

Identifikasi Dna Pada Hasil Tangkapan Udang Di Muara Seklenting Dan Babalan, Demak

Almay Atsiil Harits Syam dan Nur Taufiq-Spj*

Departemen Ilmu Kelautan, Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan, Universitas Diponegoro
Jl. Prof. Jacub Rais, Tembalang, Semarang, Jawa Tengah 50275 Indonesia
Corresponding author, e-mail: taufiqspj_1999@yahoo.com

ABSTRAK: Spesies udang dari famili Penaidae dikenal yang ditemukan di perairan Laut Jawa adalah *Penaeus merguensis* (udang putih), *Penaeus monodon* (udang windu), juga ditemukan spesies lain seperti *Penaeus indicus* (udang dogol), *Penaeus semisulcatus*, *Metapenaeus affinis*, *Metapenaeus dobsonidan*, *Metapenaeus ensis* (udang barat). Spesies udang komersial utama di Demak adalah udang putih. Meskipun Udang memiliki kontribusi yang sangat besar terhadap nilai-nilai sosio-ekonomi dan ekologi, namun dirasa kurang dalam bidang ilmiah. Teknik DNA merupakan sistem yang dirancang untuk melakukan identifikasi spesies secara cepat dan akurat berdasarkan urutan basa nukleotida dari gen penanda pendek yang telah terstandarisasi yaitu gen Cytochrome Oxidase Subunit I (COI). Efektifitas COI telah divalidasi untuk bermacam kelompok fauna dan sebagian besar jenis fauna yang diteliti bisa dibedakan menggunakan identifikasi DNA. Hasil BLAST menghasilkan terdapatnya 3 spesies yaitu *Penaeus merguensis* sebanyak 38 sampel dengan pesent identikal (88,39% - 100%), *Metapenaeus brevicornis* sebanyak 1 sampel dengan identikal persentase 88,29%, dan *Metapenaeus monoceros* sebanyak 1 sampel dengan identikal persentase 98,39%. *Penaeus merguensis* dan dua spesies lainnya memiliki jarak genetik yang hampir sama dengan rata-rata jarak 21%, sementara *Metapenaeus brevicornis* dan *Metapenaeus monoceros* memiliki jarak genetik 0,1831 atau 18,31%. Berdasarkan hasil penelitian sampel Udang Putih menggunakan gen COI mtDNA didapatkan 3 spesies udang di perairan Sekelenting, yaitu *Penaeus merguensis*, *Metapenaeus brevicornis*, *Metapenaeus monoceros* dan 1 spesies udang di perairan Babalan, yaitu *Penaeus merguensis*. Jarak genetik terdekat yaitu 18% (*Metapenaeus brevicornis* dan *Metapenaeus monoceros*) dan jarak genetik terjauh 21% yakni *Metapenaeus brevicornis* dan *Penaeus merguensis*.

Kata kunci: Identifikasi molekuler, COI mtDNA, Udang Putih, Demak

Identification of DNA in Shrimp Catches from Seklenting and Babalan Estuaries, Demak

ABSTRACT: Species of shrimp from the family penaidae known to be found in the Java Sea are *Penaeus merguensis* (White Shrimp), *Penaeus monodon* (Windu Shrimp), also found other species such as *Penaeus indicus* (Dogol Shrimp), *Metapenaeus affinis*, *Penaeus semisulcatus*, *Metapenaeus dobsonidan* and *Metapenaeus ensis*. (udang barat). The main commercial species of shrimp in Demak is white shrimps. Although the shrimp has a huge contribution to socio-economic and ecological values, there are shortcomings in the scientific field. The DNA identification technique is a system designed to identify species quickly and accurately based on the nucleotide base sequence of a standardized short marker gene, the Cytochrome Oxidase Subunit I gene (COI). The effectiveness of the COI has been validated for various fauna groups and most of the species studied can be distinguished using DNA identification. The BLAST resulted in the existence of 3 species: *Penaeus merguensis* with 38 samples, with a percentage identical between 88.39% - 100%. *Metapenaeus brevicornis* had 1 sample with 88.29% identity, and *Metapenaeus monoceros* had a sample identical of 98.39%. *Penaeus merguensis* and two other species have a genetic distance that is almost equal to the average distance of 21% while *Metapenaeus brevicornis* and *Metapenaeus monoceros* have a genetical distance of 0.1831 or 18.31%. According to the results of the study of white shrimp samples by using the COI mtDNA gene, three species of shrimps in the

