

Pola Pertumbuhan dan Identifikasi Genetik *Turbo setosus* Gmelin, 1791 [Turbinidae, Gastropoda]

Dandi Saleky¹, Febriyani Eka Supriyatin², Muhammad Dailami^{2*}

¹Jurusan Manajemen Sumberdaya Perairan, Universitas Musamus
Jl. Kamizaun Mopah Lama, Merauke, 99600, Indonesia

²Program Studi Budidaya Perairan, Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan, Universitas Brawijaya
Jl. Veteran, Kota Malang, 65149, Indonesia
Email: muhdailami@ub.ac.id

Abstract

Growth Pattern and Genetic Identification of *Turbo setosus* Gmelin, 1791 [Turbinidae, Gastropod]

Morphological dan genetic identification is an essential part of biology and ecological study. Environmental degradation, physical and chemical facto in water, and utilization of gastropod by society will give impact in distribution pattern, population size, morphology and genetic characteristic of the snail. This research aims to analyze the growth pattern and molecular aspect of *Turbo setosus*. The variable that examined is total weight and length, and cytochrome oxidase subunit one gene sequence. The growth factor of *T. setosus* is negative allometric, which means weight growth is slower than the length growth. The total length of cytochrome oxidase subunit 1 of these samples were 650 base pairs. Based on the DNA barcoding analysis, the sequence is 96.92% identical with the sequence of *T. setosus* in GenBank. The phylogenetic tree was reconstructed with neighbour-joining methods and 1000 replication bootstrap, show the clade grouping based on the similarity and genetic distance of the species. The sequence data is vital for species identification fast and accurately.

Keywords : growth; negative allometric; DNA barcoding; phylogenetic; *Turbo setosus*

Abstrak

Identifikasi morfologi dan genetik menjadi bagian penting dari setiap studi biologi maupun ekologi, degradasi lingkungan, faktor fisik-kimia lingkungan dan pemanfaatan gastropoda secara terus menerus akan mempengaruhi penyebaran, penurunan populasi, karakteristik morfologi dan juga karakter molekuler spesies. Penelitian ini bertujuan untuk menganalisis pola pertumbuhan dan karakter molekuler *Turbo setosus*. Variabel yang diukur adalah berat total dan panjang total serta identifikasi molekuler dengan menggunakan gen sitokrom oksidase I. Pola pertumbuhan *T. setosus* adalah allometrik negatif yang berarti penambahan berat lebih lambat dari penambahan panjang. Hasil identifikasi dengan DNA barcoding diperoleh spesies *T. setosus* dengan panjang sekuen DNA 650 bp. Rekonstruksi filogenetik dengan metode Neighbor-Joining bootstrap 1000x memperlihatkan pengelompokan sekuen berdasarkan kemiripan dan jarak genetik antar spesies. penting dalam identifikasi spesies secara cepat, tepat dan akurat.

Kata kunci : pertumbuhan; allometrik negatif; DNA barcoding; filogenetik; *Turbo setosus*

PENDAHULUAN

Gastropoda dan bivalvia banyak dimanfaatkan sebagai sumber bahan makanan dan protein bagi masyarakat

(Saleky *et al.*, 2016; Soeharmoko, 2010). Degradasi lingkungan, faktor fisika-kimia perairan, lingkungan dan pemanfaatan gastropoda secara terus menerus akan mempengaruhi penyebaran, (Ramesh &

Ravichandran, 2008; Rumahlatu dan Leiwakabessy, 2017), ukuran populasi (Putra, Zainuri, & Endrawati, 2014), karakteristik morfologi dan juga karakter molekuler spesies tersebut (Saleky *et al.*, 2016). Keanekaragaman gastropoda yang tinggi menimbulkan kesulitan dalam identifikasi spesies (Layton, Martel, & Hebert, 2014).

Identifikasi morfologi dan genetik menjadi bagian penting dari setiap studi biologi maupun ekologi, sehingga perlu dilakukan identifikasi spesies secara cepat, tepat dan akurat (Galan, Mendez, & Cruz, 2018; Layton *et al.*, 2014). Salah satu kunci identifikasi gastropoda secara morfologi adalah bagian cangkangnya (Galan *et al.*, 2018). Selain itu, cangkang ini juga berperan penting sebagai perlindungan tubuhnya yang lunak dan juga perlindungan diri dari pemangsa (Sälgeback, 2006).

Penggunaan karakter morfologi dalam mengidentifikasi spesies gastropoda sering kali terjadi kesalahan akibat adanya kemiripan morfologi maupun warna (Rao *et al.*, 2018). Selain itu, adanya struktur tambahan pada cangkang dan mereduksinya beberapa karakter cangkang (Karyanto & Indrawati, 2004) juga berkontribusi dalam kesalahan identifikasi secara morfologi. Penggunaan DNA *barcoding* sebagai alat dalam mengidentifikasi spesies sangat penting ketika identifikasi dengan morfologi menemui kendala (Naseem & Tahir, 2018). DNA *barcoding* telah banyak digunakan untuk melengkapi pendekatan morfologis dalam identifikasi spesies dan dalam merekonstruksi filogenetik (Hebert, Ratnasingham, & de Waard, 2003a; 2003b). Kompleksitas lingkungan mempengaruhi struktur genetik baik keragaman dan juga jarak genetik dari gastropoda (Arnaud *et al.*, 1999). DNA *barcoding* sebelumnya telah dilakukan pada kelompok gastropoda Turbinidae seperti *Turbo sparverius*, *Turbo bruneus*, *Lunella* sp. serta digunakan dalam menguji bahan makanan, mengidentifikasi parasit serta memantau perdagangan ilegal suatu spesies (Tahir & Akhtar, 2016).

