

**Molekuler Filogenetik *Cerithidea anticipata* (Iredale, 1929) (Molluska: Gastropoda)**  
(*Molecular Phylogenetic of Cerithidea anticipata. Iredale, 1929. Mollusk: Gastropod*)

Dandi Saleky<sup>1)\*</sup>, Sendy Lely Merly<sup>1</sup>

<sup>1)</sup> Jurusan Manajemen Sumberdaya Perairan, Universitas Musamus Merauke, Indonesia

\*Email : [dandi@unmus.ac.id](mailto:dandi@unmus.ac.id)

**Abstract**

Species identification is very important and an important part of bioecological studies, so phylogenetic studies of *Cerithidea anticipata* (Iredale, 1929) was conducted in September 2020 to identify *C. anticipata* (Iredale, 1929) based on DNA barcoding techniques. Samples of *C. anticipata* (Iredale, 1929) were collected from the mangrove ecosystem of Payum Merauke Beach Papua (Indonesia), where the genes used were primary COI Gene forward LCO1490 and reverse HCO2198. The result of DNA amplification obtained DNA sequence length of 660 bp, then based on the identification of Basic Local Alignment Search Tools (BLAST) obtained a similarity level of 98.42% and phylogenetic reconstruction showed the existence of grouping based on the degree of similarity and genetic distance between populations.

*Keywords: Cerithidea anticipata; COI genes; DNA barcoding; phylogenetics*

**Abstrak**

Identifikasi spesies sangat penting dilakukan dan menjadi bagian penting dalam studi bioekologi, sehingga kajian filogenetik *Cerithidea anticipata* (Iredale, 1929) telah dilakukan pada bulan September 2020 dengan tujuan untuk mengidentifikasi *C. anticipata* (Iredale, 1929) berdasarkan teknik DNA barcoding. Sampel *C. anticipata* (Iredale, 1929) dikoleksi dari ekosistem mangrove Pantai Payum Merauke Papua (Indonesia), dimana gen yang digunakan adalah Gen COI primer forward LCO1490 dan reverse HCO2198. Hasil dari amplifikasi DNA diperoleh panjang sekuen DNA 660 bp, kemudian berdasarkan identifikasi Basic Local Alignment Search Tools (BLAST) diperoleh tingkat kemiripannya 98.42% dan rekonstruksi filogenetiknya memperlihatkan adanya pengelompokan berdasarkan tingkat kemiripan maupun jarak genetik antar populasi.

Kata kunci: *Cerithidea anticipata*; Gen COI; DNA barcoding; filogenetik

**PENDAHULUAN**

Gastropoda Potamidae merupakan kelompok gastropoda yang sangat melimpah dan hidup pada ekosistem mangrove (Ratsimbazafy and Kochzius, 2018). Lebih dari 25 spesies gastropoda Potamidae melimpah pada ekosistem mangrove (Reid et al., 2008) yang penyebarannya sangat dipengaruhi oleh kondisi fisik-kimia perairan, substrat dasar dan juga kondisi microhabitat (Saleky et al., 2019; Syahrial et al., 2020).

Mempelajari taksonomi suatu spesies haruslah secara holistik baik dalam

identifikasi ataupun dalam mendeskripsikan suatu spesies, dan mempelajari taksonomi tidak dapat dipisahkan dari hubungan evolusi (Decraemer and Backeljau, 2015). Perubahan lingkungan dan berbagai faktor ekologi lainnya cenderung dapat merubah bentuk morfologi organisme benthik seperti gastropoda (Samsi et al., 2019). Perubahan morfologi cangkang dapat menyebabkan terjadinya kesalahan identifikasi, yang mana morfologi cangkang menjadi alat penting yang berguna dalam identifikasi, taksonomi moluska dan ekologi (Lacerda et al., 2011). Banyaknya kesalahan identifikasi akibat kesamaan morfologi membuat

identifikasi dengan teknik DNA barcoding menjadi sangat penting untuk dilakukan (Leatemia et al., 2018; Saleky et al., 2020a).

Organisme laut memiliki penyebaran yang sangat dipengaruhi oleh berbagai faktor seperti arus laut, pengaruh iklim, hidrodinamika dan topografi pesisir (Maes and Volckaert, 2002; Saleky et al., 2016). Keberadaan organisme laut juga sangat dipengaruhi oleh kondisi ekosistem, rusaknya ekosistem dapat memicu kepunahan spesies (Kusuma et al., 2016). Mempertahankan dan memulihkan ekosistem dapat dilakukan melalui konservasi genetik yang diawali dengan DNA barcoding (Ardura et al., 2010).

