairs*) (Tabel 2). Panjang fragmen DNA kepiting *Uca Spp* yang diperoleh mirip yang ditemukan Shih *et al.* (2009) di barat laut Samudera Hindia yaitu 540 bp, Aoki dan Wada (2013) yaitu 504 bp di daerah barat pasifik, Laurenzano *et al.* (2016) yaitu 825 bp di Barat Atlantik, Nehemia dan Kochzius (2017) yakni 674 bp di pesisir Tanzania dan Shih *et al.* (2015) di laut Arabian yakni 548 bp (Tabel 2). Panjang basa (bp) yang berbeda ditemukan Amaral *et al.* (2015) yakni 710 bp di daerah pusat Atlantik tengah. Perbedaan panjang fragment yang ditemukan karena perbedaan kualitas sampel DNA dan jumlah sampel yang dikumpulkan, namun tidak menunjukkan adanya pengaruh terhadap hasil analisis sekuens (Akbar *et al.*, 2014; Jefri *et al.*, 2015). Faktor perbedaan panjang fragmen DNA yang ditemukan juga diakibatkan penggunaan primer yang berbeda, hal ini dikarenakan penggunaan primer dan penempatan daerah yang akan di amplifikasi disesuaikan dengan tujuan penelitian.

Proses pembuktian secara genetik diperlukan untuk mengklarifikasikan tahapan klasifikasi ataupun identifikasi secara morfologi. Hal ini dikarenakan perbedaan genetik dapat menjawab perbedaan dan kesamaan secara morfologi. Perbedaan habitat dapat menimbulkan perbedaan fenotip setiap individu. Kemiripan hasil identifikasi secara genetik, menjelaskan bahwa proses identifikasi morfologi telah dilakukan dengan benar. Meskipun dalam proses identifikasi genetik perlu suatu pendekatan secara fenotip. Hal ini dikarenakan kemiripan secara morfologi antar spesies kepiting *uca* cukup tinggi. Shih *et al.* (2009) mengatakan bahwa kemiripan morfologi dari kepiting *uca Spp* dikarenakan keaslian deskripsi dari variasi salah satu dari mereka atau kondisi alami yang terjadi sejak subspecies terdahulu.

**Tabel 2.** Hasil Identifikasi Spesies Menggunakan BLAST

Kode	Identifikasi		Desa	Base pairs (bp)
	Genetik	Per. Ident (%)		
1	<i>Uca Annulipes</i>	98	Payo	596
2	<i>Uca crassipes</i>	98		
3	<i>Uca Lactea</i>	97		
4	<i>Uca perplexa</i>	100		
5	<i>Uca Annulipes</i>	98	Tuada	
6	<i>Uca perplexa</i>	98		

**Tabel 3.** Sampel, Jumlah Sampel, Base Pair. Lokasi dan Sumber

Sampel	Jumlah sampel	Base pairs (bp)	Lokasi	Sumber
	6	596	Jailolo, Kabupaten Halmahera Barat	Hasil Penelitian, 2019
	20	113	Samudera Hindia	Shih <i>et al.</i> , 2009
<i>Kepiting</i>	113	504	Barat Pasifik	Aoki dan Wada, 2013
<i>Uca Spp</i>	138	674	Pesisir Tanzania	Nehemia dan Kochzius, 2017
	24	548	Laut Arabian	Shih <i>et al.</i> , 2015
	80	825	Barat Atlantik	Laurenzano <i>et al.</i> , 2016

Identifikasi spesies secara genetik juga menjelaskan bahwa tidak terdapat penyimpangan secara genetik, hal ini membuktikan bahwa proses amplifikasi DNA dilakukan dengan benar dan sekuen DNA tidak terkontaminasi dengan genetik organisme lain. Penggunaan *cytochrome oxidase I* (COI) dikarenakan daerah ini merupakan salah satu lokus mitokondria yang juga disebut DNA Barcoding. Hasil amplifikasi menunjukkan bahwa penggunaan COI dapat digunakan untuk keperluan identifikasi kepiting *Uca Spp*. Pertiwi *et al.* (2015) menjelaskan bahwa sulitnya amplifikasi lokus COI pada beberapa organisme, menyebabkan digunakannya lokus lain baik pada DNA inti maupun DNA mitokondria untuk identifikasi spesies secara genetik. Penelitian terdahulu dengan menggunakan COI dalam identifikasi kepiting *Uca Spp* telah dilakukan Shih *et al.* (2009) dalam mengungkapkan fakta genetik pada dua spesies kepiting *Uca* yakni *Uca iranica* dan *Uca albinama* di barat laut samudera India, Shih *et al.* (2015) untuk melihat populasi genetik kepiting *Uca sindensis* dari laut Arabian dan Nehemia dan Konhzius (2017) dalam melihat degradasi genetik kepiting pada daerah mangrove yang terdegradasi di Tanzania.