Kepala Burung Papua kaya akan sumberdaya alam yang memiliki berbagai

jenis gastropoda, salah satunya yaitu bia mata bulan (*Turbo* sp.) (Saleky *et al.*, 2016). Penelitian ini dilakukan untuk menginventarisir *Turbo* sp. di daerah Kepala Burung Papua (*Headbird Seascape Papua*). Data yang dihasilkan dapat menunjang kegiatan pengelolaan dan konservasi sumberdaya khususnya dalam menghadapi masalah - masalah lingkungan seperti fragmentasi habitat dan tekanan antropogenik (Layton *et al.*, 2014).

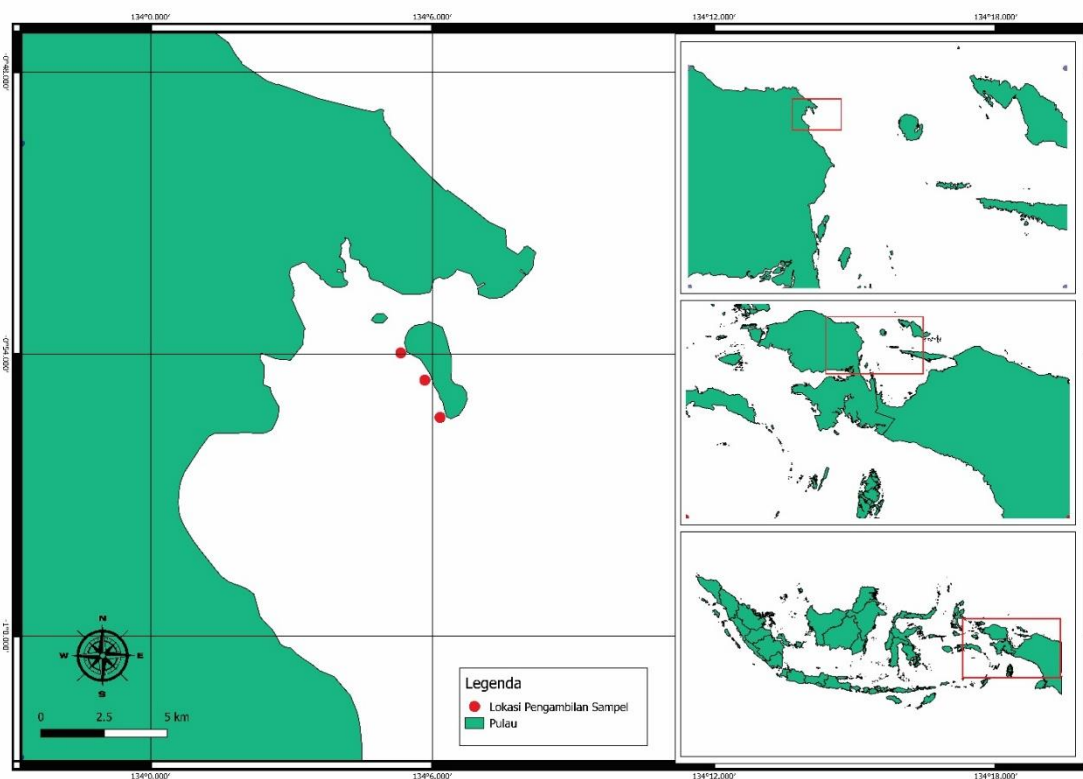
MATERI DAN METODE

Sampel diambil di perairan Pulau Mansinam Kabupaten Manokwari Papua Barat (Gambar 1). Sampel dikoleksi pada malam hari saat terjadinya surut air laut dengan cara koleksi bebas. Jumlah sampel yang diambil adalah 123 individu.

Identifikasi morfologi dilakukan dengan menggunakan buku identifikasi gastropoda Indonesian Shells I (Dharma, 1988) dan Recent & Fossil Indonesian Shell (Dharma, 2005). Pengukuran morfometrik dilakukan dengan mengukur panjang cangkang dan berat total dengan menggunakan jangka sorong dan timbangan digital, dilanjutkan dengan pengambilan sampel jaringan (*tissue*) untuk analisis DNA. Sampel jaringan disimpan dan diawetkan menggunakan etanol 96% sampai digunakan.

Analisis molekuler

Genom DNA diambil dari bagian kaki perut *T. setosus*. Proses Isolasi DNA dilakukan dengan menggunakan DNA *extraction* kit (Qiagen kit, USA) dengan prosedur standar dari produsen. Perbanyakkan COI menggunakan Teknik *polymerase chain reaction* (PCR) dengan primer forward LCO1490 (5'-ggtcaacaaatcataaagatattgg-3') dan primer reverse HCO2198 (5'-taaacttcagg gtagcaaaaatca-3') (Folmer *et al.*, 1994). Reaksi PCR dilakukan dalam total volume 25 µl dengan jumlah template DNA 1 - 4 µl. Profil suhu dalam proses PCR yaitu denaturasi 94°C, annealing 50°C, dan extension 72°C. Produk PCR dielektroforesis untuk dengan menggunakan gel agarosa 1%, buffer TBE dengan tegangan 100-volt selama 30 menit. Pewarnaan DNA dilakukan



Gambar 1. Lokasi penelitian Morfogenetik *Turbo setosus*

dengan menggunakan Etidium Bromida dan divisualisasi menggunakan UV transluminator. Sekuensing dilakukan dengan mengirim produk PCR ke lembaga 1st Base Malaysia.

Analisis Data

Panjang dan berat total adalah variabel terukur dalam penelitian ini. Analisis panjang-berat menggunakan uji regresi linear dengan menggunakan software Microsoft Excel 2010 dengan rumus: $W = aL^b$ yang mana W adalah berat tubuh (gram), L adalah panjang tubuh (mm) sedangkan nilai a dan b adalah konstanta.