Salah satu gen yang dapat digunakan sebagai penanda genetik dalam studi molekuler untuk mempelajari karakteristik genetik antar spesies maupun antar individu adalah Gen COI (Folmer et al., 1994). Gen COI digunakan dalam berbagai studi seperti identifikasi spesies (Leatemia et al., 2018; Saleky et al., 2020b), evolusi organisme (Weigand et al., 2013), filogenetik (Plazzi et al., 2011), filogeografi (Zou et al., 2012) dan studi lainnya.

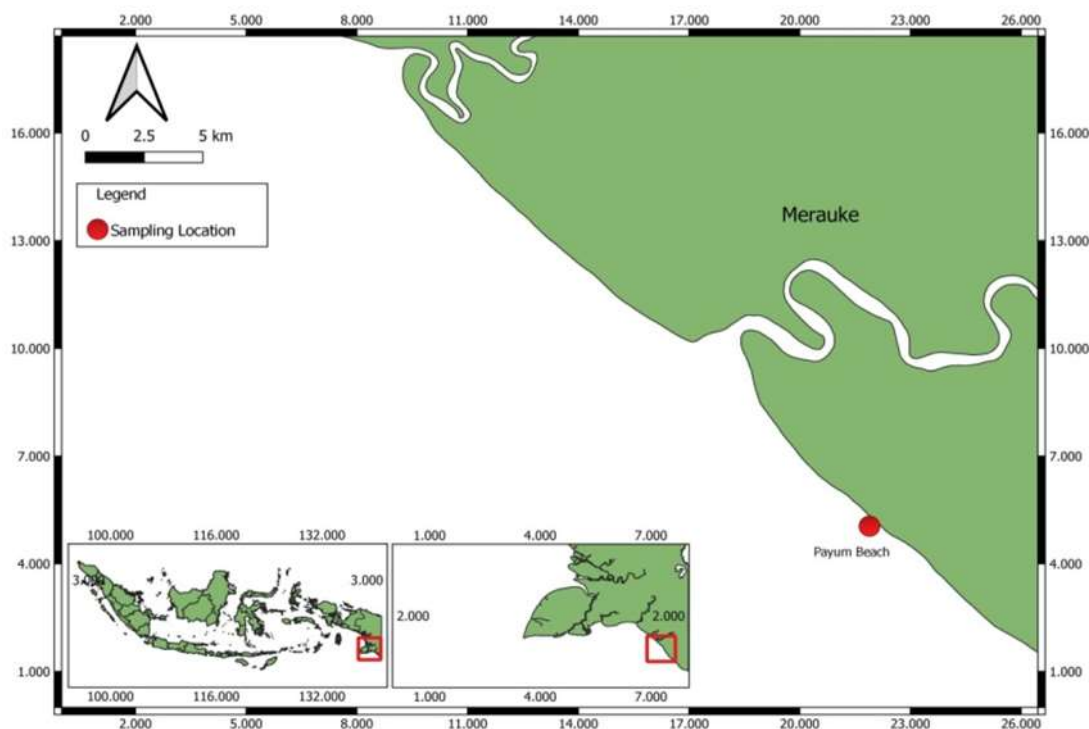
Sumberdaya gastropoda laut sangat melimpah pada ekosistem mangrove di

sepanjang pesisir kota Merauke (Merly and Elviana, 2017; Sianturi and Saleky, 2020). Gastropoda tersebut memiliki fungsi sangat penting baik secara ekologi ataupun secara ekonomi (Syahrial et al., 2018). Banyak spesies gastropoda dengan berbagai bentuk dan ukuran membuat identifikasi dengan morfologi menjadi sulit dilakukan sehingga identifikasi dengan pendekatan DNA barcoding sangat penting untuk dilakukan. Data yang dihasilkan dapat menjadi dasar pengelolaan sumberdaya secara lestari.