Keragaman genetik ditemukan sangat tinggi dengan jumlah nukleotida yang bervariasi (Tabel 4 dan 5). Keragaman haplotipe (*Hd*) pada sampel tiap lokasi memperlihatkan bahwa Payo memiliki nilai keragaman genetik 0,833 dengan keragaman nukleotida 0,109 dan Tuada dengan keragaman genetik 1,00 dan nukleotida 0,735 (Tabel 6). Keseluruhan keragaman genetik pada kedua lokasi ditemukan dengan nilai 0,867 dan nukleotida yakni 0,094 (Tabel 6). Nilai keragaman genetik kepiting *Uca Spp* pada lokasi Tuada lebih tinggi dibandingkan pada daerah Payo. Rendahnya genetik kepiting *uca Spp* pada lokasi Payo diduga diakibatkan pengaruh aliran sumber air panas bumi yang masuk ke habitat. Aliran ini dapat mengakibatkan perubahan genetik. Nehemia dan Kochzius (2017) mengatakan bahwa kondisi lingkungan dapat mengakibatkan aliran dan keragaman genetik suatu populasi berkurang. Kondisi habitat yang berbeda diantara kedua lokasi, memberikan pengaruh terhadap keragaman genetik. Meskipun demikian keseluruhan nilai keragaman genetik kepiting *uca Spp* sangat tinggi. Shih *et al.* (2015) kepiting biola terlihat bersosialisasi pada lingkungan bersuhu tinggi, karena memiliki kemampuan beradaptasi pada variasi suhu dan salinitas yang lebar. Keragaman yang tinggi didukung dengan jumlah haplotipe yang bervariasi, dimana jumlah haplotipe ditemukan 4 yang terdistribusi 2 haplotipe spesifik dan 4 haplotipe bercampur pada setiap sampel (Tabel 5 dan Gambar 2).

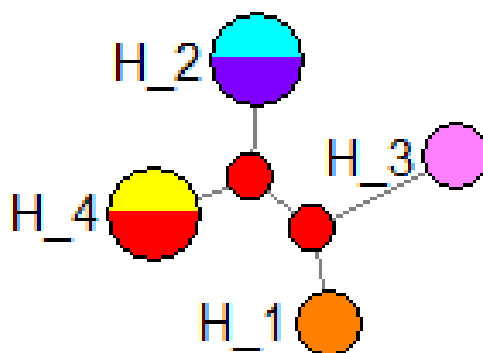
Berdasarkan kriteria keragaman genetik (Nei,1987), maka hasil penelitian yang ditemukan memberikan gambaran bahwa kepiting *Uca Spp* masih dalam kondisi baik. Tingginya keragaman genetik yang ditemukan memberikan gambaran bahwa kepiting *uca Spp* masih dapat bertahan hidup pada kondisi lingkungan apapun. Penyesuaian kepiting *Uca spp* dengan kondisi lingkungan telah dilakukan dengan waktu yang lama, sehingga proses evolusi secara genetik dan morfologi telah terbentuk. Akbar dan Labenua (2018) mengatakan bahwa tingginya nilai keragaman genetik menyimpulkan bahwa populasi masih dalam kondisi baik, tingginya peluang bertahan hidup dan mampu beradaptasi terhadap gangguan kualitas lingkungan. Faulks *et al.* (2011) mengatakan kekayaan genetik alel dan keragaman genetik adalah indikator proses adaptasi yang panjang dan daya tahan spesies terhadap habitat. Abbas *et al.* (2016) menemukan kepiting sangat bergantung pada habitat sekitar termasuk relung tempat tinggal yang sempit.

**Tabel 4.** Keragaman Genetik Kepiting Uca spp.

Lokasi	<i>n</i>	<i>H<sub>n</sub></i>	<i>H<sub>d</sub></i>	$\pi$	Base Pairs
Payo	4	3	0,833	0,109	
Tuada	2	2	1,00	0,735	596
Keseluruhan	6	4	0,867	0,094	

**Tabel 5.** Distribusi Haplotipe Kepiting Uca spp

No	Haplotipe ( <i>H<sub>d</sub></i> )
1	Hap_1: 1 [Uca Annulipes(Payo)]
2	Hap_2: 2 [Uca crassipes (Payo) ; Uca perplexa (Tuada)]
3	Hap_3: 1 [Uca lactea (Payo)]
4	Hap_4: 2 [Uca Lactea (Bobo) ; Uca perplexa (Payo)]



**Gambar 2.** Distribusi Haplotipe Kepiting Uca Spp (H<sub>1</sub> = Uca Annulipes(Payo), H<sub>2</sub> = Uca crassipes (Payo) ; Uca perplexa (Tuada), H<sub>3</sub> = Uca lactea (Payo) dan H<sub>4</sub> = Uca Lactea (Bobo) ; Uca perplexa (Payo)

