



Keragaman Genetik Antar Individu Bulu Babi (*Tripneustes gratilla*) di Pantai Rendani Kabupaten Manokwari

Genetic Diversity Between Individual Sea Urchins (*Tripneustes gratilla*) on Rendani Beach, Manokwari Regency

Wahyuma Firda¹, Abdul Hamid A. Toha^{1,2*}, Mudjirahayu¹, dan Muhammad Dailami³

¹ Jurusan Perikanan, Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan, Universitas Papua, Jalan Gunung Salju, Amban, Manokwari, Papua Barat, 98314, Indonesia;

² Program Studi Doktor Ilmu Pertanian, Program Pascasarjana, Universitas Papua, Jalan Gunung Salju, Amban, Manokwari, Papua Barat, 98314, Indonesia;

³ Program Studi Budidaya Perairan, Departemen Manajemen Sumberdaya Perikanan dan Kelautan, Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan, Universitas Brawijaya, Jalan Veteran, Malang, Jawa Timur, 65145, Indonesia;

* Korespondensi: h.toha@unipa.ac.id;

Abstrak: Memahami keragaman genetik bulu babi sangat penting untuk mempelajari keragaman spesies dan hubungan genetik di antara spesies dan individu. Tujuan utama penelitian ini adalah untuk menentukan keragaman genetik bulu babi dari Perairan Rendani, Kabupaten Manokwari. Secara khusus, penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi spesies bulu babi, menilai keragaman dan komposisi nukleotidanya, mengukur jarak genetik, dan mengeksplorasi hubungan kekerabatan antara individu bulu babi. Penelitian menggunakan metode deskriptif dan dilaksanakan pada November-Desember 2022. Identifikasi spesies berdasarkan analisis genetik menunjukkan bahwa delapan sampel adalah spesies *Tripneustes gratilla*, dengan tingkat kemiripan sebesar 99,20-100,00% dengan spesies referensi. Keragaman genetik di antara masing-masing sampel ditemukan relatif rendah. Komposisi nukleotida menunjukkan kandungan GC rata-rata sebesar 39,34-40,34%, lebih rendah dari kandungan AT (53,87-60,66%). Jarak genetik antar sampel berkisar antara 0,00 sampai dengan 0,07. Pohon filogenetik yang dibangun dari data tersebut mengelompokkan semua sampel menjadi dua klaster dengan nilai *bootstrap* 62/54.

Kata kunci: bulu babi, genetik, Manokwari, *T. gratilla*

Abstract: Understanding the genetic diversity of sea urchins is essential for studying species diversity and the genetic relationships among species and individuals. The primary objective of the research was to determine the genetic diversity of sea urchins from Rendani Waters, Manokwari Regency. Specifically, the study aimed to identify the species of sea urchins, assess their nucleotide diversity and composition, measure genetic distances, and explore the kinship relationships between individual sea urchins. The research used a descriptive method and was conducted from November to December 2022. The species identification, based on genetic analysis, revealed that all samples belonged to *T. gratilla*, with a 99.20-100.00% similarity to the reference species. Genetic diversity among individual samples was found to be relatively low. The nucleotide composition showed an average GC content of 39.34-40.34%, which was lower than the AT content (53.87-60.66%). The genetic distance between the samples ranged from 0.00 to 0.07. A phylogenetic tree, constructed from the data, grouped all samples into two clusters with bootstrap values of 62/54.

Keywords: genetic, Manokwari, sea urchins, *T. gratilla*

PEER Review Process

Disubmit: 21/01/2025

Direview: 12/02/2025

Direvisi: 20/02/2025

Diterima: 20/02/2025

Diterbitkan: 28/02/2025

Doi: 10.64283/jotdiverse.2025.1(1):7

Sitasi: Firda, M, Toha, A.H.A, Mudjirahayu, dan Dailami, M. (2025). Keragaman Genetik Antar Individu Bulu Babi (*Tripneustes gratilla*) di Pantai Rendani Kabupaten Manokwari. *Jurnal of Tropical Diversity*. 1(1): 56-63, doi: [https://doi.org/10.64283/jotdiverse.2025.1\(1\):7](https://doi.org/10.64283/jotdiverse.2025.1(1):7)



Copyright: © 2025 by the authors.