waters of Sekelenting have been obtained, namely *Penaeus merguensiensis*, *Metapenaeus breviornis*, *Metapenaeus monoceros* and 1 species in the Babalan waters, i.e. *Peñaeus merguensis*. The nearest genetic distance is 18% i.e. *Metapenaeus brevicornis* and *Metapenaeus monoceros* and the longest genetic distant is 21% i.e. *Metapenaeus brevicornis* and *Penaeus merguensis*.

Keywords: Molecular Identification; COI mtDNA; White Shrimp; Demak

PENDAHULUAN

Spesies udang komersial utama di Demak adalah udang putih. Menurut Selvia *et al.* (2019), udang putih (*Penaeus mergueinsis*) merupakan salah satu udang dari 100 jenis udang paneid yang memiliki nilai komersial penting dalam perikanan tangkap *Penaeus mergueinsis* termasuk dalam klasifikasi udang *Penaeid* yang komoditasnya menjadi sasaran utama. Perlu adanya upaya pelestarian untuk menjaga populasi dari udang putih tersebut. Identifikasi spesies secara molekuler diperlukan untuk meminimalisir kesalahan pada identifikasi morfologi. Kesalahan yang biasa terjadi pada saat identifikasi morfologi adalah fenomena fauna kriptik, yaitu dua atau lebih spesies berbeda yang diklasifikasikan sebagai spesies tunggal karena kemiripan morfologinya (Bickford *et al.*, 2006). Fenomena fauna kriptik biasa ditemukan pada biota akuatik (Arlyza *et al.*, 2013).

Pada penelitian sebelumnya telah ditemukan kegunaan DNA barcode untuk penemuan spesies atau pembeda spesies selain dengan melihat morfologi (Taufiq-Spj *et al.*, 2021; Agung *et al.*, 2022). Teknik DNA barcoding dapat digunakan sebagai pendekatan pertama untuk membatasi taksa untuk variasi mana dalam spesies. Menurut Packer *et al.* (2009), DNA barcode sebagai pendeteksian unit-unit yang terpisah secara genetik, sangat memudahkan penemuan perbedaan morfologis di antara spesies yang kemungkinan tidak akan dikenali selama beberapa dekade atau lebih. Pendekatan barcode DNA yang didasarkan pada variasi urutan antara spesies penanda gen standar sekitar 650 pasangan basa dari mitokondria cytochrome oxidase subunit I (COI) untuk hewan (dengan beberapa pengecualian) telah dikembangkan. banyak digunakan untuk melengkapi alat tradisional yang ada untuk pengelolaan dan konservasi (Hebert *et al.*, 2003).

Perairan Seklenting merupakan kawasan muara Sungai Wedung yang berdekatan dan terlindungi oleh Tanjung Menco. Sementara perairan Babalan di kecamatan yang sama, merupakan perairan yang lebih terbuka di laut Jawa. Dari kedua ciri perairan tersebut masih banyak aktifitas nelayan yang melakukan penangkapan ikan, udang, kepiting, loligo, maupun jenis kekerangan. Hasil penelitian sebelumnya (Agung *et al.*, 2022) masih ditemukan 3 family dan 6 species udang. Sementara penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi hasil tangkapan Udang Putih yang berasal dari perairan Seklenting dan Babalan, Kecamatan Wedung, Kabupaten Demak secara genetik dengan identifikasi sekuen DNA.

MATERI DAN METODE

Materi penelitian ini menggunakan sampel udang putih yang diambil dari perairan Seklenting dan Babalan. Sampel dan penelitian dilakukan pada bulan Oktober 2021 dan selesai pada bulan Desember 2021.