Data sekuens DNA dari dua rah yaitu forward dan reverse, disesuaikan dengan elektroferogram yang dihasilkan. Penjajaran (alignment) menghasilkan satu sekuens dengan urutan yang sama dan disimpan dalam format fasta. Sekuens dari semua sampel disejajarkan (alignment) dengan metode ClustalW (1.6) (Kumar, Stecher, & Tamura, 2016) dalam program MEGA (Molecular Evolutionary Genetic Analysis) 6

(Tamura *et al.*, 2013). Data sekuens DNA dibandingkan dengan data GenBank (National Center for Biotechnology Information (NCBI) dengan aplikasi BLAST (*basic local alignment search tools*) (Morgulis *et al.*, 2008) untuk menentukan spesies berdasarkan data pembanding yang tersedia di GenBank. Analisis DNA juga dilanjutkan dengan menghitung jarak genetik antar spesies dan juga analisis pohon filogenetik *Turbo sp.* menggunakan metode *Neighbor-Joining* (NJ) (Saitou & Nei, 1987) dengan model Kimura 2-parameter, nilai *bootstrap* 1000x (Efron, Halloran, & Holmes, 1996).

HASIL DAN PEMBAHASAN

Jumlah sampel gastropoda yang diambil dari Pulau Mansinam Kabupaten Manokwari Papua Barat sebanyak 123 individu. Hasil identifikasi morfologi menunjukkan bahwa sampel tersebut adalah dari spesies *Turbo setosus*. Sampel ini memiliki *operculum* yang berwarna putih dengan corak hijau gelap. Cangkang bagian

dalamnya berwarna putih dan cangkang luar berwarna hijau kehitaman. Pada bagian luar cangkang terdapat lurik yang cembung sehingga membuat cangkangnya seakan bergelombang kecil. Adapun foto morfologi dari sampel yang dianalisis yaitu disajikan pada Gambar 2.



Gambar 2. Bentuk Morfologi *Turbo setosus*

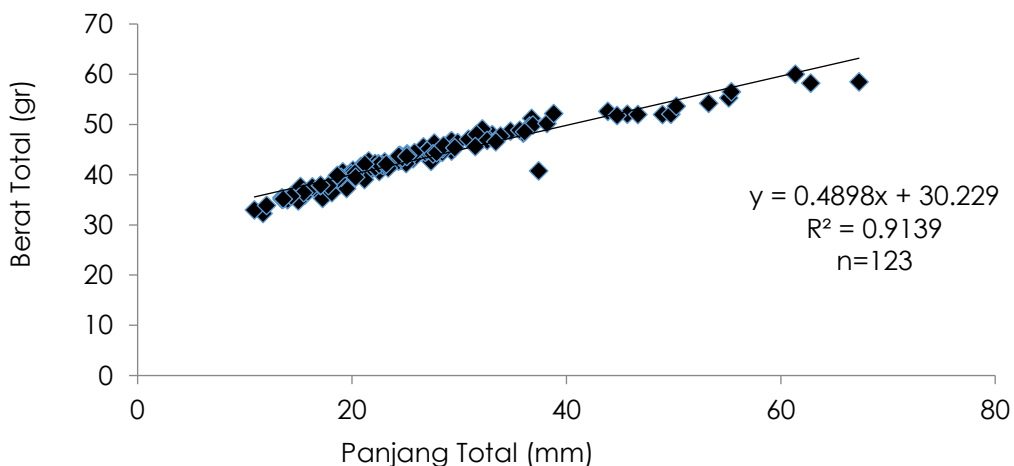
Turbo setosus merupakan gastropoda laut yang termasuk dalam famili Turbinidae yang dimanfaatkan oleh masyarakat pesisir sebagai sumber makanan yang mengandung berbagai protein dan mineral (Lestari, Azrianingsih, & Hendrian, 2018). Spesies ini, secara ekologi menjadi bagian yang tidak terpisahkan dari rantai makanan yang ada di perairan (Srimariana, 2015). *T. setosus* kebanyakan hidup pada daerah intertidal berbatu (Baharuddin, Basir, & Zainuddin, 2019; Saleky et al., 2019).

Hubungan Panjang Berat dan Pola Pertumbuhan

Hasil pengukuran Panjang dan berat dari sampel *T. setosus*, diperoleh nilai panjang total berkisar 32.27 - 60.02 mm dan berat total berkisar 10.9 - 67.29 gr. Hewan ini dapat mencapai ukuran 6 - 7 cm dan berada di perairan yang tenang (Dharma, 2005) dan dapat ditemukan pada daerah intertidal berbatu di pesisir utara. Spesies *T. setosus* sering ditemukan hidup bersama dengan spesies lain seperti *T. sparverius* dan *T. bruneus* (Saleky et al., 2019, 2016).

Hasil perhitungan panjang berat *T. setosus* diperoleh persamaan $W = 0.00057L^{2.841}$ dengan nilai $R^2 = 0.953$, dimana W adalah berat (gram) dan L adalah Panjang (cm). Hubungan panjang dan berat total *T. setosus* yang diperoleh menunjukkan hubungan linier dengan persamaan garis $Y = 0.4898x + 30.229$ dengan nilai koefisien korelasi $r = 0.976$ dan nilai $R^2 = 0.953$ (Gambar 3). Berdasarkan nilai R^2 yang diperoleh menunjukkan bahwa kontribusi panjang cangkang terhadap berat adalah 0.953 %. Hubungan ini juga menunjukkan ukuran panjang cangkang dapat diduga dari ukuran bobot tubuh.

Pola pertumbuhan *T. setosus* dapat dilihat dari nilai b pada hasil regresi linear yaitu sebesar 2.841462 (<3) yang menunjukkan nilai yang lebih rendah dari 3. Hasil tersebut mengindikasikan bahwa pola



Gambar 3. Regresi linear hubungan panjang-berat *T. setosus*

pertumbuhan relatif *T. setosus* yang dikoleksi dari Pulau Mansinam Manokwari adalah allometrik negatif yang dapat diartikan bahwa penambahan berat lebih lambat dari pada panjang. Pola pertumbuhan allometrik negatif juga ditemukan pada jenis *T. bruneus*, *T. sparverius* (Saleky *et al.*, 2016), *Modiolus moduloides* (Zabarun, 2016) dan *Strombus luhuanus* (Jala, Haumahu, & Uneputty, 2014). Pertumbuhan gastropoda dicirikan dengan bertambahnya ukuran dan bobot yang dipengaruhi oleh berbagai faktor seperti makanan, jenis kelamin, faktor fisik-kimia perairan (Jala *et al.*, 2014).