This work is licensed under a

Creative Commons Attribution-

ShareAlike 4.0 International License

(CC BY SA)

(<https://creativecommons.org/licenses/by-sa/4.0/>)

1. Pendahuluan

Manokwari merupakan salah satu Kabupaten di Provinsi Papua Barat yang terletak pada 0°15'- 3°25'LS dan 132°, 035'-134, 045'BT (BPS, 2014). Luas wilayahnya ± 4.650,32 km² dengan luas laut 6.000 mil persegi. Kabupaten ini memiliki sumber daya perairan yang potensial (Randongkir et al. 2018) dan memiliki berbagai jenis ikan dan non ikan (DKP Kabupaten Manokwari, 2014). Salah satu sumber daya non ikan yang ada di perairan Manokwari adalah berbagai jenis bulu babi yang dapat dimanfaatkan untuk berbagai keperluan (Haurissa et al., 2021, Toha et al., 2012).

Bulu babi termasuk ke dalam filum Echinodermata kelas Echinoidea. Keanekaragaman tinggi hewan ini banyak ditemukan di zona intertidal. Bulu babi merupakan salah satu spesies yang berperan penting bagi komunitas terumbu karang, sebagai pengendali populasi mikroalga yang menempati area tertentu bersama-sama dengan terumbu karang (Suryanti et al., 2017). Bulu babi secara ekologi memiliki fungsi sebagai pemakan detritus, pemakan partikel- partikel kecil dan penyeimbang di ekosistem terumbu karang (Suryanti et al., 2020). Gonad bulu babi juga dimanfaatkan sebagai bahan makanan yang memiliki nilai gizi tinggi (Nasrulah et al., 2018). Bulu babi dikenal sebagai kunci untuk menjaga keseimbangan bagi terumbu karang akan tetapi jika kondisi terumbu karang buruk, maka akan mempengaruhi predator dan meningkatkan pertumbuhan bulu babi dengan sangat tinggi karena terumbu karang yang hampir punah dan sudah rusak, oleh karena ketersediaan makanan berkurang bulu babi yang dikenal sebagai hewan nocturnal (aktif di malam hari) dapat berubah sifatnya akan mencari makan pada siang dan malam hari.

Penelitian mengenai keragaman genetik pada bulu babi juga pernah dilakukan oleh Nomleni et al., (2021) di Perairan Pantai Desa Lambakara, Sumba Timur Nusa Tenggara Timur (NTT) dan Abidin et al., (2021) juga melakukan penelitian mengenai filogenetik Bulu Babi *Tripneustes gratilla* di perairan Wasior dan Serui. Penelitian mengenai bulu babi juga pernah dilakukan di beberapa perairan intertidal di Kabupaten Manokwari seperti di Pantai Syornabo (Haris, 2021) dan di Pantai Aipiri, Pantai Arfai dan Pantai Syornabo (Haurissa et al., 2021). Meskipun demikian, penelitian mengenai keragaman genetik bulu babi *T. gratilla* tergolong masih terbatas. Pengetahuan keragaman genetik bulu babi sangat penting untuk mempelajari keanekaragaman spesies dan hubungan kekerabatan antar spesies dan antar individu dalam satu spesies. Tujuan penelitian ini untuk mendeskripsikan jenis bulu babi, menentukan keragaman nukleotida bulu babi, menentukan komposisi nukleotida bulu babi, menentukan jarak genetik bulu babi, dan menentukan hubungan kekerabatan antar individu bulu babi asal perairan Rendani Kabupaten Manokwari.

2. Materi dan Metode

Penelitian dilakukan pada November-Desember 2022 di Perairan Pantai Rendani Kabupaten Manokwari dan di Laboratorium Brainy Bee Malang. Pengambilan sampel bulu babi *T. gratilla* berdasarkan metode deskriptif menggunakan teknik purposive sampling. Sampel yang dianalisis sebanyak 6-10 individu. Jaringan sampel yang diambil adalah bagian duri atau gonad bulu babi. Jaringan sampel diawetkan dalam tabung sampel mengandung alkohol 75 – 95 %. Sampel yang diperoleh dibawa ke Laboratorium Brainy Bee Malang. Isolasi DNA genom sampel dilakukan dengan menggunakan metode KIT : Genomic DNA Mini Kit Animal Tissue (GENE AID). Kemudian proses PCR meliputi pre-denaturasi pada suhu 94°C selama 3 menit, diikuti 35 siklus yang terdiri dari denaturasi pada 94°C selama 30 detik, annealing pada 50°C selama 30 detik dan tahap extension pada 72°C selama 45 detik. Hasil PCR selanjutnya dilakukan proses elektroforesis untuk memisahkan, mengidentifikasi dan mempurifikasi fragmen DNA. Produk PCR yang telah dipurifikasi selanjutnya dilanjutkan dengan melakukan pengurutan nukleotida (sequencing).