Penelitian ini dilakukan melalui 6 tahapan yaitu *Sampling*, ekstraksi DNA, amplifikasi DNA, elektroforesis, sekuensing dan analisis data. Lokasi pengambilan sampel dilakukan dengan dibantu nelayan setempat yang mengarahkan di wilayah muara perairan Demak, yaitu Dusun Seklenting dan Desa Babalan. Tahapan-tahapan penelitian dilakukan sebagai berikut: (1) Pengambilan sampel dilakukan pada siang hari menggunakan alat tangkap trammel net atau lebih dikenal oleh warga setempat disebut wangkong. Jumlah sampel yang diambil sebanyak 43 individu Udang Putih yang kemudian dimasukkan dalam tube berukuran 50 ml yang sudah berisi etanol 96% agar DNA sampel tidak rusak. Sampel yang diberi tagging atau nomor ID untuk membedakan antara satu sampel dengan lainnya. Tube berisikan udang dimasukan kedalam box sampel dan disimpan pada suhu ruangan (Hubert *et al.*, 2008). (2) Ekstraksi DNA dilakukan menggunakan chelex 10%. Metode chelex

digunakan karena memiliki metode yang efisien dan mengurangi kemungkinan terjadinya sample to sample contamination (Sutrisno *et al.*, 2013). Jaringan udang yang digunakan yaitu daging yang diambil dari bagian abdomen atau ruas pertama bagian atas (Purnamasari *et al.*, 2016). Sampel daging dimasukan dalam tube yang berisi chelex 10% dan kemudian divortex selama 10-15 detik. Sampel yang telah di vortex dipanaskan menggunakan heating block selama 45 menit dengan suhu 95° C. Setelah pemanasan, sampel divortex kembali selama 10-15 detik kemudian di mikrosentrifus dengan kecepatan 1000 rpm $\pm$ 1 menit untuk mengendapkan jaringan sampel dalam larutan Chelex (Hubert *et al.*, 2008). (1) Amplifikasi DNA dilakukan menggunakan alat thermocycler atau lebih dikenal dengan alat PCR. Proses amplifikasi dilakukan secara berulang sebanyak 36 siklus yang terdiri dari proses predenaturation 80°C selama 10 menit, pemisahan DNA utas ganda (denaturation) pada suhu 94°C selama 30 detik, penempelan primer (annealing) pada suhu 50°C selama 30 detik, pemanjangan segmen DNA (extention) pada suhu 72°C selama 45 detik, dan post extention 72°C selama 5 menit (Joko *et al.*, 2011). (2) Proses elektroforesis membantu untuk Bergeraknya muatan DNA dari kutub – (negatif) ke + (positif) yang berfungsi memisahkan, mengidentifikasi, dan memurnikan fragmen DNA sehingga dapat terlihat kualitas DNA dari produk PCR. Media sampel DNA dapat terlihat menggunakan alat transluminator Gel-doc dengan munculnya pita DNA sesuai target (Hubert *et al.*, 2008). (3) Produk PCR yang telah diuji dengan proses elektroforesis kemudian masuk pada tahap proses sekuensing. Proses ini dilakukan untuk memperoleh urutan basa nukleotida. Hasil PCR digunakan merupakan sampel yang memenuhi syarat seperti sampel single band, tidak smear dan panjang basa cukup. Metode yang digunakan adalah metode Sanger Dideoxy Sequencing di PT. Genetika Science Indonesia. (4) Hasil yang didapat dari proses sekuensing di analisis dengan menggunakan software MEGA11 (Molecular Evolutionary Genetic Analysis). Analisis dilakukan dengan melakukan perbandingan antara sekuen sampel udang putih dengan sekuen DNA pada database DNA. Proses pelacakan database menggunakan internet dengan menggunakan program pelacakan database Basic Local Alignment Search Tool (BLAST) pada National Center for Biotechnology Information, National Institute for Health, USA (www.ncbi.nlm.nih.gov) dengan memperhatikan nilai *identify dan query cover* (Hubert *et al.*, 2008).