Karakter Molekuler

DNA sekuens yang dihasilkan dari hasil amplifikasi dan sekuensing gen sitokrom oksidase I (COI) gastropoda yang dikoleksi di Pulau Mansinam Manokwari, Papua barat memiliki panjang sekuens DNA 650 pasang basa (pb). Hasil identifikasi dengan teknik DNA *barcoding* menunjukkan bahwa sampel dalam penelitian ini adalah spesies *T. setosus* dengan tingkat similaritas 95.85 - 96.92 % dan *query coverage* sebesar 100 % (Tabel 1).

Semua sekuens gen COI dari sampel *T. setosus* tidak semuanya memiliki urutan basa nukleotida yang identik. Terdapat 10 titik perbedaan nukleotida yang ditemukan dalam sekuens tersebut (Tabel 3). Terdapat 8 titik perbedaan yang terjadi akibat adanya

mutasi dari basa A menjadi G atau sebaliknya, dan juga ditemukan 2 perbedaan nukleotida yang diakibatkan oleh mutasi dari basa C menjadi T. Mutasi antara basa G dan A lebih banyak ditemukan pada sampel ini dari pada mutase antara A dan T.

DNA *barcoding* menjadi teknik identifikasi spesies dan membantu mempercepat penemuan spesies baru (Tahir *et al.*, 2016). Keragaman DNA mitokondria terutama disebabkan oleh tingkat mutasi yang tinggi dan memiliki implikasi potensial untuk morfologi dan evolusi (Fourdrilis, Martins, & Backeljau, 2018). Gen COI dapat digunakan sebagai marka gen dalam identifikasi dan taksonomi baik pada tingkatan populasi maupun spesies (Nuryanto & Solihin, 2006), dalam kegiatan pengelolaan dan juga konservasi spesies penting dari kepunahan (Ghosh *et al.*, 2019).

Kandungan nukleotida G+C dari seluruh sampel *T. Setosus* rata rata sebesar 36.95 % sedangkan kandungan A+T sebesar 63.05 % (Tabel 2). Kandungan A+T sampel ini lebih rendah dari pada kandungan G+C yang menjadikan sekuens ini mudah didenaturasi pada saat proses amplifikasi dengan menggunakan *polymerase chain reaction*. Suhu denaturasi yang digunakan dalam proses PCR sampel ini yaitu 94°C, yang termasuk dalam kategori relative rendah.

Tabel 1. Hasil identifikasi dengan menggunakan BLAST (*Basic Local Alignment Search Tool*)

No	Identifikasi spesies	Lokasi	Query Coverage (%)	Hasil BLAST (%)
1	<i>Turbo setosus</i>	Pulau Mansinam, Manokwari	100	96.92
2	<i>Turbo setosus</i>	Pulau Mansinam, Manokwari	100	95.85
3	<i>Turbo setosus</i>	Pulau Mansinam, Manokwari	100	96.92
4	<i>Turbo setosus</i>	Pulau Mansinam, Manokwari	100	96.77

Tabel 2. Komposisi nukleotida *T. setosus* asal Pulau Mansinam

Spesies	T (%)	C (%)	A (%)	G (%)	C + G (%)	A + T (%)
<i>Turbo setosus</i> -1	39.4	16.1	23.4	21.1	37.2	62.8
<i>Turbo setosus</i> -2	39.7	15.8	23.9	20.6	36.4	63.6
<i>Turbo setosus</i> -3	39.4	16.1	23.4	21.1	37.2	62.8
<i>Turbo setosus</i> -4	39.4	16.1	23.6	20.9	37	63
Rata - rata	39.5	16.0	23.6	20.9	36.95	63.05

Tabel 3. Tabel mutasi gen COI yang menyebabkan polimorfisme dari 4 sampel *T. setosus*

	68	146	197	254	370	476	500	503	554	629
<i>Turbo setosus</i> (1)	A	G	G	G	C	A	G	G	C	G
<i>Turbo setosus</i> (2)	G	A	A	A	T	G	.	A	T	A
<i>Turbo setosus</i> (3)
<i>Turbo setosus</i> (4)	A	.	.	.

Sekuen DNA *T. setosus* dapat mengalami perubahan yang disebut mutasi. DNA mitokondrai dan DNA inti memiliki laju mutasi yang berbeda yang dapat menggambarkan perbedaan aspek sejarah dan biologi populasi (Sunnucks, 2000). Mutasi gen dapat terjadi secara *spontaneous mutation* dan *induced mutation* yang dapat berdampak baik ataupun negatif yang dapat berupa *transition* ataupun *mutasi transversion* (Sobrizal, 2017). Mutasi antara basa G dan A, basa C dan T disebut sebagai mutase transisi karena terjadi antar basa purin dengan purin atau pirimidin dengan pirimidin. Mutasi transisi merupakan mutase yang sering terjadi dibandingkan dengan mutasi transvers, karena mutasi ini umumnya bersifat nonsynonymous. Perubahan nukleotida dapat terjadi akibat dari pola adaptasi organisme terhadap perubahan lingkungan (Prehadi *et al.*, 2015). Terdapat beberapa jenis mutasi lain yang biasa terjadi pada makhluk hidup yaitu delesi, inversi, translokasi dan transposisi (Nuryanto & Solihin, 2006).