Data DNA hasil sequencing dilakukan penjajaran (alignment) dan pengeditan dengan berbagai perangkat lunak (software) terutama MEGAX. Semua urutan nukleotida DNA mitokondria bulu babi dianalisis dengan berbagai perangkat lunak tersebut untuk memenuhi tujuan penelitian. Identifikasi spesies bulu babi secara genetik dilakukan

melalui BLASTN (*Basic Local Aligment Search Tools Nucleotide*) (Zheng, et al., 2000, Morgulis, et al., 2008). Keragaman genetik dalam bentuk komposisi nukleotida, jarak genetik, dan pohon filogenetik dianalisis menggunakan MEGAX.

3. Hasil dan Pembahasan

3.1. Identifikasi Spesies

Identifikasi spesies berdasarkan pendekatan genetik dilakukan pada hasil sekuensing. Hasil identifikasi ditampilkan pada Tabel 1.

Tabel 1. Jenis Bulu Babi Berdasarkan Pendekatan Genetiknya

Sampel	Spesies	Persentase kemiripan	Kode akses	Referensi
1.	<i>Tripneustes gratilla</i>	100,00	IX661098.1	Casilagan and Ackiss (2012)
2.	<i>Tripneustes gratilla</i>	100,00	IX661098.1	Casilagan and Ackiss (2012)
3.	<i>Tripneustes gratilla</i>	99,83	IX661166.1	Casilagan and Ackiss (2012)
4.	<i>Tripneustes gratilla</i>	100,00	NC_034770.1	Jung et al. (2014)
5.	<i>Tripneustes gratilla</i>	99,20	NC_034770.1	Jung et al. (2014)
6.	<i>Tripneustes gratilla</i>	100,00	NC_034770.1	Jung et al. (2014)
7.	<i>Tripneustes gratilla</i>	100,00	NC_034770.1	Jung et al. (2014)
8.	<i>Tripneustes gratilla</i>	99,84	NC_034770.1	Jung et al. (2014)

Tabel 2 menunjukkan semua sampel teridentifikasi sebagai *Tripneustes gratilla* dengan persentase kemiripan 99,20-100,00 persen dengan spesies rujukan. Identifikasi spesies dengan teknik DNA barcoding telah banyak dilakukan menggunakan gen sitokrom oksidase sub unit I (COI). Hal yang sama juga dilakukan oleh Toha et al., 2015, 2022 untuk identifikasi bulu babi *T. gratilla* asal Teluk Cenderawasih Papua. Identifikasi spesies menggunakan gen COI ini juga dilakukan pada ikan *Cirrhitilabrus cf. ryukyuensis* (Dailami et al., 2018), ikan famili *Poeciliidae* (Rahayu et al., 2019), ikan genus *Lutjanus* (Pranata et al. 2024), lobster *Panulirus versicolor* (Pranata et al., 2020). Gen COI merupakan gen yang banyak digunakan dalam analisis pohon filogenetik, sejarah evolusi, maupun genetika populasi (Dailami et al., 2018).

Spesies *T. gratilla* memiliki bentuk tubuh bulat seperti bola dengan diameter tubuh berkisar antara 50 – 70 mm, berwarna belang hitam dan hijau. Variasi warna pada spesies ini berfungsi sebagai upaya kamuflase melawan predator untuk bertahan hidup dan berkembang biak. Jenis ini termasuk jenis bulu babi regularia karena posisi anus berada pada sisi aboral dan mulut pada sisi oral. Memiliki duri tumpul, kecil kisaran panjang 2 – 4 mm dan tidak beracun sehingga dapat disentuh dengan tangan langsung. Duri babi atau *T. gratilla* memiliki cangkang berwarna ungu tua-coklat, warna duri dominan berwarna putih, coklat muda, jingga abu-abu kemerahan dan warna hitam terdapat pada bagian tubuh yang berwarna hijau (Magfuroh, 2021).