Nilai keragaman genetik kepiting Uca Spp yang tinggi juga dilaporkan Shih *et al.* (2015) yang memperoleh nilai dengan dengan primer 16S ( $h = 0,380$ ), COI ( $h = 0,63$  dan primer CR ( $h = 0,996$ ) di darah laut Arabian, Aoki dan Wada (2013) yang menemukan keragaman genetik populasi ( $h = 0,871$ ) di Okinawa-jima dan populasi Vietnamese ( $h = 1,000$ ) dan Laurenzano *et al.* (2016) keragaman genetik kepiting di daerah Barat Atlantik dengan nilai ( $h=0,1-945$ ) (Tabel 6). Isolasi genetik akibat perbedaan geografis memberikan perbedaan terhadap variasi dan aliran genetik antara populasi. Hampton *et al.* (2014) mengatakan bahwa isolasi akibat batasan geografis meningkatkan divergensi genetik dan morfologi antara populasi. Tingginya keragaman genetik dimungkinkan akibat tingginya pola migrasi populasi kepiting. Sifat migrasi kepiting mengakibatkan terjadinya pertemuan antar populasi, sehingga menciptakan perkawinan. Perkawinan antar populasi yang berbeda wilayah memunculkan variasi genetik yang tinggi. Akbar *et al.* (2014); Akbar dan Labenua (2018d) mengatakan distribusi secara global dan kemampuan migrasi tinggi memberikan peluang pencampuran dan aliran genetik signifikan antar populasi, sehingga memberikan peningkatan terhadap polimorfisme di dalam dan antar populasi. Wolfrath (1993) mengatakan bahwa kepiting jenis Uca Spp memiliki tingkat migrasi yang luas dengan perkiraan jauh > 500 meter. Pergerakan migrasi kepiting Uca tangeri diketahui melakukan migrasi besar saat bulan Agustus-Oktober di pesisir pantai Eropa (Wolfrath, 1993). Simith *et al.* (2012) mengatakan bahwa kepiting melakukan ontogenetik migrasi sejak masuk dalam fase anak hingga dewasa untuk kegiatan mencari makan, habitat baru hingga kawin. Proses ontogenetik migrasi diketahui dilakukan kepiting Uca vocator pada daerah Estuaria bersalinitas tinggi hingga netral untuk memelihara dan mendewasakan larva (Simith *et al.*, 2012).

Rekonstruksi filogenetik kepiting *Uca* Spp memperlihatkan kekerabatan yang terjadi antar spesies, meskipun terdapat adanya jarak (Gap) antar spesies yang berbeda lokasi (Gambar 3). Pohon filogenetik yang ditemukan mendukung hasil identifikasi morfologi kepiting *Uca* Spp. Identifikasi spesies kepiting *Uca* secara morfologi, ditemukan terdapat perbedaan bentuk secara morfologi. Hal ini memperlihatkan bahwa terdapat beberapa spesies yang ditangkap di dua lokasi yang berbeda. Analisis filogenetik menggunakan metode *Neighbor-joining (Kimura 2-parameter model)* ditemukan tidak terdapat tiga clade yakni pertama adalah clade yang berisi kepiting *Uca* dari dua lokasi (Payo dan Tuada) dengan jenis kepiting *Uca annulipes* (Tuada), *perplexa* (Tuada), *annulipes* (Payo), kedua berisikan satu jenis kepiting *Uca* yaitu *Uca crassipes* (Payo) dan Ketiga terdapat dua jenis kepiting yakni *Uca lactea* dan *perplexa* (Payo) (Gambar 3). Pohon filogeni yang dibuat ditemukan nilai *bootstraps* yang cukup tinggi pada setiap percabangan. Tingginya nilai menjelaskan bahwa pohon kekerabatan yang dibangun memiliki tingkat keakuratan cukup baik. Nilai *bootstraps* yang ditemukan berkisar antara 54-100%. Hasil rekonstruksi filogeni menyimpulkan bahwa kepiting *Uca* Spp merupakan populasi panmiksi, sehingga ditemukan perbedaan genetik yang rendah antar spesies. Aris dan Akbar (2018) melaporkan bahwa pohon filogenetik dapat menjelaskan status genetik suatu populasi.