Analisis haplotype dari ke 4 sekuen DNA *T. setosus* diperoleh 3 haplotype yang berbeda dengan keanekaragaman haplotype sebesar 0.83 (Tabel 4). Pengelompokan haplotype tersebut didasarkan pada adanya perbedaan urutan sekuens gen COI dari sampel yang dianalisis. Sampel satu dan tiga memiliki urutan sekuens yang 100% identik sehingga dapat dikelompokkan menjadi satu haplotype. Berbeda halnya dengan sampel 2 dan 4 yang memiliki perbedaan nukleotida dari sampel 1 dan 3, sehingga dipisahkan menjadi haplotype tersendiri.

Haplotype adalah sekelompok alel dalam suatu organisme yang diwarisi dari induk kepada keturunannya (Bergstrom, 2001). Keragaman haplotype sangat penting bagi kehidupan kelompok organisme, karena

memungkinkan suatu spesies dapat bertahan terhadap perubahan lingkungan. Keragaman genetik yang rendah meningkatkan risiko kepunahan karena mengurangi potensi spesies untuk beradaptasi dengan perubahan lingkungan (Hobbs, Herwerden, Jerry, Jones, & Munday, 2013).

Tabel 4. Daftar haplotype gen COI dari 4 sampel *T. setosus*

Haplotype	Sekuen DNA
1	1,3
2	2
3	4

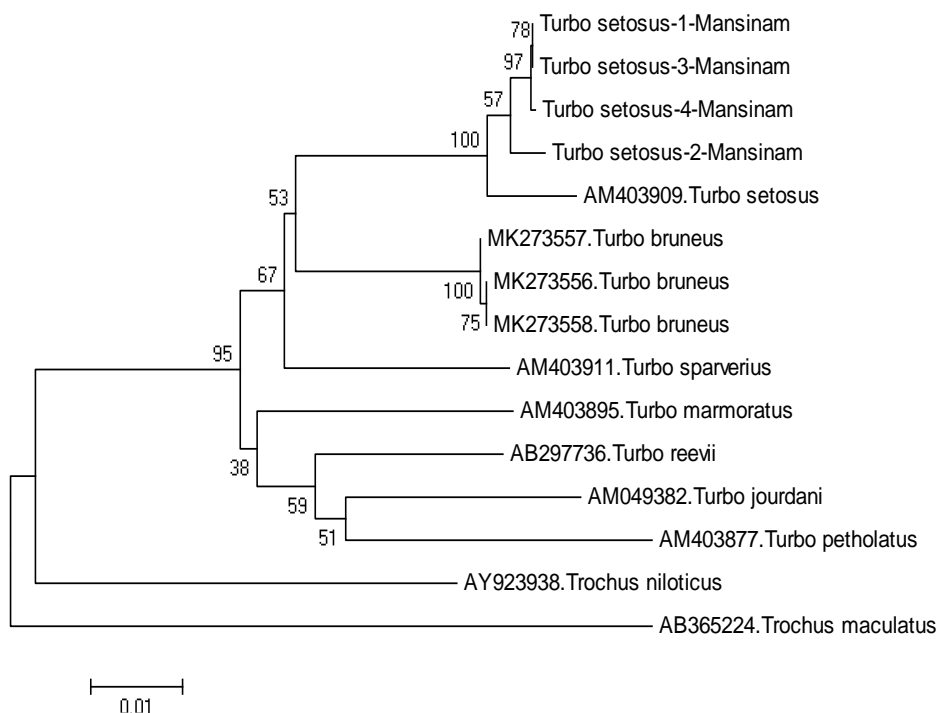
Jumlah haplotype sangat dipengaruhi oleh jumlah sampel yang dianalisis, kemungkinan jumlah haplotype akan bertambah dengan bertambahnya jumlah sampel yang dianalisis. Hasil analisis juga memperlihatkan haplotype *T. setosus* asal Pulau Mansinam berbeda dengan haplotype *T. setosus* yang dikoleksi dari Taiwan (Williams, 2007). Kondisi tersebut dapat terjadi akibat tidak terjadinya aliran karakter genetik antar populasi *T. setosus*. Organisme laut seperti gastropoda cenderung menetap dan mengalami fase larva planktonik. Hal ini yang menyebabkan gastropoda cenderung memiliki struktur genetik yang lebih rendah dibandingkan dengan organisme yang aktif berpindah (Kyle & Boulding, 2000).

Rekonstruksi pohon filogenetik *T. setosus* (Gambar 4) dibentuk dari 4 sekuen DNA *T. setosus* asal Pulau Mansinam dengan beberapa sekuen DNA dari GenBank dan *Trochus niloticus* (Geiger & Thacker, 2005) dan *Trochus maculatus* (Kano, 2007) sebagai out grup. Informasi mengenai asal lokasi, nomor akses sekuens Genbank dan referensinya disajikan dalam Tabel 5. Pohon filogenetik membentuk 2 *clade* yaitu *clade* 1 terdiri atas

spesies *T. setosus*, *T. sparverius* dan *T. bruneus* dan *clade 2* terdiri atas spesies *T. marmoratus*, *T. revii*, *T. jourdani* dan *T. petholatus*. *T. setosus* asal Mansinam juga membentuk *clade* yang sama dengan *T. setosus* asal Taiwan dengan nilai *bootstrap* 100.

Sejarah populasi dan spesies dari berbagai tingkat kehidupan dapat dipelajari dari pohon filogenetik berdasarkan data molekuler (Grande *et al.*, 2004). Filogenetik

merupakan klasifikasi secara taksonomi spesies berdasarkan sejarah evolusi, analisis yang dilakukan berdasarkan analisis sekuen DNA spesies. Model matematika digunakan dalam menyimpulkan sejarah evolusi spesies melalui data molekuler (Yuan, Zhu, & Liu, 2014). Tingginya nilai *bootstrap* mempengaruhi rekonstruksi filogenetik yang terbentuk, semakin tinggi nilai *bootstrap* maka semakin baik pohon yang terbentuk (Horiike *et al.*, 2009).