3.2. Keragaman Nukleotida

Meskipun termasuk dalam satu spesies delapan individu bulu babi tersebut memiliki perbedaan nukleotida yang disajikan pada Tabel 2.

Tabel 2. Perbedaan sisi nukleotida antar bulu babi *T. gratilla*

Sampel	Sisi Nukleotida			
	337	385	409	448
1	G	G	T	T
2	G	G	T	T
3	G	A	C	T
4	G	A	T	T

Sampel	Sisi Nukleotida			
	337	385	409	448
5	A	G	T	T
6	G	A	T	T
7	G	A	T	T
8	G	A	T	C

Perbedaan nukleotida delapan sampel bulu babi terjadi pada empat titik (sisi) mutasi (masing-masing 337, 385, 409, dan sisi 448). Bulu babi yang mengalami mutasi masing-masing bulu babi spesies ke 3, 4, 5, 6, 7, 8 sementara dua bulu babi lain (sampel 1 dan 2) tidak mengalami mutasi. Jumlah sisi mutasi ini lebih rendah dibandingkan dengan temuan pada ikan *Cirrhitilabrus cf ryukyuensis* (8 sisi mutasi) (Dailami et al, 2018) dan ikan famili *Poeciliidae* (10 sisi mutasi) (Rahayu et al, 2019).

Jenis mutasi ke-6 bulu babi adalah mutasi transisi yaitu perubahan antar purin (G $\rightarrow$ A atau A $\rightarrow$ G) atau antar pirimidin (T $\rightarrow$ C atau C $\rightarrow$ T). Mutasi transisi lebih sering dan mudah terjadi dibandingkan mutasi transversi. Hasil penelitian ini menunjukkan bahwa kedelapan mutasi merupakan mutasi transisi, yakni antara nukleotida adenilat dan guanilat, serta nukleotida sitidilat dan timidilat. Hal ini disebabkan oleh adanya kemungkinan kesalahan pasangan dalam molekul DNA (Graur & Li, 2000).

Meskipun mengalami mutasi, translasi nukleotida ke asam amino tidak berbeda. Dengan demikian perubahan nukleotida melalui mutasi transisi tidak mengubah asam amino yang diterjemahkan. Delapan sampel memiliki asam amino yang sama. Pada dasarnya, mutasi dapat terjadi secara alami dan terjadi akibat adanya faktor eksternal. Mutasi alami terjadi karena radiasi ataupun adanya kesalahan penyalinan molekul DNA pada saat terjadi replikasi DNA, sedangkan mutasi akibat faktor eksternal terjadi karena radiasi ataupun adanya paparan bahan kimia. Meskipun dalam tubuh terdapat sistem perbaikan DNA, peristiwa mutasi masih terjadi dan terkadang masih terakumulasi dan terbawa sampai generasi berikutnya. Mutasi-mutasi tersebut yang akan mengakibatkan adanya evolusi (Toha, 2011).

3.3 Komposisi Nukleotida

Perbedaan juga terlihat pada komposisi nukleotida masing-masing bulu babi *T. gratilla* dapat dilihat pada Tabel 3.

Tabel 3. Komposisi Nukleotida Bulu Babi Di Perairan Rendani Manokwari

Sampel	T(U) %	C%	A%	G%	Total
1	32,89	21,16	27,60	18,35	605
2	32,89	21,16	27,60	18,35	605
3	32,89	21,16	27,77	18,18	605
4	32,90	21,07	27,71	18,31	617
5	32,32	21,18	27,55	18,95	628
6	31,71	20,83	27,95	19,51	533
7	32,90	21,17	27,69	18,24	614
8	32,95	21,48	27,54	18,03	610
Rata-rata	32,70	21,15	27,67	18,48	602

Berdasarkan komposisi nukleotida tabel di atas diketahui bahwa sampel 1-8 memiliki T(U) 31,71- 32,95, C 20,83- 20,48, A 27,54-27,95 dan nukleotida G 18,03-19,51 persen. Panjang nukleotida sampel bulu babi penelitian bervariasi antara 533-628 pb (pasang basa). Menurut Akhmaloka (1993), ada beberapa hal yang menyebabkan terjadinya penyimpangan yaitu, karena guanin (G) dan sitosin (C) atau adenin (A) dan timin (T) tidak berada dalam jumlah yang ekimolar.