Pembuatan pohon Filogenetik menggunakan metode *Neighbor joining tree* dengan Kimura-2 parameter dan nilai bootstrap pengulangan 1000x. Spesies *Scylla olivacea* ditambahkan sebagai *outgroup* karena mempunyai perbedaan morfologi dan nukleotida yang signifikan. Penambahan outgroup pada pembuatan pohon filogenetik berfungsi sebagai faktor pembeda dan pembandingan terhadap seluruh spesies yang dihasilkan pada hasil blast (Wulansari *et al.*, 2015).

HASIL DAN PEMBAHASAN

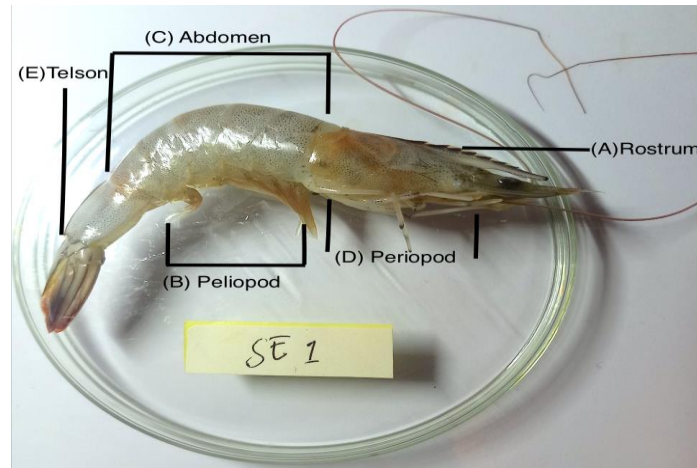
Pengamatan secara morfologis dengan mengamati bentuk tubuh, pola warna dan ciri-ciri tertentu berdasarkan Buku Pedoman Identifikasi Udang oleh Saputra (2008). Ciri morfologi dari 20 sampel udang dari Sekelenting dan 20 dari Babalan teridentifikasi hanya 1 jenis spesies udang yakni *Penaeus merguensis*.

Seperti yang disampaikan oleh Aditya *et al.* (2022), bahwa udang putih (*Penaeus merguensis*) memiliki tubuh berwarna putih dan ketika masih segar berwarna semi-transparan. Udang putih memiliki bercak berwarna coklat muda di sekujur tubuhnya. Udang ini memiliki jumlah rostrum atas sejumlah 7-8 gigi dengan rostrum bawah berjumlah 4-5 gigi, sesuai dengan yang tertera dalam buku identifikasi oleh Carpenter & Niem (1998). Hal itu dapat terlihat pada hasil identifikasi morfologi bahwa udang memiliki warna semi transparan dan memiliki bercak kecokelatan pada tubuhnya (Gambar 1). Tubuh udang terdiri dari menjadi 2 bagian yaitu, bagian depan dan bagian belakang. Bagian depan disebut kepala, yang terdiri dari bagian kepala dan dada (*cephalothorax*). Sementara bagian belakang, terdiri dari perut (abdomen) dan ekor (telson). Seluruh anggota badan terdiri dari ruas-ruas (segmen) yang keseluruhannya berjumlah 19 ruas, bagian *cephalothorax* terdiri dari kepala 5 ruas dan dada 8 ruas, serta bagian perut 6 ruas (Takeda *et al.*, 2000).