**Tabel 6.** Perbandingan Keanekaragaman Genetik dengan Lokasi Lain

Lokasi	<i>n</i>	<i>H<sub>n</sub></i>	<i>H<sub>d</sub></i>	$\Pi$	Base Pairs (bp)	Sumber
Jailolo					596	Hasil Penelitian, 2019
Payo	4	3	0,833	0,109		
Tuada	2	2	1,00	0,735		
Keseluruhan	10	10	0,867	0,094		
Laut Arabian					548	Shih <i>et al.</i> , 2015
Inside dan Outside	24	6	0,380 (16S Primer)	0,076		
Teluk	24	5	0,630 (COI Primer)	0,130		
	24	23	0,996 (CR Primer)	1,352		
Barat Pasifik					504	Aoki dan Wada, 2013
Okinawa-Jima	29	14	0,871	0,0034		
Vietnamese	11	11	1,00	0,0603		
Barat Atlantik					825	Laurenzano <i>et al.</i> , 2016
Jamaica	20	2	0,1	-		
Dominican Republik	7	3	0,524	-		
Suriname	5	2	0,4	-		
Cuba	14	1	<0,001	-		
Venezuela	10	2	0,2	-		
Brazil (Para State)	11	9	0,945	-		
Brazil (Sao Paulo)	13	8	0,885	-		

**Tabel 7.** Jarak Genetik Antar Lokasi Kepiting *Uca* Spp

Jarak Genetik	Lokasi	Tuada	Tuada
Dalam Populasi	Payo	0,128	-
	Tuada	-	0,025
Antar Populasi	Payo	-	-
	Tuada	0,021	-

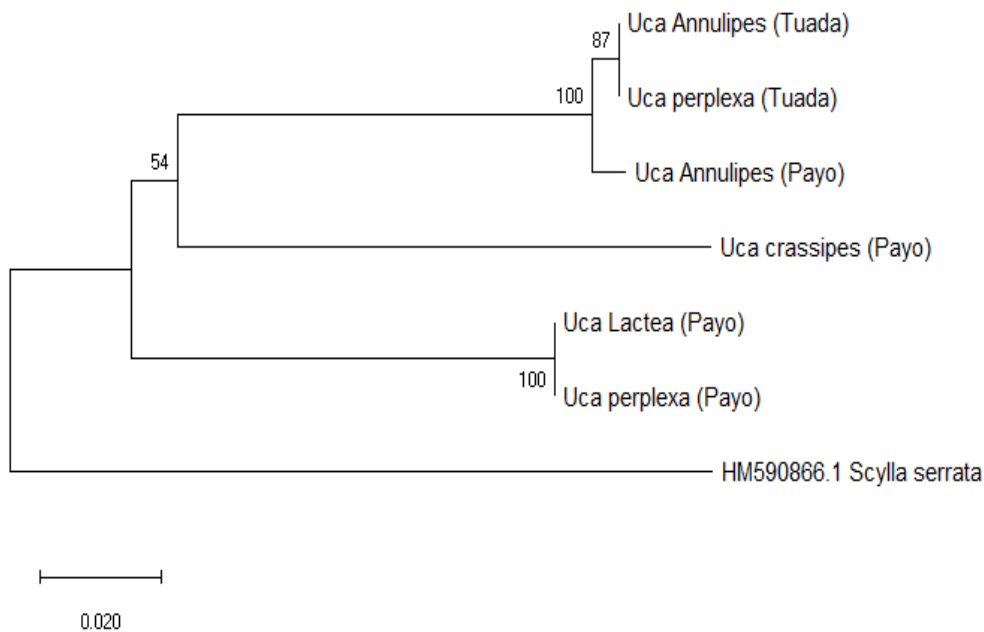


**Tabel 8.** Analisis Fst Kepiting Uca Spp

Lokasi	Payo	Tuada
Payo	-	-
Tuada	0.893	-

**Tabel 9.** Jarak Genetik Antara Spesies Kepiting Uca

Lokasi	Spesies	<i>Uca Annulipes</i>	<i>Uca crassipes</i>	<i>Uca Lactea</i>	<i>Uca perplexa</i>	<i>Uca Annulipes</i>	<i>Uca perplexa</i>	HM590866.1	<i>Scylla serrata</i>
Desa Payo	<i>Uca Annulipes</i>	-	-	-	-	-	-	-	-
	<i>Uca crassipes</i>	0,153	-	-	-	-	-	-	-
	<i>Uca Lactea</i>	0,144	0,163	-	-	-	-	-	-
	<i>Uca perplexa</i>	0,144	0,163	0,121	-	-	-	-	-
Desa Tuada	<i>Uca Annulipes</i>	0,010	0,153	0,140	0,140	-	-	-	-
	<i>Uca perplexa</i>	0,010	0,153	0,013	0,140	0,111	-	-	-
Out Group	HM590866.1 <i>Scylla serrata</i>	0,204	0,210	0,192	0,192	0,204	0,191	-	-