Rata-rata komposisi GC (39,34-40,34) lebih rendah daripada A-T (53,87-60,66). Persentase GC merupakan kandungan basa G (guanin) dan C (sitosin) yang dapat mempengaruhi T_m suatu primer dan ikatan antar untai pada DNA. Kandungan GC yang dianjurkan berkisar antara 40% sampai 60%. Kandungan GC tinggi akan mempersulit pemisahan rantai untai ganda pada primer dan DNA template. Suatu primer yang memiliki kandungan GC rendah tidak akan mampu untuk menempel secara efektif pada target sehingga akan terjadi penurunan efisiensi proses PCR (Handoyo & Ari, 2001).

Komposisi nukleotida merupakan bagian pada DNA dan RNA yang dapat terlibat dalam pemasangan basa, utamanya adalah sitosin, guanin, adenin, timin (DNA) dan urasil (RNA) secara berurutan disingkat C, G, A, T, dan U yang dalam genetika basa nukleotida tersebut biasanya hanya disebut sebagai basa N (memiliki gugus amina yang beratom nitrogen) yang komposisinya sesuai dengan hasil sekuensing yang dilakukan (Hamida dan Taher 2019). Beberapa karakter nukleotida dapat digunakan sebagai simple diagnostic nucleotide (sND). Dengan menggunakan karakter tersebut untuk mendeskripsikan beberapa karakter yaitu shared nucleotide site (ND) atau attribute character (CA) karakter ini banyak digunakan karena keberadaan basa nucleotida diagnostic merupakan syarat utama dalam identifikasi spesies menggunakan DNA Barcoding (Rahayu et al, 2019).

Data tersebut memberikan gambaran bahwa terdapat variasi pada tingkat nukleotida walaupun perbedaannya tidak terlalu besar, atau dapat dikatakan hampir seragam. Tetapi hal ini memberikan bukti bahwa antar individu dalam spesies yang sama pun memiliki perbedaan.

3.4. Jarak Genetik

Rata-rata jarak genetik antar individu bulu babi perairan Manokwari berkisar 0,002 %. Nilai jarak genetic yang kurang dari 2% menunjukkan bahwa terdapat spesies yang berbeda dengan anggota lainnya, sebaliknya nilai jarak genetik kurang dari 3%, menunjukkan grup atau klaster tersebut berasal dari spesies yang sama atau satu jenis (Rahayu et al., 2019). Pada Tabel 4 dijelaskan bahwa jarak genetik di antara kedelapan sampel berkisar antara 0,002-0,007. Jarak genetik ini menunjukkan tingkat kekerabatan setiap sampel dan data Genebank.

Tabel 4. Jarak Genetik Individu Bulu Babi Di Perairan Rendani Manokwari

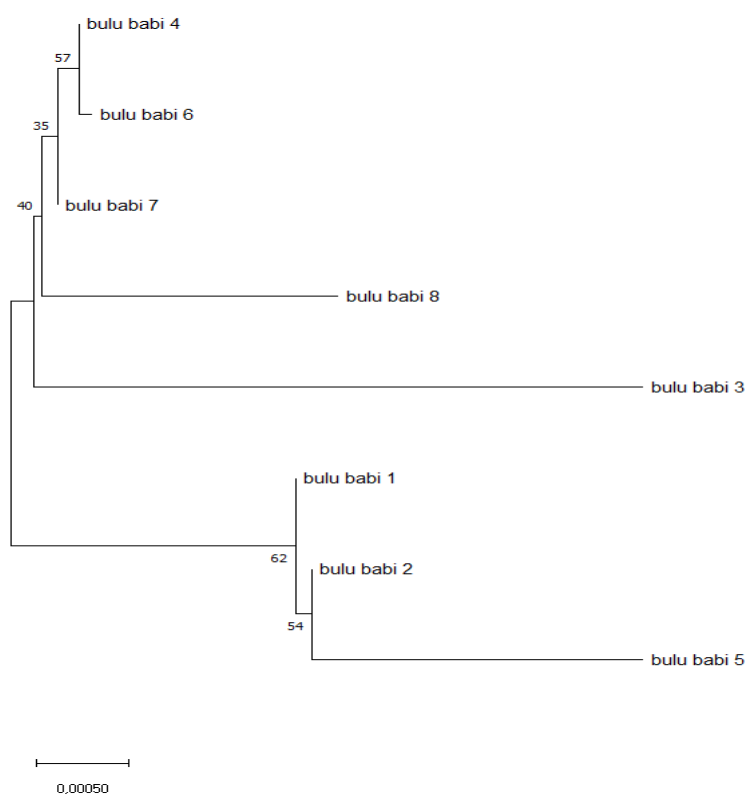
Sampel	1	2	3	4	5	6	7	8
1								
2	0,000							
3	0,005	0,005						
4	0,002	0,002	0,003					
5	0,002	0,002	0,007	0,005				
6	0,002	0,002	0,004	0,000	0,004			
7	0,002	0,002	0,003	0,000	0,003	0,000		
8	0,003	0,003	0,005	0,002	0,005	0,002	0,002	