## METODE PENELITIAN

### Koleksi sampel

Sampel gastropoda *Cerithidea sp.* dikoleksi pada ekosistem mangrove Pantai Payum Merauke (Gambar 1). Sampel yang dikoleksi kemudian diidentifikasi secara morfologi menggunakan buku identifikasi Gastropoda Indonesian Shells I (Dharma, 1988) dan Recent & Fossil Indonesian Shell (Dharma, 2005). Sampel jaringan (tissue) untuk analisis DNA diambil dari jaringan kaki perut gastropoda kemudian disimpan dan diawetkan menggunakan etanol 96%.



Gambar 1. Lokasi penelitian *Cerithidea anticipata* di Pantai Payum Merauke

### Analisis molekuler

Proses Isolasi DNA dilakukan dengan menggunakan larutan chelex 10% (Walsh et al., 2013). Amplifikasi DNA menggunakan Teknik polymerase chain reaction (PCR) dengan primer forward LCO1490 dan primer reverse HCO2198 (Folmer et al., 1994). Hasil PCR kemudian dielektroforesis menggunakan gel agarosa 1%, buffer TBE dengan tegangan 100 volt selama 30 menit dilanjutkan dengan visualisasi menggunakan UV transluminator. Sekuensing dilakukan dengan mengirim produk PCR ke lembaga 1st Base Malaysia.

### Analisis Data

Sekuens DNA *Cerithidea sp.* yang diperoleh dari perusahaan jasa sekuensing

kemudian dialignment dengan metode ClustalW (1.6) (Kumar et al., 2016) dalam program MEGA (Molecular Evolutionary Genetic Analysis) 6 (Tamura et al., 2013). Data sekuen DNA dibandingkan dengan data GenBank pada 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

*Cerithidae sp.* menggunakan metode Neighbor-Joining (NJ) (Saitou and Nei, 1987) dengan model Kimura 2-parameter, nilai bootstrap 1000x.

Tabel 1. Sekuen DNA yang digunakan dalam rekonstruksi filogenetik termasuk lokasi, nomor akses dari National Center for Biotechnology Information (NCBI)

No	Spesies	Lokasi	Acc. No	Sumber
1	<i>Cerithidea anticipata</i>	Darwin Harbour, Australia	AM932761	(Reid et al., 2008)
2	<i>Cerithidea anticipata</i>	Darwin Harbour, Australia	AM932762	(Reid et al., 2008)
3	<i>Cerithidea ornate</i>	Panglao, Filipina	AM932768	(Reid et al., 2008)
4	<i>Cerithidea sinensis</i>	China	AB219355	(Kojima et al., 2006)
5	<i>Cerithidea sinensis</i>	China	JX026452	(Kojima et al., 2006)
6	<i>Cerithidea rhizophorarum</i>	Jepang	AB219333	(Kojima et al., 2006)
7	<i>Cerithidea rhizophorarum</i>	Jepang	AB219332	(Kojima et al., 2006)
8	<i>Cerithidea djadjariensis</i>	Jepang	AB219301	(Kojima et al., 2006)
9	<i>Cerithidea djadjariensis</i>	Jepang	AB219299	(Kojima et al., 2006)
10	<i>Cerithidea cingulata</i>	Jepang	AB219286	(Kojima et al., 2006)
11	<i>Cerithidea cingulata</i>	Jepang	AB219285	(Kojima et al., 2006)
12	<i>Cerithidea charbonnieri</i>	Thailand	HE680204	(Reid et al., 2008)
13	<i>Cerithidea charbonnieri</i>	Thailand	HE680203	(Reid et al., 2008)
14	<i>Cerithidea decollata</i>	Mozambic	JX026452	(Madeira et al., 2012)
15	<i>Cerithidea decollata</i>	Mozambic	JX026452	(Madeira et al., 2012)
16	<i>Cassidula angulifera</i>	Quensland Australia	HQ660015	(Dayrat et al., 2011)

## HASIL DAN PEMBAHASAN

### Identifikasi Morfologi

Identifikasi jenis berdasarkan karakter morfologi, gastropoda yang dikoleksi adalah jenis *Cerithidea sp.* (Gambar 2). Akibat kesamaan morfologi menyebabkan identifikasi dilakukan hanya sampai pada tingkat genus. Kesulitan identifikasi spesies gastropoda sering muncul dalam mempelajari cangkang moluska, terutama pada gastropoda. Fenomena tersebut terjadi sebagai akibat modifikasi beberapa karakter cangkang atas morfologi tipikalnya. Beberapa struktur varian cangkang yang sering dijumpai misalnya pewamaan, struktur tambahan

rigi (ridge), ataupun mereduksinya beberapa karakter. Kasus modifikasi tersebut dapat berakibat pada kesalahan intepretasi dan identifikasi (Karyanto and Indrowati, 2004).