Gambar 4. Rekonstruksi pohon filogenetik dengan metode Neighbor-Joining menggunakan 11 sekuen DNA dari GenBank dengan *Trochus niloticus* dan *Trochus maculatus* sebagai out grup.

Tabel 5. Sekuens gen COI dari GenBank NCBI yang digunakan dalam pembuatan pohon filogenetik

No	Species	Lokasi	Acc. GenBank	Referensi
1	<i>T. bruneus</i>	Manokwari, Papua barat	MK273558	(Saleky <i>et al.</i> , 2016)
2	<i>T. bruneus</i>	Manokwari, Papua barat	MK273557	(Saleky <i>et al.</i> , 2016)
3	<i>T. bruneus</i>	Manokwari, Papua barat	MK273556	(Saleky <i>et al.</i> , 2016)
4	<i>T. setosus</i>	Taiwan	AM403909	(Williams, 2007)
5	<i>T. sparveius</i>	Taiwan	AM403911	(Williams, 2007)
6	<i>T. reevii</i>	Ogasawara Islands, Japan	AB297736	(Nakano, Takahashi, & Ozawa, 2007)
7	<i>T. petholatus</i>	Japan	AM403877	(Williams, 2007)
8	<i>T. jourdani</i>	Japan	AM049382	(Williams & Ozawa, 2006)
9	<i>T. mamoratus</i>	Japan	AM403895	(Williams, 2007)
10	<i>Trochus niloticus</i>	Moorea, French Polynesia	AY923938	(Geiger & Thacker, 2005)
11	<i>T. maculatus</i>	Japan	AB365224	(Kano, 2007)

Tabel 6. Jarak genetik sekuens gen COI dari *T. setosus*

Spesies	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14
<i>Turbo setosus</i> -1-Mansinam		*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
<i>Turbo setosus</i> -2-Mansinam	0.006		*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
<i>Turbo setosus</i> -3-Mansinam	0.000	0.006		*	*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
<i>Turbo setosus</i> -4-Mansinam	0.001	0.007	0.001		*	*	*	*	*	*	*	*	*	*
AM403911. <i>Turbo sparverius</i>	0.053	0.049	0.053	0.052		*	*	*	*	*	*	*	*	*
MK273557. <i>Turbo bruneus</i>	0.047	0.045	0.047	0.047	0.045		*	*	*	*	*	*	*	*
MK273556. <i>Turbo bruneus</i>	0.048	0.046	0.048	0.047	0.046	0.001		*	*	*	*	*	*	*
MK273558. <i>Turbo bruneus</i>	0.048	0.046	0.048	0.047	0.046	0.001	0.000		*	*	*	*	*	*
AM403909. <i>Turbo setosus</i>	0.014	0.019	0.014	0.014	0.059	0.050	0.051	0.051		*	*	*	*	*
AM049382. <i>Turbo jourdani</i>	0.072	0.070	0.072	0.071	0.064	0.058	0.059	0.059	0.076		*	*	*	*
AM403877. <i>Turbo petholatus</i>	0.081	0.077	0.081	0.081	0.077	0.072	0.073	0.073	0.083	0.059		*	*	*
AB297736. <i>Turbo reevii</i>	0.059	0.058	0.059	0.058	0.061	0.056	0.057	0.057	0.067	0.048	0.059		*	*
AM403895. <i>Turbo marmoratus</i>	0.065	0.061	0.065	0.065	0.054	0.054	0.055	0.055	0.063	0.060	0.067	0.059		*
AY923938. <i>Trochus niloticus</i>	0.100	0.099	0.100	0.100	0.104	0.096	0.095	0.095	0.105	0.108	0.107	0.099	0.091	
AB365224. <i>Trochus maculatus</i>	0.126	0.129	0.126	0.125	0.122	0.127	0.126	0.126	0.128	0.136	0.119	0.123	0.136	0.119

Jarak genetik antar individu *T. setosus* asal Pulau Mansinam sebesar 0 – 0.7 %, sedangkan jarak genetik *T. setosus* asal Pulau Mansinam dengan *T. setosus* asal Taiwan berkisar 1.4 – 1.9 %. Jarak genetik rata-rata semua sampel sebesar 6.7 %. Jarak genetik dalam spesies yang sama adalah kurang dari 4 % sedangkan antar spesies lebih dari 4 %.

KESIMPULAN

Pertumbuhan dari *T. setosus* yang diambil dari daerah adalah alometrik negatif, artinya pertumbuhan Panjang tubuhnya lebih cepat dari pada berat tubuhnya. Data sekuens gen COI yang diperoleh memiliki Panjang 650 pasang basa dan memiliki kemiripan antara 95.85 - 96.92% dengan sekuens *T. setosus* dari GenBank. Pohon filogenetik menunjukkan bahwa sekuens *T. setosus* asal pulau Mansinam berada dalam satu kelompok dengan *T. setosus* dari Genbank dengan dukungan nilai bootstrap 100%.

DAFTAR PUSTAKA

Arnaud, J., Madec, L., Bellido, A., & Guiller, A., 1999. Microspatial genetic structure in the land snail *Helix aspersa* (Gastropoda : Helicidae). *Heredity*, 83:110–119. doi: 10.1046/j.1365-2540.1999.00565.x

Baharuddin, N., Basir, N. H. M., & Zainuddin, S. N. H., 2019. Tropical intertidal gastropods: Insights on diversity, abundance, distribution and shell morphometrics of Pulau Bidong, Malaysia. *AAFL Bioflux*, 12(4): 1375–1387.

Bergstrom, D. E., 2001. *Haplotype*. In S. Brenner & J. H. Miller (Eds.), *Encyclopedia of Genetics* (pp. 911–912). doi: 10.1006/rwgn.2001.0584

Coenye, T., & Vandamme, P., 2003. Extracting phylogenetic information from whole-genome sequencing projects: The lactic acid bacteria as a test case. *Microbiology*, 149(12): 3507–3517. doi: 10.1099/mic.0.26515-0

Dharma, B., 1988. Indonesian shells I. California: Hemmen. 135 p.