Jarak genetik adalah selisih genetik antara spesies atau antara populasi dalam satu spesies tertentu yang diukur dengan berbagai parameter di mana jarak genetik yang kecil menunjukkan hubungan genetik yang dekat dan sebaliknya, jarak genetik yang besar menunjukkan hubungan genetik yang jauh. Jarak genetik dapat digunakan untuk membandingkan persamaan genetik antara spesies yang berbeda. Dapat diartikan

bahwa semua jenis sampel adalah spesies yang sama dengan basa nukleotida yang tinggi di antaranya dan memiliki keragaman yang tinggi.

3.5. Hubungan Genetik

Hubungan kekerabatan antara sampel dengan kerabat dekatnya (GenBank) dianalisis menggunakan metode Neighbor joining (NJ) dengan model perhitungan K2P (bootstrap 1000 kali ulangan). Berdasarkan gambar pada pohon filogenetik yang terbentuk terbagi atas dua klaster besar. Klaster pertama terbagi atas sampel 4, 6, 7, 8, dan 3 dengan nilai bootstrap 40/35/57, sedangkan kelompok kedua dengan sampel 1, 2, dan 5 dengan nilai bootstrap 62/54. Dapat dikatakan bahwa pengelompokan tersebut memiliki tingkat kesamaan yang tinggi.



Gambar 1. Pohon Filogenetik bulu babi *T. gratilla* di Perairan Pantai Rendani Manokwari

Filogenetik dibedakan menjadi dua yaitu, filogenetik berdasarkan data molekuler dan filogenetik yang berdasarkan data morfologi. Dari kedua filogenetik tersebut, filogenetik molekuler lebih akurat menggambarkan hubungan kekerabatan dibanding karakter morfologi atau fisiologi karena berdasarkan data urutan nukleotida. Dimana, hal tersebut sesuai dengan Moritz (1996), yang menyatakan bahwa karakter molekuler merupakan sumber yang kaya untuk analisis filogenetik spesies. Selain itu juga dengan sistematika molekuler dapat dipahami dengan baik tentang sejarah biogeografi dan proses pembentukan populasi (Avice, 1994).

Filogenetik suatu gen atau organisme biasanya digambarkan dalam bentuk pohon dan akar. Di filogenetik itu ada 3 hal: 1) hubungan genetik (satu kelompok/clade punya hubungan genetik dekat), 2) waktu evolusi (paling revolusioner adalah paling panjang cabangnya atau paling kanan), 3) kekayaan genetik (paling kaya adalah kelompok yang berisi gabungan beberapa clade dengan cabang yang banyak). Dimana yang mempunyai

akar dikenal dengan pohon akar (rooted trees) dan yang tidak mempunyai akar dikenal dengan pohon tanpa akar (unrooted trees) (Holmes, 1998). Untuk merekonstruksi filogenetik dari data molekuler diperlukan metode pendekatan. Terdapat dua metode yang umum digunakan, yaitu metode matriks jarak (distance matrix methods) dan metode parsimony maksimum (maximum parsimony methods) (Irma et al., 2005).