*Cerithidea sp.* umumnya ditemukan pada ekosistem mangrove dan sering dijumpai pada akar dan juga batang mangrove. *Cerithidea sp.* yang dikoleksi terdistribusi dan melimpah pada ekosistem mangrove di pesisir pantai Payum Merauke yang didominasi oleh spesies mangrove *Avicennia alba*, *Rhizophora stilosa*, *Aegiceras lunuata*, *Aegiceras lunuata* dan *Cerriops tagal*. Keberadaan ekosistem mangrove sangatlah penting dalam

menjaga keseimbangan iklim global, perlindungan pantai dan juga bermanfaat bagi nelayan Syahrial et al., 2020). Selain itu hutan mangrove juga menjadi tempat tumbuh organisme, tempat mencari makan dan berkembang biak bagi biota laut maupun pesisir (Buwono et al., 2019).

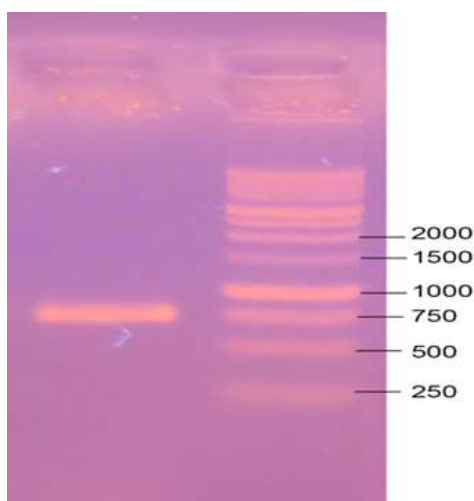
### Karakter molekuler

Identifikasi morfologi berdasarkan morfologi seringkali menemui kendala

sehingga diperlukan teknik identifikasi secara cepat, tepat dan akurat dengan menggunakan sekuen DNA (Lahaye et al., 2008). Hasil identifikasi dengan menggunakan BLAST (Basic local Alignment Search Tool) pada NCBI, sekuen yang dianalisis adalah *Cerithidea anticipata* dengan tingkat kemiripan 98.42 % dengan simililaris tertinggi dengan sekuen AM932760. Panjang sekuen DNA yang diperoleh adalah 660 bp (Gambar 3).



Gambar 2. Morfologi *Cerithidea sp.* yang dikoleksi dari Pantai Payum Merauke



Gambar 3. Hasil amplifikasi gen COI *Cerithidea anticipata*

Komposisi basa DNA sebanyak 660 bp dengan komposisi basa Timin (38.2%), Cytosin (18.9 %), Adenin (23.4%), dan Guanin (19.5%). Komposisi basa Adenin dan Timin sebesar 61.6 % sedangkan komposisi Cytosin dan Guanin sebesar 38.4 %. Berdasarkan analisis keragaman haplotype dari 3 sampel *C. anticipata* yang dianalisis, ditemukan 3 haplotipe yaitu 1 haplotype *C. anticipata* asal Merauke dan 2 haplotype *C. anticipata* asal Australia

dengan 37 mutasi titik. Jumlah haplotype sangat dipengaruhi oleh jumlah sampel yang dianalisis, kemungkinan jumlah haplotype akan bertambah dengan bertambahnya jumlah sampel yang dianalisis (Saleky et al., 2020b).