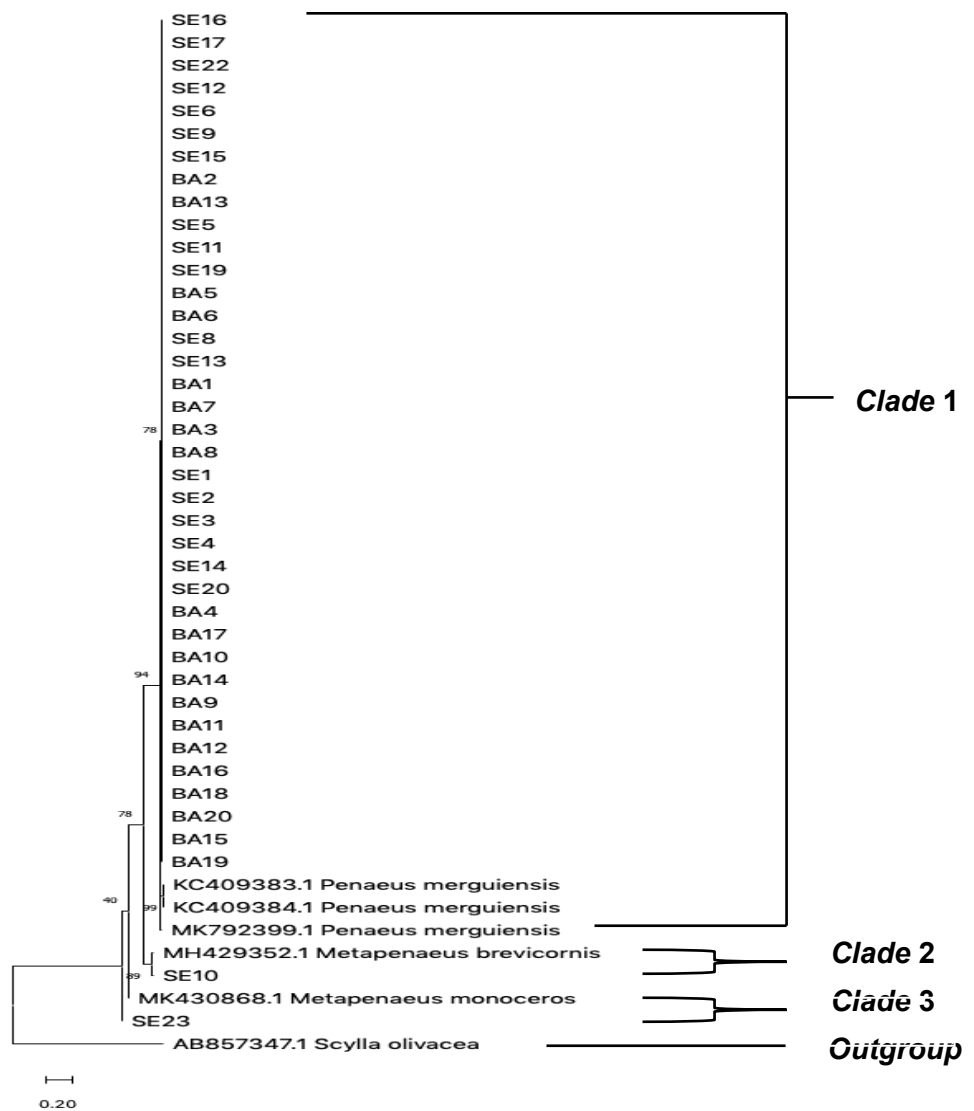
Analisis BLAST diperlukan sebagai proses identifikasi untuk mengetahui jenis spesies dan tingkat kemiripan dari setiap sample yang ada. Analisa ini dilakukan dengan cara membandingkan