4. Kesimpulan

Berdasarkan temuan penelitian ini menunjukkan spesies kedelapan sampel adalah spesies *T. gratilla* yang kemiripan antara 99,20-100,00 persen dengan spesies rujukan. Keragaman genetik antar individu sampel *T. gratilla* tergolong rendah, komposisi nukleotida dengan jumlah sisi nukleotida yang termutasi (empat sisi) dengan rata-rata komposisi GC (39,34-40,34) lebih rendah dari pada AT (53,87-60,66). Jarak genetik antar individu *T. gratilla* antara 0,00-0,07. Berdasarkan pohon filogenetik diketahui bahwa seluruh sampel membentuk dua kelompok dengan nilai bootstrap 62/54 yang berarti memiliki tingkat kepercayaan yang rendah.

5. Ucapan Terimakasih

Penelitian ini adalah bagian dari penelitian fundamental yang dibiayai oleh DIKTI kepada Abdul Hamid A. Toha. Terima kasih atas bantuan dana penelitian yang telah membuat penelitian ini terlaksana dengan baik.

Daftar Pustaka

- Abidin, N., Moge, R., Binur, R.. (2021). Filogenetik Bulu Babi *Tripneustes gratilla* menggunakan Sitokrom Oksidase Subunit 1. Jurusan Pendidikan Biologi STIKIP Muhammadiyah. Jurusan FMIPA. Manokwari. Vol 5. No. 3. 162.
- Akhmaloka. (1993). Struktur dan Fungsi Asam Nukleat. Institut Teknologi Bandung. Bandung BPS. 2014. Kabupaten Manokwari dalam Angka 2014. Badan Pusat Statistik Kabupaten Manokwari.
- Avise, J., S. (1994). Why Employ Molecular Genetic Markers? In Molecular Markers, Natural History and Evolution. Chapman-Hall. 5-14.
- Dailami, M., Santi, D., Murtihapsari, Abubakar, H., & Toha, AHA. (2018). Genetic analysis of cytochrome oxidase sub unit 1 gene fragment from *Cirrhitilabrus cf. ryukyuensis* (Labridae) from Cenderawasih Bay and Raja Ampat. Jurnal Iktiologi Indonesia, 18(3), 209-222.
- DKP Kabupaten Manokwari. (2014). Dinas Kelautan dan Perikanan Kabupaten Manokwari. Kabupaten Manokwari Dalam Angka. Badan Pusat Statiska. Kabupaten Manokwari.
- Graur, D and Li, W.H. (2000). Fundamentals of Molecular Evolution. Sinauer Associates.
- Hamida, Achmad., Taher. (2019). Karakterisasi Nukleotida Daerah Epslon 5 dan 6 Gen LDLR Penduduk Papua.
- Handoyo, Darmo & Ari Rudidatna. (2001). Prinsip Umum Dan Pelaksanaan Polymerase Chain Reaction (PCR). Pusat Studi Bioteknologi. 9 (1) : 17-29.
- Haris, I., Rahayu. (2021). Struktur Komunitas Bulu Babi (Echinoidea) Di Perairan Terumbu Karang Pulau Mansinam Kabupaten Manokwari. Skripsi. Jurusan Ilmu Kelautan. Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan. Universitas Papua.
- Haurissa, J, Lutfi, Toha AHA. (2021). Struktur komunitas Bulu Babi (echinoidea) di zona intertidal Perairan Manokwari. Jurnal Kelautan 14(2):132-142.
- Holmes, E.C. (1998). Trees in Molecular Evolution. A Phylogenetic Approach. pp. 11 36.
- Irma, E.K., Jeni dan A. H. A. Toha. (2005). Buku Ajar Biologi Molekuler. Jurusan Biologi FMIPA. Universitas Negeri Papua. Manokwari.
- Nasrullah, R. (2018). Khalayak media: Identitas, Ideologi, dan Perilaku Pada Era Digital. Bandung. Simbiosaa Rekatama.
- Nasrullah, R., Widya, S., Melissa, S. (2018). Tingkat Kematangan Gonad Bulu Babi (*Tripneustes Gratilla*). Di Pantai Ahmad Rhangmayang Kecamatan Mesjid Raya Kabupaten Aceh Besar. Jurnal Ilmiah Mahasiswa Kelautan dan Perikanan Unsyiah. 3(1), pp. 23-32.
- Nomleni, Aryok., Turnip, G., Adin, L., Afandi. (2021). Keragaman Genetik Bulu Babi *Tripneustes Gratilla* (Linnaeus, 1758) di Perairan Pantai Desa Lambakara, Sumba Timur, Nusa Tenggara Timur (NTT). Jurnal Akrab Juara. Vol. 6 No.4.
- Maghfuroh, S. (2021). Keanekaragaman dan Dominansi Bulu Babi (Echinoidea) di Pantai Pasetran Gondo Mayit Kabupaten Blitar sebagai Media Pembelajaran Biologi Berupa Booklet. Skripsi. Jurusan Tadris Biologi. Fakultas Tarbiyah dan Ilmu Keguruan. Institut Agama Islam Negeri Tulungagung.
- Moritz, C. (1992). Uses of Molecular Phylogenies for New Phylogenies. Oxford University Press. Oxford pp 203-216.
- Pranata, B., Sala, R., Kusuma, A.B., Toha, A.H.A., Purbani, D.C., Mokodongan, D.F. and Sipriyadi., (2024). Morphological Characteristics and Genetic Relationship of Red Snappers (*Lutjanus timoriensis*, *Lutjanus malabaricus*, *Lutjanus erythropterus*) in Papuan Waters. Ilmu Kelautan: Indonesian Journal of Marine Sciences, 29(2): 276-286. DOI: 10.13057/biodiv/d250132.
- Pranata, B., Toha, A.H. and Kolibongso, D., (2020). Genetic of *Panulirus Versicolor* Lobster In Cenderawasih Bay Papua And Lombok Waters West Nusa Tenggara. Jurnal Enggano Vol, 5(2), pp.249-257.