**Gambar 3.** Rekonstruksi Filogenetik Kepiting Uca Spp

Pembentukan *clade* diduga akibat perbedaan genetik antar spesies yang diakibatkan letak geografis yang berjauhan. Faktor geologi, kimia dan fisika lingkungan mengakibatkan adanya divergensi genetik diantara lokasi. Proses isolasi yang panjang dan dalam kondisi yang rumit mengakibatkan adanya jarak genetik antar spesies. Habitat kepiting Uca Spp di daerah Tuada merupakan daerah pesisir dengan kondisi normal dan alami, sedangkan kepiting Uca Spp yang ditemukan di daerah Payo, memiliki kondisi lingkungan yang dipengaruhi aliran air panas bumi yang mengalir ke arah laut. Aliran panas bumi berasal dari bawah tanah dan kemudian muncul dan membentuk badan serta aliran air. Kondisi habitat yang kompleks mengakibatkan terjadinya diferensiasi genetik kecil pada spesies Uca Spp. Meskipun terdapat jenis uca *annulipes* yang ditemukan pada daerah payo, masuk ke dalam *clade* pertama yang didominasi spesies Uca sp

dari daerah Tuada. Proses isolasi yang panjang mengakibatkan terjadinya pergeseran genetik pada kepiting *Uca Crassipess*, sehingga membentuk clade ke dua. Secara keseluruhan rekonstruksi filogenetik menunjukkan bahwa antar spesies memiliki kedekatan genetik meskipun berbeda lokasi. Akbar *et al.* (2018a) mengatakan bahwa hal ini mengindikasikan bahwa populasi adalah satu keturunan, sehingga mengakibatkan kedua populasi ini menjadi mirip secara genetik.

Pohon filogenetik yang ditemukan mirip dengan penelitian Shih *et al.* (2009) di barat daya samudera Hindia, dimana rekonstruksi filogeni memperlihatkan terdapat clade berisi spesies *Uca* yang sama dari berbagai lokasi, Hampton *et al.* (2014) memperoleh pohon filogeni dengan subdivisi setiap spesies di lokasi Pesisir pantai Brazil dan Shih *et al.* (2015) di laut Arabian yang memperlihatkan bahwa terdapat subdivisi pada setiap spesies *Uca Spp.* Filogenetik jenis kepiting lain telah dilakukan Schubart dan Koller (2005) pada kepiting air tawar (*Brachyura* : Sesarmide) di Jamaika yang menemukan bahwa terjadi pencampuran spesies pada clade yang terbentuk dari sampel dengan lokasi berbeda dan Amaral *et al.* (2016) pada spesies kepiting pasir biru (*Cardisoma guanhumi*) di Atlantik tengah bagian barat, dimana hasil penelitian diperoleh subdivisi antar spesies bercampur pada clade. Hampton *et al.* (2014) mengatakan perbedaan diantara clade disebabkan jarak intraokular dan bentuk karapas setiap individu kepiting *Uca Spp.* Kim *et al.* (2013) mengatakan informasi morfologi dan ekologi mendukung pembuktian pohon filogeni dan dijadikan sebagai langkah preventif dalam kesalahan analisis DNA.

Rekonstruksi pohon filogenetik didukung hasil analisis jarak genetik dan analisis *Fixation Index (Fst)* yang juga memperlihatkan adanya kedekatan genetik antar spesies (Tabel 7,8 dan 9). Kedekatan genetik kepiting *Uca Spp* juga diperlihatkan kedua lokasi sampling, meskipun secara geografis berjauhan (Tabel 7). Kedekatan genetik memperlihatkan bahwa kedua populasi kepiting *Uca Spp* memiliki kemiripan genetik. Aliran genetik dapat terjadi, diakibatkan fenomena geologi masa lampau. Kondisi lingkungan yang berbeda diantara kedua lokasi (Payo dan Tuada) tidak memperlihatkan adanya pembatasan, meskipun terdapat jenis kepiting *Uca perplexa* yang berasal dari Tuada, memiliki perbedaan divergensi genetik. Keseluruhan analisis genetik menunjukkan bahwa terjadi kedekatan genetik antar spesies meskipun berbeda lokasi. Analisis *Fixation Index (Fst)* menunjukkan bahwa terdapat aliran genetik yang kuat antar spesies, meskipun berbeda lokasi (Tabel 8). Akbar dan Aris (2018) mengatakan bahwa genetik yang terhubung antar lain menunjukkan bahwa semua populasi berkerabat dekat. Kedekatan hubungan kekerabatan antar populasi mungkin disebabkan karena antar populasi mempunyai asal usul induk yang sama dan hubungan kedekatan genetik (Kusuma *et al.* 2016; Akbar dan Aris, 2018). Kusuma *et al.* (2016) mengatakan bahwa topografi memiliki peran penting terhadap tinggi dan rendah jarak genetik. Saleky *et al.* (2016) mengatakan bahwa aliran genetik dan isolasi geografis disebabkan jarak geografis dan kompleksitas lingkungan.