Tabel 1. Hasil BLAST Sampel Udang Putih

No	Kode Sampel	Nama Hasil BLAST	Panjang Sekuen (Bp)	Nomor Akses	Ident (%)	Query Cover (%)
Sklentingan						
1.	Se1	<i>Penaeus merguensis</i>	664	MT876653.1	99.85	100
2.	Se2	<i>Penaeus merguensis</i>	667	MT876653.1	99.10	98
3.	Se3	<i>Penaeus merguensis</i>	673	MT876653.1	98.95	98
4.	Se4	<i>Penaeus merguensis</i>	677	MT876653.1	98.67	100
5.	Se5	<i>Penaeus merguensis</i>	679	MT876653.1	100	97
6.	Se6	<i>Penaeus merguensis</i>	687	MT876653.1	99.12	95
7.	Se8	<i>Penaeus merguensis</i>	674	MT876653.1	99.85	98
8.	Se9	<i>Penaeus merguensis</i>	800	MT178524.1	96.90	93
9.	Se10	<i>Metapenaeus brevicornis</i>	718	MT438424.1	88.29	89
10.	Se11	<i>Penaeus merguensis</i>	711	MT876653.1	88.39	99
11.	Se12	<i>Penaeus merguensis</i>	681	MT876653.1	99.85	98
12.	Se13	<i>Penaeus merguensis</i>	667	MT876653.1	99.70	100
13.	Se14	<i>Penaeus merguensis</i>	674	MT876653.1	99.70	100
14.	Se15	<i>Penaeus merguensis</i>	700	MT876653.1	99.56	96
15.	Se16	<i>Penaeus merguensis</i>	678	MT876653.1	99.56	98
16.	Se17	<i>Penaeus merguensis</i>	678	MT876653.1	99.41	98
17.	Se19	<i>Penaeus merguensis</i>	704	MT876653.1	99.56	96
18.	Se20	<i>Penaeus merguensis</i>	678	MT876653.1	99.70	98
19.	Se22	<i>Penaeus merguensis</i>	699	MT876653.1	99.26	96
20.	Se23	<i>Metapenaeus monoceros</i>	693	MK430868.1	98.39	98
Babalan						
21.	Ba1	<i>Penaeus merguensis</i>	676	MT876653.1	100	98
22.	Ba2	<i>Penaeus merguensis</i>	702	MT876653.1	99.56	96
23.	Ba3	<i>Penaeus merguensis</i>	677	MT876653.1	99.85	98
24.	Ba4	<i>Penaeus merguensis</i>	678	MT876653.1	99.85	100
25.	Ba5	<i>Penaeus merguensis</i>	678	MT876653.1	99.85	100
26.	Ba6	<i>Penaeus merguensis</i>	678	MT876653.1	100	100
27.	Ba7	<i>Penaeus merguensis</i>	699	MT876653.1	99.56	96
28.	Ba8	<i>Penaeus merguensis</i>	704	MT876653.1	99.12	96
29.	Ba9	<i>Penaeus merguensis</i>	678	MT876653.1	100	100
30.	Ba10	<i>Penaeus merguensis</i>	678	MT876653.1	99.70	100
31.	Ba11	<i>Penaeus merguensis</i>	678	MT876653.1	100	100
32.	Ba12	<i>Penaeus merguensis</i>	701	MT876653.1	100	95
33.	Ba13	<i>Penaeus merguensis</i>	699	MT876653.1	100	95
34.	Ba14	<i>Penaeus merguensis</i>	700	MT876653.1	99.70	95
35.	Ba15	<i>Penaeus merguensis</i>	709	MT876653.1	99.12	95
36.	Ba16	<i>Penaeus merguensis</i>	714	MT876653.1	99.56	94
37.	Ba17	<i>Penaeus merguensis</i>	702	MT876653.1	99.7	95
38.	Ba18	<i>Penaeus merguensis</i>	706	MT876653.1	99.56	96
39.	Ba19	<i>Penaeus merguensis</i>	698	MT876653.1	99.41	96
40.	Ba20	<i>Penaeus merguensis</i>	706	MT876653.1	99.56	96



Gambar 1. Identifikasi Morfologi Udang Putih (*Penaeus merguensis*)



Gambar 2. Pohon Filogenetik Sampel Udang *P. merguensis*, *M. monoceros*, *M. brevicornis* (Metode *Neighbor-joining tree*, model *Kimura 2-parameter* metode bootstrap 1000 pengulangan).

hasil sequeuns dengan sequens yang ada pada NCBI. Berdasarkan hasil BLAST, dimana sampel dari Sekelenting terdapat 3 spesies berbeda yang teridentifikasi yaitu *Penaeus merguensis*, *Metapenaeus brevicornis* dan *Metapenaeus monoceros*. Sementara sample dari Babalan hanya teridentifikasi *Penaeus merguensis* (Tabel 1). Dari hasil ini terbukti bahwa metode morphometri belum dapat menjawab secara pasti kebenaran dari identifikasi species, walaupun dari sisi phaenotipicnya terlihat sama.