### Jarak Genetik dan Filogenetik

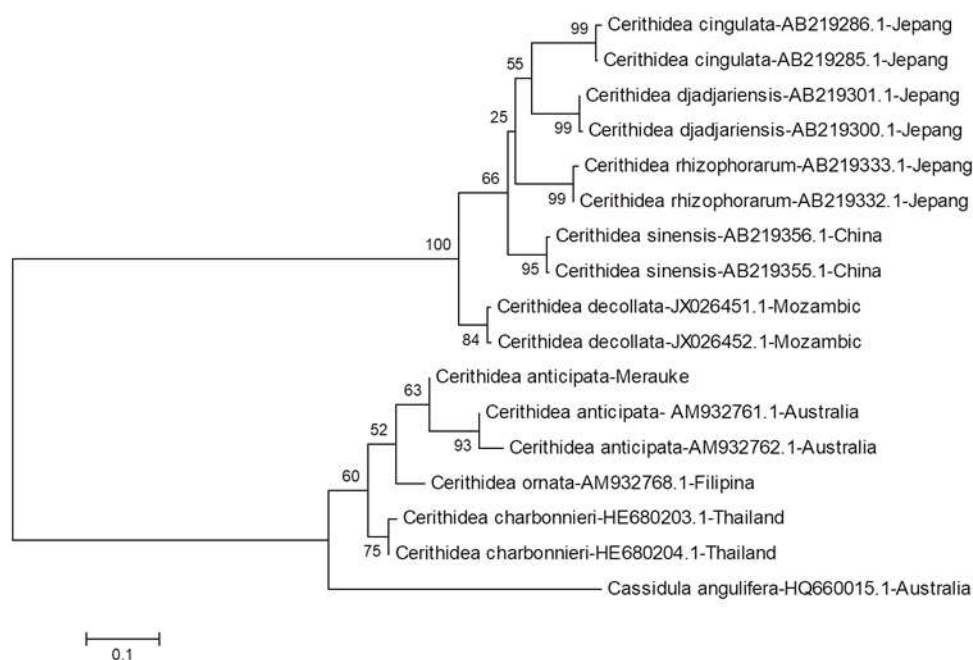
Filogenetik merupakan klasifikasi secara taksonomi spesies berdasarkan sejarah evolusi, analisis yang dilakukan

berdasarkan analisis sekuen DNA spesies. Semakin mirip sekuen DNA suatu spesies maka jarak genetik semakin kecil sebaliknya semakin berbeda sekuen DNA suatu spesies maka jarak genetiknya semakin besar. Jarak genetik gastropoda *C. anticipata* asal Merauke memiliki jarak genetik yang sangat rendah dengan

gastropoda *C. anticipata* asal Australia dengan jarak genetik 0.057 dan 0.060. Nilai jarak genetik tersebut sangat kecil dan kurang dari 2 %. Jarak genetik genetik kurang dari 2 % dapat dikatakan merupakan spesies yang sama (Cai et al., 2016; Ward, 2009).

Tabel 1. Jarak genetik *C. anticipata* dengan beberapa spesies yang diambil dari GenBank

No	Spesies	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1	<i>Cerithidea anticipata</i> -Merauke		*	*	*	*	*	*	*	*	*
2	<i>Cerithidea anticipata</i> -Australia	0.057		*	*	*	*	*	*	*	*
3	<i>Cerithidea anticipata</i> -Australia	0.060	0.009		*	*	*	*	*	*	*
4	<i>Cerithidea ornata</i> -Filipina	0.109	0.120	0.123		*	*	*	*	*	*
5	<i>Cerithidea cingulata</i> -Jepang	1.397	1.497	1.608	1.487		*	*	*	*	*
6	<i>Cerithidea rhizophorum</i> -Jepang	1.303	1.416	1.513	1.301	0.190		*	*	*	*
7	<i>Cerithidea djadjariensis</i> -Jepang	1.369	1.466	1.574	1.317	0.160	0.187		*	*	*
8	<i>Cerithidea sinensis</i> -China	1.222	1.312	1.336	1.247	0.189	0.145	0.154		*	*
9	<i>Cerithidea charbonnieri</i> -Thailand	0.137	0.125	0.133	0.119	1.369	1.287	1.249	1.217		*
10	<i>Cerithidea decollata</i> -Mozambic	1.262	1.247	1.317	1.284	0.200	0.179	0.193	0.210	1.186	
11	<i>Cassidula angulifera</i> -Australia	0.495	0.501	0.501	0.465	1.703	1.661	1.572	1.514	0.503	1.426



Gambar 4. Rekonstruksi filogenetik *C. anticipata* menggunakan metode Neighbor-Joining (NJ) dengan model Kimura 2-parameter, bootstrap 1000 replikasi. Angka di setiap cabang menunjukkan nilai bootstrap yang diperoleh.

Hasil analisis jarak genetik (Tabel 1) sangat berpengaruh terhadap pohon filonetik yang terbentuk. Hubungan jarak genetik berkaitan dengan rekonstruksi pohon filogenetik (Suriana et al., 2019).

Rekonstruksi filogenik dilakukan untuk menganalisis hubungan evolusi dan kekerabatan antar individu dalam spesies yang sama spesies ataupun antar spesies

spesies yang berbeda (Leatemala et al., 2018).