Penelitian terdahulu yang dilakukan Lu *et al.* (1997) menemukan tiga populasi kepiting *Uca Spp* di Barat Taiwan memiliki kedekatan genetik yang kuat dengan populasi dari Yilan. Shih *et al.* (2015) memperlihatkan bahwa terjadi aliran genetik lemah antar populasi diakibat adanya penghalang (*Barrier*) diantara wilayah. Perbedaan dan kesamaan genetik juga dilaporkan Yuhara *et al.* (2014) pada populasi kepiting lokal *Clistocoeloma sinense* di Jepang. Tinggi rendah kedekatan dan aliran genetik disebabkan faktor genetik masa lalu, geologi yang terjadi masa lampau dan perubahan lingkungan habitat. Keseluruhan faktor tersebut mengakibatkan proses evolusi yang panjang pada setiap organisme. Muniarti (2010) menemukan pola dominansi capit merupakan faktor genetik namun dalam beberapa kasus dapat dipengaruhi oleh faktor lingkungan seperti predasi dan persaingan dalam populasi.

## KESIMPULAN

Identifikasi spesies kepiting *Uca Spp* secara genetik dapat digunakan untuk mengklarifikasi proses identifikasi morfologi. Keragaman genetik tinggi pada kepiting *Uca Spp* di kedua lokasi sampling, sehingga menunjukkan bahwa populasi dalam kondisi baik. Analisis jarak genetik dan

fixation index (*F<sub>st</sub>*) ditemukan tinggi antar spesies, dengan demikian dapat dikatakan bahwa secara genetik sangat dekat.

## UCAPAN TERIMA KASIH

Penulis mengucapkan terima kasih kepada program pascasarjana Universitas Khairun, Ternate yang telah memberikan dukungan melalui hibah dana penelitian tahun 2019, pemerintah daerah terkhususnya kepala Desa Payo yang telah memberikan ijin melaksanakan penelitian, serta laboratorium Biodiversity Indonesia (Bionesia).

## DAFTAR PUSTAKA

- Abbas, E.M., Abdelsalam, K.M., Geba, K.M., Ahmed, H.O., & Kato, M. (2016). Genetic and morphological identification of some crabs from the Gulf of Suez, Northern Red Sea, Egypt. *Egyptian Journal of Aquatic Research*, 42, 319–329. doi: 10.1016/j.ejar.2016.08.003
- Aguila, R.D., Perez, S.K.L., Catacutan, B.J.N., Lopez, G.V., Barut, N.C. & Santos, M.D. (2015). Distinct Yellowfin Tuna (*Thunnus albacares*) Stocks Detected in Western and Central Pacific Ocean (WCPO) Using DNA Microsatellites. *Journal Plos One*, 10(9), 1-14p. doi: 10.1371/journal.pone.0138292
- Akbar, N., Zamani, N.P., & Madduppa, H.H. (2014). Genetic diversity of yellowfin tuna (*Thunnus albacares*) from two populations in the Moluccas Sea, Indonesia. *Depik Jurnal*, 3(1), 65-73. doi: 10.13170/depik.3.1.1304
- Akbar, N., Aris, N., Irfan, M., Tahir, I., Baksir, A., Surahman, Madduppa, H.H., & Kotta, R. (2018a). Filogenetik ikan tuna (*Thunnus spp.*) di Perairan Maluku Utara, Indonesia. *Jurnal Iktiologi Indonesia*, 18(1), 1-11. doi: 10.32491/jii.v18i1.370
- Akbar, N. & Aris, M. 2018. Genetic population structure of yellowfin tuna (*Thunnus albacares*) as based data of fish conservation in north Mallucas sea. *Jurnal Omni-Akuatika*, 14(3), 75–85. doi: 10.20884/1.oa.2018.14.3.457
- Akbar, N., & Labenua, R. 2018d. Keragaman genetik ikan cakalang (*Katsuwonus pelamis*) di Perairan Laut Maluku Utara. *Depik*, 7(2), 164-176. doi: 10.13170/depik.7.2.11156
- Amaral, M.R.X., Albrecht, M., McKinley, A.S., Carvalho, A.M.F.D., Junior, S.C.D.S., & Diniz, F.M. 2015. Mitochondrial DNA Variation Reveals a Sharp Genetic Break within the Distribution of the Blue Land Crab *Cardisoma guanhumi* in the Western Central Atlantic. *Molecules*, 20, 15158-15174. doi: 10.3390/molecules200815158.
- Aoki, M., & Wada, K. 2013. Genetic structure of the wideranging fiddler crab *Uca crassipes* in the west Pacific region. *Journal of the Marine Biological Association of the United Kingdom*, 33(1), 1-7. doi: 10.1017/S0025315412001178
- Aris, M., Akbar, N., & Labenua, R. 2017. Genetic and Phylogenetic Variations of Yellowfin Tuna (*Thunnus albacares*) As A Basis For Sustainable Fishery Resources Management In North Moluccas. *International Journal Pharma Bio Science*, 8(4), 419-426. doi: 10.22376/ijpbbs.2017.8.4.b419-426
- Barber, P.H., Erdmann, M.V., & Palumbi, S.R. 2006. Comparative Phylogeography of Three Codistributed Stomatopods: Origins and Timing of Regional Lineage Diversification in the Coral Triangle. *Evolution*, 60(9), 1825-1839. doi: 10.1111/j.0014-3820.2006.tb00526.x
- Carpenter, K.E., Barber, P.H., Crandall, E.D., Ablan-Lagman, M.C.A., Ambariyanto, Mahardika, G.N. 2011. Comparative Phylogeography of the Coral Triangle and Implications For Marine Management. *Journal Marine Biology*.14p.
- Chiang, H.C., Hsu, C.C., Lin, H.D., Ma, G.C., Chiang, T.Y., & Yang, H.Y. 2006. Population structure of bigeye tuna (*Thunnus obesus*) in the South China Sea, Philippine Sea and Western Pacific Ocean inferred from mitochondrial DNA. *Fisheries Reserch*, 79, 219-225. doi: 10.1016/j.fishres.2005.11.026
- Faulks, L.K., Gilligan, D.M., & Beheregaray, L.B. 2011. The role of anthropogenic vs. natural in-stream structures in determining connectivity and genetic diversity in an endangered freshwater fish,