Hasil BLAST menunjukkan panjang basa tiap sampel yang bervariasi antara 664-800 bp (Tabel 1). Hal tersebut sudah sesuai dengan Hubert *et al.* (2008), bahwa pasangan basa pada udang adalah ± 650 bp untuk marka gen COI. Adanya perbedaan panjang pasangan basa dapat disebabkan oleh pemakaian jumlah sampel yang berbeda, sehingga hasil panjang basa pada sekuens juga berbeda (Madduppa *et al.*, 2016). Hasil BLAST menunjukkan 3 spesies yaitu *Penaeus merguensis* sebanyak 38 sampel dengan persentase (88,39-100%), *Metapenaeus brevicornis* sebanyak 1 sampel dengan persentase 88,29%, dan *Metapenaeus monoceros* sebanyak 1 sampel dengan persentase 98,39%. Menurut Stackebrandt & Goebel (1994), sampel yang identik pada tingkat spesies adalah yang memiliki nilai persentase identitas diatas 97,5%. Pada ketiga sampel udang menghasilkan nilai *query cover* berdasarkan panjang nukleotida dengan database sebesar 89-100%. Tingkat kemiripan hasil BLAST terhadap *database GenBank* dapat dipengaruhi oleh panjang fragmen basa nukleotida pada sekuen yang dimiliki serta adanya data pembandingan yang cukup pada *GenBank*.

Hasil pohon filogenetik yang terbentuk menunjukkan terdapat adanya tiga kelompok yang terbagi menjadi 3 *clade*. Pada *clade* 1 merupakan kelompok suku terbesar spesies *Penaeus merguensis* dari Sekelenting maupun Babalan. *clade* teridentifikasi *Metapenaeus monoceros* dan *clade* 3 teridentifikasi *Metapenaeus brevicornis* yang di temukan di muara Sekelenting. Menurut Ochieng *et al.* (2007), Pohon filogenetik tersusun atas nodus-nodus dan percabangan. Masing-masing nodus menggambarkan proses spesiasi selama terjadinya evolusi. Nodus-nodus ujung mewakili data yang dibandingkan (*operational taxonomic units*), sedangkan nodus internal melambangkan unit nenek moyang (*hypothetical taxonomic unit*). Karakter yang sangat mirip akan berdekatan di dalam percabangan. Nilai pada bagian atas garis horizontal menunjukkan tingkat kepercayaan cabang. *Clade* 1 menunjukkan nilai kepercayaan cabang antara 78-99% dan memiliki garis pecabangan yang cukup dekat antar sampel menunjukkan adanya beberapa karakter yang sangat mirip di setiap sampelnya. *Clade* 2 dan 3 memiliki nilai tingkat kepercayaan cabang sebesar 40-89% dan memiliki jarak cabang cukup dekat, hal tersebut dikarenakan hanya terdapat 1 sampel pada setiap *clade* tersebut.

KESIMPULAN

Berdasarkan hasil penelitian sampel Udang Putih menggunakan gen COI mtDNA didapatkan 3 spesies udang di perairan Sekelenting, yaitu *Penaeus merguensis*, *Metapenaeus brevicornis*, *Metapenaeus monoceros* dan 1 spesies udang di perairan Babalan, yaitu *Penaeus merguensis*. Jarak genetik terdekat yaitu 18% untuk *M. brevicornis* dan *M. Monoceros*, sementara jarak genetik terjauh 21% untuk *M. brevicornis* dan *P. merguensis*.