Rekonstruksi pohon filogenetik (Gambar 4) membentuk grafik dua dimensi yang menunjukkan hubungan kekerabatan spesies *C. anticipata* asal Merauke dengan sampel gastropoda lainnya yang diambil dari Genbank. Pohon filogenetik membentuk 2 clade utama yang mana *C. anticipata* asal Merauke tergabung dalam 1 clade bersama *C. anticipata*, *C. ornata* dan *C. charbonnieri*. Clade ke 2 terdiri atas *C. cingulata*, *C. djadjariensis*, *C. rhizophorarum*, *C. sinensis* dan *C. decollate*. Membentuknya clade dari sekelompok spesies didukung oleh nilai jarak genetik. Spesies dengan jarak genetik yang dekat cenderung membentuk clade tersendiri. Semakin jauh jarak genetik maka semakin terpisah spesies tersebut. Karakteristik molekuler baik jarak genetik dan filogenetik yang dimiliki spesies laut sangat dipengaruhi oleh perubahan historis dalam lingkungan laut, misalnya, heterogenitas geografis yang disebabkan oleh isolasi geografis, faktor oseanografi dan jarak antar populasi (Kojima et al., 2006). Variasi keanekaragaman genetik sangat penting yang membuat suatu populasi dapat beradaptasi terhadap perubahan yang terjadi di lingkungan sekitar disebabkan oleh adanya (Dharmayanti 2011).

### KESIMPULAN

Hasil identifikasi dengan DNA barcoding, spesies yang dianalisis adalah *Cerithidea anticipata* dengan tingkat kemiripan 99.53% dengan jarak genetik terdekat sebesar 0.003. rekonstruksi filogenetik, masing-masing spesies terpisah berdasarkan jenis dengan nilai bootstrap yang tinggi. Keseluruhan sekuen *Cassidula sp.* yang dianalisis membentuk kelompok monofiletik yang berarti berasal dari tetua yang sama.

### UCAPAN TERIMA KASIH

Penulis menyampaikan terima kasih kepada Universitas Musamus yang telah memberikan dana penelitian melalui DIPA Internal Skim Penelitian Dosen Pemula

tahun 2020 dengan Nomor kontrak 177.6/UN52.8/LT/2020.

### DAFTAR PUSTAKA

- Ardura, A., Linde, A.R., Moreira, J.C., Garcia-Vazquez, E., 2010. DNA barcoding for conservation and management of Amazonian commercial fish. *Biol. Conserv.* 143, 1438–1443. <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2010.03.019>
- Buwono, N.R., Mahmudi, M., Sabtaningsih, S.O., 2019. Analisis Daya Cerna Pakan Alami pada Larva Ikan Koi. *Indones. Green Technol. J.* 11–16. <https://doi.org/10.21776/ub.igtj.2019.008.01.03>
- Cai, Y., Zhang, L., Wang, Y., Liu, Q., Shui, Q., Yue, B., Zhang, Z., Li, J., 2016. Identification of deer species (Cervidae, Cetartiodactyla) in China using mitochondrial cytochrome c oxidase subunit I (mtDNA COI). *Mitochondrial DNA Part A DNA Mapping, Seq. Anal.* 27, 4240–4243. <https://doi.org/10.3109/19401736.2014.1003919>
- Dayrat, B., Conrad, M., Balayan, S., White, T.R., Albrecht, C., Golding, R., Gomes, S.R., Harasewych, M.G., de Frias Martins, A.M., 2011. Phylogenetic relationships and evolution of pulmonate gastropods (Mollusca): New insights from increased taxon sampling. *Mol. Phylogenet. Evol.* 59, 425–437. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2011.02.014>
- Decraemer, W., Backeljau, T., 2015. Utility of Classical  $\alpha$ -Taxonomy for Biodiversity of Aquatic Nematodes. *J. Nematol.* 47, 1–10.
- Dharma, B., 2005. Recent and Fossil Indonesian Shells.
- Dharma, B., 1988. Siput dan Kerang Indonesia (Indonesian Shells I).pdf. Buku.
- DHARMAYANTI, N.L.P.I., 2011. Filogenetika Molekuler: Metode