- Macquarie perch (*Macquaria australasica*). *Evolutionary Applications*, 4, 589-601. doi: 10.1111/j.1752-4571.2011.00183.x
- Hampton, K.R., Hopkins, M.J., McNamara, J.C., & Thurman, C.L. 2014. Intraspecific variation in carapace morphology among fiddler crabs (Genus *Uca*) from the Atlantic coast of Brazil). *Aquatic Biology*, 20, 53-67. doi: 10.1111/j.1752-4571.2011.00183.x
- Jefri, E., Zamani, N.P., Subhan, B., & Madduppa, H.H. 2015. Molecular phylogeny inferred from mitochondrial DNA of the Grouper *Epinephelus* spp. in Indonesia collected from local fish market. *Biodiversitas*, 16 (2), 254-263. doi: 10.13057/biodiv/d160221
- Kim, S.J., Lee, K., & Ju, S.J. 2013. Nuclear mitochondrial pseudogenes in *Austino-graea alayseae* hydrothermal vent crabs (Crustacea: Bythograeidae): Effects on DNA barcoding. *Molecular Ecology Resources*, 12(19), 0998-1755. doi: 10.1111/1755-0998.12119
- Krisnawati, Y., Arthana, I.W., & Dewi, A.P.W.K. 2018. Variasi Morfologi dan Kelimpahan Kepiting *Uca* spp. di Kawasan Mangrove, Tuban-Bali. *Journal of Marine and Aquatic Sciences*, 4(2), 236-243. doi: 10.24843/jmas.2018.v4.i02.236-243
- Kumar, S., Stecher, G., Li, M., Knyaz, C., & Tamura, K. 2018. MEGA X: Molecular Evolutionary Genetics Analysis across Computing Platforms. *Molecular Biology Evolution*, 35(6), 1547-1549. doi: 10.1093/molbev/msy096.
- Kusuma, A.B., Bengen, D.G., Madduppa, H.H., Subhan, B. & Arafat, D. 2016b. Keanekaragaman Genetik Karang Lunak *Sarcophyton trocheliophorum* Pada Populasi Laut Jawa. Nusa Tenggara dan Sulawesi. *Jurnal Enggano*, 1(1), 89-96. doi: 10.31186/jenggano.1.1.89-96
- Laurenzano, C., Costa, T.M., & Schubart, C.D. 2016. Contrasting Patterns of Clinal Genetic Diversity and Potential Colonization Pathways in Two Species of Western Atlantic Fiddler Crabs. *PLoS ONE* 11(11), 1-20. doi: 10.1371/journal.pone.0166518
- Lu, Y.P., Wu, Y.Y., Shih, J.T., & Huang, S. 1997 The genetic structure of *Uca borealis* Crane of Taiwan. *Biological Bulletin of National Taiwan Normal University*, 32, 25-32. doi: 10.11646/zootaxa.4083.1.3
- Muniarti, D.C. 2010. Komposisi Jenis Kepiting (*Decapoda: Brachyura*) Dalam Ekosistem Mangrove Dan Estuari, Taman Nasional Bali Barat. *Berita Biologi*, 10(2), 259-264. doi: 10.14203/beritabiologi.v10i2.1980
- Natania, T., Herliany, N.E., Kusuma, A.B. 2017. Struktur Komunitas Kepiting Biola (*uca* spp.) Di Ekosistem Mangrove Desa Kahyapu Pulau Enggano. *Jurnal Enggano*, 2(1), 11-24. doi: 10.31186/jenggano.2.1.11-24
- Nehemia, A., & Kochzius, M. 2017. Reduced Genetic Diversity And Alteration Of Gene Flow In A Fiddler Crab Due To Mangrove Degradation. *PLoS One*, 12(8), 1-20. doi: 10.1371/journal.pone.0182987
- Nei, M. 1987. *Molecular Evolutionary Genetics*. New York. Columbia University. Press. New York. doi: 10.7312/nei-92038
- Pertiwi, N.P.D., Mahardika, I.G., & Watiniasih, N.L. 2015. Optimasi Amplifikasi DNA Menggunakan Metode PCR (*Polymerase Chain Reaction*) Pada Ikan Karang Anggota Famili *Pseudochromidae* (DOTTYBACK) Untuk Identifikasi Spesies Secara Molekular. *Jurnal Biologi*, 19(2), 1-5. doi: 10.13140/RG.2.2.27883.34083
- Rahayu, S.M., Wiryanto, Sunarto . 2018. Keanekaragaman Kepiting Biola di Kawasan Mangrove Kabupaten Purworejo, Jawa Tengah. *Bioeksperimen*, 4 (1) ; 53-63. doi: 10.20527/es.v13i1.3517
- Redjeki, S., Arif, M., Hartati, R., & Pinandita, L.K. 2017. Kepadatan Dan Persebaran Kepiting (*Brachyura*) Di Ekosistem Hutan Mangrove Segara Anakan Cilacap. *Jurnal Kelautan Tropis*, 20(2), 131-139. doi: 10.14710/jkt.v20i2.1739
- Rozas, J., Sanchez-Del Barrio, J.C., Messeguer, & Rozas, X.R. 2003. DnaSP, DNA polymorphism analyses by the coalescent and other methods. *Bioinformatics*, 19, 2496-2497. doi: 10.1093/bioinformatics/btg359
- Saleky, D., Setyobudiandi, I., Toha, H.A., Takdir, M., Madduppa, H.H. 2016. Length-Weight Relationship And Population Genetic of Two Marine Gastropods Species (*Turbinidae: Turbo sparverius* and *Turbo bruneus*) In The Bird Seascape Papua, Indonesia. *Biodiversitas*, 17(1), 208-217. doi: 10.13057/biodiv/d170130