- Dharma, B., 2005. Recent and Fossil Indonesian Shells. California: Hemmen. 424 p.
- Efron, B., Halloran, E., & Holmes, S., 1996. Bootstrap confidence levels for phylogenetic trees. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.*, 93(23):13429–13434. doi: 10.1073/pnas.93.14.7085
- Folmer, O., Black, M., Hoeh, W., Lutz, R., & Vrijenhoek, R., 1994. DNA primers for amplification of mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I from diverse metazoan invertebrates. *Mol. Mar. Biol. Biotechnol.*, 3(5): 294–299.
- Fourdrilis, S., Martins, A.M. de F., & Backeljau, T., 2018. Relation between mitochondrial DNA hyperdiversity, mutation rate and mitochondrial genome evolution in *Melarhaphe neritoides* (Gastropoda: Littorinidae) and other Caenogastropoda. *Sci. Rep.*, 8(17964): 1–12. doi: 10.1038/s41598-018-36428-7
- Galan, G. L., Mendez, N. P., & Cruz, R. Y. Dela., 2018. DNA barcoding of three selected gastropod species using cytochrome oxidase (COI) gene. *An. West University Timisoara, Ser. Biolog.*, 21(1): 93–102.
- Geiger, D.L., & Thacker, C.E., 2005. Molecular phylogeny of Vetigastropoda reveals non-monophyletic Scissurellidae, Trochoidea, and Fissurelloidea. *Mollusc. Res.*, 25(1):47–55. doi: 10.1.1.435.4190
- Ghosh, A., Basu, S., Khatri, H., Chandra, K., & Thakur, M., 2019. Ascertaining species of origin from confiscated meat using DNA forensics. *Mitochon. DNA Part B: Res.*, 4(1):329–331. doi: 10.1080/23802359.2018.1544041
- Grande, C., Templado, J., Cervera, J.L., & Zardoya, R., 2004. Phylogenetic relationships among Opisthobranchia (Mollusca: Gastropoda) based on mitochondrial cox 1, trnV, and rrnL genes. *Mol. Phylogenet. Evol.*, 33(2): 378–388. doi: 10.1016/j.ympev.2004.06.008
- Hebert, P.D.N., Cywinska, A., Ball, S.L., & de Waard, J.R., 2003a. Biological identifications through DNA barcodes. *Proc. Royal Soc. B*, 270(1512): 313–321. doi: 10.1098/rspb.2002.2218
- Hebert, P.D.N., Ratnasingham, S., & de Waard, J.R., 2003b. Barcoding animal life: cytochrome c oxidase subunit I divergences among closely related species. *Proc. Royal Soc. B.*, 270:96–99. doi: 10.1098/rsbl.2003.0025
- Hobbs, J.P., Herwerden, L. van, Jerry, D., Jones, G., & Munday, P., 2013. High Genetic Diversity in Geographically Remote Populations of Endemic and Widespread Coral Reef Angelfishes (genus: *Centropyge*). *Diversity*, 5(1):39–50. doi: 10.3390/d5010039
- Horiike, T., Miyata, D., Hamada, K., Saruhashi, S., Shinozawa, T., Kumar, S., Tateno, Y., 2009. Phylogenetic construction of 17 bacterial phyla by new method and carefully selected orthologs. *Gene*, 429: 59–64. doi: 10.1016/j.gene.2008.10.006
- Jala, S., Haumahu, S., & Uneputti, P., 2014. Variasi Morfometrik dan Hubungan Panjang Berat. *J. Triton*, 10(2): 122–130.
- Kano, Y., 2007. Vetigastropod phylogeny and a new concept of Seguenzioidea: independent evolution of copulatory organs in the deep-sea habitats. *Zool. Scr.*, 37(1):1–21. doi: 10.1111/j.1463-6409.2007.00316.x
- Karyanto, P., & Indrowati, M., 2004. Cangkang Gastropoda Ekosistem Mangrove Ekosistem Mangrove Cilacap Sebagai Alternatif sumber Pembelajaran Moluska; Gastropoda. *Bioedukasi*, 1(1):1–6. doi: 10.20961/bioedukasi-uns.v1i1.3984
- Kumar, S., Stecher, G., & Tamura, K., 2016. MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 7.0 for Bigger Datasets. *Mol. Biol. Evol.*, 33(7):1870–1874. doi: 10.1093/molbev/msw054
- Kyle, C.J., & Boulding, E.G., 2000. Comparative population genetic structure of marine gastropods (*Littorina* spp.) with and without pelagic larval dispersal. *Mar. Biol.*, 137:835–845. doi: 10.1007/s002270000412
- Layton, K.K.S., Martel, A.L., & Hebert, P.D., 2014. Patterns of DNA Barcode Variation in Canadian Marine Molluscs. *PLoS ONE*, 9(4):1–9. doi: 10.1371/journal.pone.0095003
- Lestari, D.A., Azrianingsih, R., & Hendrian, H., 2018. Filogenetik Jenis-jenis Annonaceae dari Jawa Timur Koleksi Kebun Raya Purwodadi Berdasarkan Coding dan Non-coding sekuen DNA. *J. Trop. Biodiv. Biotechnol.*, 3:1–7. doi: 10.22146/jtbb.28308