- Taksonomi Organisme Berdasarkan Sejarah Evolusi. *WARTAZOA* 21, 1–10.
- 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, 294–299.
- Karyanto, P., Indrowati, M., 2004. Cangkang gastropoda ekosistem mangrove 1.
- Kojima, S., Kamimura, S., Iijima, A., Kimura, T., Kurozumi, T., Furota, T., 2006. Molecular phylogeny and population structure of tideland snails in the genus *Cerithidea* around Japan. *Mar. Biol.* 149, 525–535. <https://doi.org/10.1007/s00227-005-0183-2>
- Kumar, S., Stecher, G., Tamura, K., 2016. MEGA7: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 7.0 for Bigger Datasets. *Mol. Biol. Evol.* 33, 1870–1874. <https://doi.org/10.1093/molbev/msw054>
- Kusuma, A.B., Bengen, D.G., Madduppa, H., Subhan, B., Arafat, D., 2016. KEANEKARAGAMAN GENETIK KARANG LUNAK Sarcophyton trocheliophorum PADA POPULASI LAUT JAWA. NUSA TENGGARA DAN SULAWESI. *J. Enggano* 1, 89–96. <https://doi.org/10.31186/jenggano.1.1.89-96>
- Lacerda, L.E.M., Miyahira, I.C., Santos, S.B., 2011. Shell morphology of the freshwater snail *Gundlachia ticaga* (Gastropoda: Ancyliidae) from four sites in Ilha Grande, southeastern Brazil. *Zoologia* 28, 334–342. <https://doi.org/10.1590/S1984-46702011000300007>
- Lahaye, R., Van Der Bank, M., Bogarin, D., Warner, J., Pupulin, F., Gigot, G., Maurin, O., Duthoit, S., Barraclough, T.G., Savolainen, V., 2008. DNA barcoding the floras of biodiversity hotspots. *Proc. Natl. Acad. Sci. U. S. A.* 105, 2923–2928. <https://doi.org/10.1073/pnas.0709936105>
- Leatemia, S.P., Manumpil, A.W., Saleky, D., Dailami, M., 2018. DNA Barcode dan Molekuler Filogeni Turbo sp. di Perairan Manokwari Papua Barat. *Pros. Semin. Nas. MIPA UNIPA* 3, 103–114.
- Madeira, C., Alves, M.J., Mesquita, N., Silva, S.E., Paula, J., 2012. Tracing geographical patterns of population differentiation in a widespread mangrove gastropod: Genetic and geometric morphometrics surveys along the eastern african coast. *Biol. J. Linn. Soc.* 107, 647–663. <https://doi.org/10.1111/j.1095-8312.2012.01967.x>
- Maes, G.E., Volckaert, F.A.M., 2002. Clinal genetic variation and isolation by distance in the European eel *Anguilla anguilla* (L.). *Biol. J. Linn. Soc.* 77, 509–521. <https://doi.org/10.1046/j.1095-8312.2002.00124.x>
- Merly, S.L., Elviana, S., 2017. Korelasi sebaran gastropoda dan bahan organik dasar pada ekosistem mangrove di perairan Pantai Payum, Merauke. *Agrocola* 7, 56–67.
- Morgulis, A., Coulouris, G., Raytselis, Y., Madden, T.L., Agarwala, R., Schäffer, A.A., 2008. Database indexing for production MegaBLAST searches. *Bioinformatics* 24, 1757–1764. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btn322>
- Plazzi, F., Caregato, A., Taviani, M., Passamonti, M., 2011. Molecular phylogeny of bivalve mollusks: ancient radiations and divergences as revealed by mitochondrial genes. *PLoS One* 6.
- Ratsimbazafy, H.A., Kochzius, M., 2018. Restricted gene flow among western Indian Ocean populations of the mangrove whelk *Terebralia palustris* (Linnaeus, 1767) (Caenogastropoda: Potamididae). *J. Molluscan Stud.* 84, 163–169.