- Sanger, F., Nicklen, S., & Coulson, A.R. 1977. DNA sequencing with chain-terminating inhibitors. *National Academical Science, United Stated of America*, 74(12), 5463-5467. doi: 10.1073/pnas.74.12.5463
- Schubart, C., & Koller, P. 2011. Genetic diversity of freshwater crabs (Brachyura: Sesarmidae) from central Jamaica with description of a new species. *Journal of Natural History*, 39(6), 469–481. doi: 10.1080/00222930410001671291
- Shih, H.T., Kamrani, E., Davie, P.J.F., & Liu, M.Y. 2009. Genetic evidence for the recognition of two fiddler crabs, *Uca iranica* and *U. albimana* (Crustacea: Brachyura: Ocypodidae), from the northwestern Indian Ocean, with notes on the *U. lactea* species complex. *Hydrobiologia*, 635, 373–382. doi: 10.1007/s10750-009-9930-6
- Shih, H.T., Saher, N.U., Kamrani, E., Ng, P.K., Lai, Y.C., & Liu, M.Y. 2015. Population genetics of the fiddler crab *Uca sindensis* (Alcock, 1900) (Crustacea: Brachyura: Ocypodidae) from the Arabian Sea. *Zoological Studies*, 54(1), 1-20. doi: 10.1007/s10750-009-9930-6
- Shih, H.T., Lee, J.G., Ho, P.H., Liu, H.C., Wang, C.H., Suzuki, H., & Teng, S.Z. 2016. Species diversity of fiddler crabs, genus *Uca* Leach 1814 (Crustacea: Ocypodidae), from Taiwan and adjacent islands with notes on the Japanese species. *Zootaxa*, 4083(1), 057-082. doi: 10.11646/zootaxa.4083.1.3
- Simith, D.D.J.D.B., Souza, A.D.S., Maciel, C.R., Abrunhosa, F.A., & Diele, K. 2012. InXuence of salinity on the larval development of the Wddler crab *Uca vocator* (Ocypodidae) as an indicator of ontogenetic migration towards offshore waters. *Helgoland Marine Research*, 66, 77–85. doi: 10.1007/s10152-011-0249-0
- Tahir, I., Paembonan, R.E., Harahap, Z.A., Akbar, N., & Wibowo, E.S. 2017. Sebaran Kondisi Ekosistem Hutan Mangrove Di Kawasan Teluk Jailolo Kabupaten Halmahera Barat Provinsi Maluku Utara. *Jurnal Enggano*, 2(2), 15-27. doi: 10.31186/jenggano.2.2.143-155
- Wolfrath, B. 1993. Observations on the behaviour of the European fiddler crab *Uca tangeri*. *Marine Ecology Progress Series*, 100, 111-118. doi: 10.3354/meps100111
- Yuhara, T., Kawane, M., & Furota, T. 2014. Genetic Population Structure of Local Populations of the Endangered Saltmarsh Sesarmid Crab *Clistocoeloma sinense* in Japan. *PLoS One*, 9(1), e84720. doi: 10.1371/journal.pone.0084720