- Rahayu, Dwi A., Nugroho, Endik Deni., Listyorini, Dwi. (2019). DNA Barcoding Ikan Itroduksi Khas Telaga Sari, Kabupaten Pasuruan. *Journal of Tropical Biology*. Vol. 7 No. 2.
- Randongkir Y.E., Simatauw F, Handayani T. (2018). Aspek pertumbuhan ikan layang (*Decapterus macrosoma*) di Pangkalan Pendaratan Ikan Sanggeng Kabupaten Manokwari. *Jurnal Sumberdaya Akuatik Indopasifik* 2 (1):15-24.
- Suryanti S., Nusa, P., & Rudiyantri, S. (2020). Morfologi, Anatomi dan Indeks Ekologi Bulu Babi di Pantai Sepanjang Kabupaten Gunung Kidul Yogyakarta. *Buletin Oseanografi Marina*. Departemen Sumberdaya Perairan. Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan. Universitas Diponegoro.
- Toha, A. (2007). Keragaman Genetik Bulu Babi. Jurusan Perikanan FPPK. Universitas Negeri Papua.
- Toha, A.H.A., Ambariyanto, A., Widodo, W., Hakim, L., Sumitro, S.B. and Aminin, A.L., (2022). Genetic Diversity And Connectivity Of Sea Urchin *Tripneustes Gratilla* In Region Surrounding Cenderawasih Bay, Papua-Indonesia And Indo-Pacific. *Hayati Journal of Biosciences*, 29(2), pp.155-163.
- Toha, A.H.A., Sumitro, S.B. and Hakim, L. (2015). Color Diversity And Distribution Of Sea Urchin *Tripneustes Gratilla* In Cenderawasih Bay Ecoregion Of Papua, Indonesia. *The Egyptian Journal Of Aquatic Research*, 3(41), pp.273-278.
- Toha, A.H.A., Sumitro, S.B., Hakim L. (2012). Kondisi habitat bulu babi *Tripneustes gratilla* (Linnaeus, 1758) di Teluk Cenderawasih. *Berkala Penelitian Hayati* 17 (2): 139-145.
- Toha, A.H.A. (2019). Keragaman Genetik Bulu Babi (Echinoidea). *Biota : Jurnal Ilmiah Ilmu-Ilmu Hayati*.
- Yulianto, A., R. (2012). Pemanfaatan Bulu Babi Secara Berkelanjutan Pada Kawasan Padang Lamun. Program Studi Ilmu Lingkungan Program Pascasarjana, Universitas Indonesia.
- Zhang, Z., Schwartz, S., Wagner, L., and Miller, M. (2000). "A greedy algorithm for aligning DNA sequences", *J Comput Biol* 2000; 7(1-2):203-14.