- <https://doi.org/10.1093/mollus/eyy001>
- Reid, D.G., Dyal, P., Lozouet, P., Glaubrecht, M., Williams, S.T., 2008a. Mudwhelks and mangroves: The evolutionary history of an ecological association (Gastropoda: Potamididae). *Mol. Phylogenet. Evol.* 47, 680–699. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2008.01.003>
- Reid, D.G., Dyal, P., Lozouet, P., Glaubrecht, M., Williams, S.T., 2008b. Mudwhelks and mangroves: The evolutionary history of an ecological association (Gastropoda: Potamididae). *Mol. Phylogenet. Evol.* 47, 680–699. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2008.01.003>
- Saitou, N., Nei, M., 1987. The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Mol. Biol. Evol.* 4, 406–425. <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.molbev.a040454>
- Saleky, D., Leatemia, Simon P.O Pattiasina, T.F., Isma, Rosa, P., Welliken, M.A., Melmambessy, Edy H.P Dailami, M., 2020a. ANALISIS POLA PERTUMBUHAN DAN PENDEKATAN DNA BARCODING UNTUK IDENTIFIKASI *Turbo stenogyrus* P. Fischer, 1873 (MOLLUSCA: GASTROPODA). *Biotropika - J. Trop. Biol.* 8, 79–86. <https://doi.org/10.21776/ub.biotropika.2020.008.02.03>
- 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. Sumberd. AKUATIK INDOPASIFIK* 1–10. <https://doi.org/10.30862/jsai-fpik-unipa.2019.vol.3.no.1.58>
- 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. <https://doi.org/10.13057/biodiv/d170130>
- Saleky, D., Supriyatin, F.E., Dailami, M., 2020b. Pola Pertumbuhan dan Identifikasi Genetik *Turbo setosus* Gmelin, 1791. *23*, 305–315.
- Samsi, A.N., Omar, S.B.A., Niartiningasih, A., Soekendarsi, E., 2019. Morphometric variations of *terebralia palustris linnaeus* 1967 in mangrove ecosystems. *Int. J. Sci. Technol. Res.* 8, 3787–3789.
- Sianturi, R., Saleky, D., 2020. Produksi Serasah Mangrove di Biangkuk, Kabupaten Merauke ( Litterfall Production of Mangrove in Biangkuk, Merauke Regency ) 10, 58–65.
- Suriana, S., Marwansyah, M., Amirullah, A., 2019. Karakteristik Segmen Gen sitokrom C Oksidase Subunit I (COI) Ngengat Plusia chalcites (Lepidoptera: Noctuidae). *BioWallacea J. Penelit. Biol. (Journal Biol. Res.* 6, 985. <https://doi.org/10.33772/biowallacea.v6i2.8824>
- Syahrial, Larasati, C.E., Saleky, D., Susilo, H., Wahyudi, R., 2018. BIOTA ASOSIASI PADA KAWASAN REBOISASI MANGROVE KEPULAUAN SERIBU. *J. Aceh Aquat. Sci.* 2, 48–62.
- Syahrial, M., 2019. STATUS BIOTA PENEMPEL PASCA PENANAMAN MANGROVE *Rhizophora* spp. DI KEPULAUAN SERIBU: STUDI KASUS FILUM MOLUSKA. *JFMR-Journal Fish. Mar. Res.* 3, 46–57. <https://doi.org/10.21776/ub.jfmr.2019.003.02.7>
- Syahrial, Saleky, D., Samad, A.P.A., Tasabaramo, I.A., 2020. Ekologi Perairan Pulau Tunda Serang Banten:Keadaan Umum Hutan Mangrove. *J. Sumberd. Akuatik Indopasifik* 4, 53–67.
- Tamura, K., Stecher, G., Peterson, D., Filipski, A., Kumar, S., 2013. MEGA6:



- Molecular evolutionary genetics analysis version 6.0. *Mol. Biol. Evol.* 30, 2725–2729. <https://doi.org/10.1093/molbev/mst197>
- Walsh, P.S., Metzger, D.A., Higuchi, R., 2013. Chelex 100 as a medium for simple extraction of DNA for PCR-based typing from forensic material. *Biotechniques* 54, 506–513.
- Ward, R.D., 2009. DNA barcode divergence among species and genera of birds and fishes. *Mol. Ecol. Resour.* 9, 1077–1085. <https://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2009.02541.x>
- Weigand, A.M., Jochum, A., Slapnik, R., Schnitzler, J., Zarza, E., Klusmann-Kolb, A., 2013. Evolution of microgastropods (Ellobioidea, Carychiidae): integrating taxonomic, phylogenetic and evolutionary hypotheses. *BMC Evol. Biol.* 13, 18. <https://doi.org/10.1186/1471-2148-13-18>
- Zou, S., Li, Q., Kong, L., 2012. Multigene barcoding and phylogeny of geographically widespread muricids (Gastropoda: Neogastropoda) along the coast of China. *Mar Biotechnol* 14.