- Morgulis, A., Coulouris, G., Raytselis, Y., Madden, T.L., Agarwala, R., & Schäffer, A.A., 2008. Database indexing for production MegaBLAST searches. *Bioinformatics*, 24(16):1757–1764. doi: 10.1093/bioinformatics/btn322
- Nakano, T., Takahashi, K., & Ozawa, T., 2007. Description of an Endangered New Species of Lunella (Gastropoda:Turbinidae) from the Ogasawara Islands, Japan. *J. Malacolog. Soc. Japan*, 66(1): 1–10. doi: 10.18941/venus.66.1-2_1
- Naseem, S., & Tahir, H.M., 2018. Use of mitochondrial COI gene for the identification of family Salticidae and Lycosidae of spiders. *Mitochondrial DNA Part A*, 29(1): 96–101. doi: 10.1080/24701394.2016.1248428
- Nuryanto, A., & Solihin, D.D., 2006. Variasi Sekuens Gen Mitokondrial Sitokrom C Oksidase I dari Siput Lola (*Trochus niloticus*). *Biosfera*, 23(1): 31–37. doi: 10.20884/1.mib.2006.23.1.143
- Prehadi, P., Sembiring, A., Kurniasih, E.M., Rahmad, R., Arafat, D., Subhan, B., & Madduppa, H.H., 2015. DNA barcoding and phylogenetic reconstruction of shark species landed in Muncar fisheries landing site in comparison with Southern Java fishing port. *Biodiversitas, J. Biolog. Div.*, 16(1):55–61. doi: 10.13057/biodiv/d160107
- Putra, Y.A., Zainuri, M., & Endrawati, H., 2014. Kajian Morfometri Gastropoda Di Perairan Pantai Desa Tapak Kecamatan Tugu Kota Semarang. *J. Mar. Res.*, 3(4):566–577. doi: 10.14710/jmr.v3i4.11416
- Ramesh, R., & Ravichandran, S., 2008. Seasonal Variation on the Proximate Composition of Turbo brunneus. *International Journal of Zoological Research*, 4(1): 28–34. Doi: 10.3923/ijzr.2008.28.34
- Rumahlatu, D., & Leiwakabessy, F., 2017. Biodiversity of gastropoda in the coastal waters of ambon island, Indonesia. *AACL Bioflux*, 10(2):285–296.
- Saitou, N., & Nei, M., 1987. The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Mol. Biol. Evol.*, 4(4):406–425. doi: 10.1093/oxfordjournals.molbev.a040454
- Saleky, D., Leatemia, S. P., Yuanike, Y., Rumengan, I., & Putra, I.N.G., 2019. Temporal Distribution of Gastropods In Rocky Intertidal Area In North Manokwari, West Papua. *J. Sumberdaya Akuatik Indopasifik*, 1–10. doi: 10.30862/jsai-fpik-unipa.2019.vol.3.no.1.58
- Saleky, D., Setyobudiandi, I., Toha, A.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. *Biodiv. J. Biol. Div.*, 17(1): 208–217. doi: 10.13057/biodiv/d170130
- Sälgeback, J., 2006. Functional Morphology of Gastropods and Bivalves. *Acta Uniersitatis Upsaliensis Uppsala*. 31 p.
- Sobrizal, D., 2017. Potensi Pemuliaan Mutasi untuk Perbaikan Varietas Padi Lokal Indonesia. *J. Ilmiah Aplikasi Isotop Rad.*, 12(1):23–36. doi: 10.17146/jair.2016.12.1.3198
- Soeharmoko., 2010. Inventarisasi jenis kekerangan yang dikonsumsi masyarakat di Kepulauan Riau. *J. Dinamika Maritim*, 2(1):45–53.
- Srimariana, E.S., 2015. Potensi kerang manis (*Gafrarium tumidum*) di pesisir Pantai Negeri Laha, Teluk Ambon sebagai sumber mineral. *Biodiv. J. Biol. Div.*, 1: 843–847. doi: 10.13057/psnmbi/m010431
- Sunnucks, P., 2000. Efficient genetic markers for population biology. *Trends in Ecology & Evolution*, 15(5):199–203. doi: 10.1016/S0169-5347(00)01825-5
- Tahir, M.H. & Akhtar, S., 2016. Services of DNA barcoding in different fields. *Mitochondrial DNA Part A*, 27(6):4463–4474. doi: 10.3109/19401736.2015.1089572
- Tahir, H.M., Mehwish, Kanwal, N., Butt, A., Khan, S.Y., & Yaqub, A., 2016. Genetic diversity in cytochrome c oxidase I gene of Anopheles mosquitoes. *Mitochondrial DNA Part A*, 27(6): 4298–4301. doi: 10.3109/19401736.2015.1082104
- Tamura, K., Stecher, G., Peterson, D., Filipski, A., & Kumar, S., 2013. MEGA6: Molecular evolutionary genetics analysis version 6.0. *Mol. Biol. Evol.*, 30(12): 2725–2729. doi: 10.1093/molbev/mst197
- Tindi, M., Mamangkey, N.G.F., & Wullur, S., 2017. DNA Barcode dan Analisis

- Filogenetik Molekuler Beberapa Jenis Bivalvia Asal Perairan Sulawesi Utara Berdasarkan Gen COI. *J. Pesisir Laut Trop.*, 1(2):32–38.
- Williams, S.T., 2007. Origins and diversification of Indo-West Pacific marine fauna: evolutionary history and biogeography of turban shells (Gastropoda, Turbinidae). *Biol. J. Linnean Soc.*, 92(3):573–592. doi: 10.1111/j.1095-8312.2007.00854.x
- Williams, S.T., & Ozawa, T., 2006. Molecular phylogeny suggests polyphyly of both the turban shells (family Turbinidae) and the superfamily Trochoidea (Mollusca: Vetigastropoda). *Mol. Phylogenet. Evol.*, 39(1):33–51. doi: 10.1016/j.ympev.2005.12.017
- Yuan, J., Zhu, Q., & Liu, B., 2014. Phylogenetic and Biological Significance of Evolutionary Elements from Metazoan Mitochondrial Genomes. *PLoS ONE*, 9(1):1–13. doi: 10.1371/journal.pone.0084330
- Zabarun, A., 2016. Hubungan panjang berat , faktor kondisi dan rasio berat daging Kerang Pasir (*Modiolus moduloides*) di perairan Bungkutoko Kota Kendari. *J. Manag. Sumberdaya Perairan*, 2(1):21–32.