DAFTAR PUSTAKA

- Agung, A. R., Taufiq-Spj, N., & Azizah, R. 2022. Spesies Udang yang Ditemukan di Perairan Desa Menco, Wedung, Demak. *Journal of Marine Research*, 11(4): 706-714.
- Arlyza, I.S., Shen, K.N., Solihin, D.D., Soedharma, D., Berrebi, P., & Borsa, P., 2013. Species boundaries in the Himantura uarnak species complex (Myliobatiformes: Dasyatidae). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 66: 429–435.
- Bickford, D., Lohman, D.J., Sodhi, N.S., Ng, P.K.L., Meier, R., Winkler, K., Ingram, K.K., & Das, I., 2006. Cryptic species as a window on diversity and conservation. *Ecology and Evolution*, 22: 148- 155.
- Carpenter, K.E. & Niem, V.H. 1998. FAO Species Identification Guide for Fishery Purpose. The

- Living Marine Resources of The Western Central Pasific Volume 2. Chepalopods, Crustaceans, Holothurians and Shark, FAO, Rome.
- Hebert, P.D.N., Cywinska, A., Ball, S.L., & De Waard, J.R. 2003. Biological Identification Through Dna Barcodes. *Proceedings of The Royal Society of London. Series B, Biological Science*, 270: 313-322.
- Hubert, N., Hanner, R., Holm, E., Mandrak, N.E., & Taylor, E. 2008. Identifying Canadian Freshwater Fishes Through Dna Barcodes. *Plos One*, 3(6): E2490. DOI: 10.1371/journal.pone.0002490.
- Joko, T., Kusumandari, N., & Hartono, S. 2011. Optimasi Metode Pcr Untuk Deteksi *Pectobacterium Carotovorum*, Penyebab Penyakit Busuk Lunak Anggrek. *Jurnal Perlindungan Tanaman Indonesia*, 17(2): 54-59.
- Madduppa, H., Ayuningtyas, R.U., Subhan, B. & Arafat, D. 2016. Exploited But Unevaluated: Dna Barcoding Reveals Skates and Stingrays (Chordata, Chondrichthyes) Species Landed in The Indonesia Fish Market. *Ilmu Kelautan*, 21(2): 77-84. DOI: 10.14710/ik.ijms.21.2.77-84.
- Ochieng, J.W., Muigai, A.W., & Ude, G.N., 2007. Phylogenetics In Plant Biotechnology: Principles, Obstacles and Opportunities for The Resource Poor. *African Journal of Biotechnology*, 6(6): 639-649
- Packer, L., Gibbs, J., Sheffield, C., & Hanner, R. 2009. DNA Barcoding and the Mediocrity of Morphology. *Molecular Ecology Resources*, 9: 42-50.
- Purnamasari, L., Farajallah, A., & Wowor, D. 2016. Application of Dna Barcode in Determination of Shrimp Species of Fresh Water from The Province of Jambi. *Biocencetta*, 2(1): 50-59.
- Saputra, S.W. 2008. Pedoman Identifikasi Udang (Subordo Macrura Natantia). Universitas Diponegoro. Semarang.
- Selvia, I.D., Lestari, F., & Susiana, S. 2019. Kajian Stok Udang Putih (*Penaeus merguensis*) Di Perairan Senggarang Kota Tanjungpinang. *Jurnal Akuatiklestari*, 2(2): 20-30.
- Stackebrandt E., & Goebel, B.M., 1994 Taxonomic Note: A Place for DNA-DNA Reassociation And 16s Rrna Sequence Analysis in the Present Species Definition in Bacteriology. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 44: 846-849.
- Sutrisno, I.K., Arundina, I., & Sosiawan, A. 2013. Identifikasi Bite Marks Dengan Ekstraksi Dna Metode Chelex. *Dental Jurnal*, 46(2): 107-112.
- Takeda, M., Rahayu, K.D.L. & Aswandy, I. 2000. Prawns and Crabs in Field Guide to Lombok Island. (K. Matsura, O.K. Sumadhiharga and K.Tsukamoto, eds). Ocean Research Institute. University of Tokyo. Tokyo.
- Wulansari, N., Nurilmala, M., & Nurjanah, N. 2015. Detection tuna and processed products-based protein and DNA barcoding. *Jurnal Pengolahan Hasil Perikanan Indonesia*, 18(2): 119-127.