

**KERAGAMAN GENETIK IKAN TAWES (*Barbonymus* spp.)  
DI DAERAH ALIRAN SUNGAI PROVINSI JAWA TIMUR  
(STUDI: DAERAH ALIRAN SUNGAI BENGAWAN  
SOLO, BRANTAS, DAN BARU-BAJULMATI)**

**TESIS  
PROGRAM STUDI MAGISTER  
BIOTEKNOLOGI PERIKANAN DAN KELAUTAN**



**Oleh:**

**MUTIARA RAHMAWATI  
SURABAYA - JAWA TIMUR**

**FAKULTAS PERIKANAN DAN KELAUTAN  
UNIVERSITAS AIRLANGGA  
SURABAYA  
2022**

**HALAMAN JUDUL**

**KERAGAMAN GENETIK IKAN TAWES (*Barbonymus spp.*)  
DI DAERAH ALIRAN SUNGAI PROVINSI JAWA TIMUR  
(STUDI: DAERAH ALIRAN SUNGAI BENGAWAN  
SOLO, BRANTAS, DAN BARU-BAJULMATI)**

**MUTIARA RAHMAWATI  
141914153001**

**PROGRAM STUDI MAGISTER  
BIOTEKNOLOGI PERIKANAN DAN KELAUTAN  
FAKULTAS PERIKANAN DAN KELAUTAN  
UNIVERSITAS AIRLANGGA  
SURABAYA  
2022**

**KERAGAMAN GENETIK IKAN TAWES (*Barbonymus spp.*)  
DI DAERAH ALIRAN SUNGAI PROVINSI JAWA TIMUR  
(STUDI: DAERAH ALIRAN SUNGAI BENGAWAN  
SOLO, BRANTAS, DAN BARU-BAJULMATI)**

**Tesis**

Tesis sebagai salah satu syarat untuk memperoleh gelar Magister Sains  
Pada Program Studi Bioteknologi Perikanan dan Kelautan  
Fakultas Perikanan dan Kelautan Universitas Airlangga

Oleh:

**MUTIARA RAHMAWATI  
141914153001**

**PROGRAM STUDI MAGISTER  
BIOTEKNOLOGI PERIKANAN DAN KELAUTAN  
FAKULTAS PERIKANAN DAN KELAUTAN  
UNIVERSITAS AIRLANGGA  
SURABAYA  
2022**

### Surat Pernyataan Keaslian Karya Tulis Tesis

Yang bertanda tangan di bawah ini :

N a m a : Mutiara Rahmawati  
N I M : 141914153001  
Prodi : Bioteknologi Kelautan dan Perikanan  
Tempat, tanggal lahir : Surabaya, 29 Desember 1995  
Alamat : Karang Jaya 5 No 23 RT 12 RW 03, 60227 Surabaya  
Telp./HP : 082132147051  
Judul Tesis : Keragaman Genetik Ikan Tawes (*Barbonymus spp.*) di Daerah Aliran Sungai Provinsi Jawa Timur (Studi: Daerah Aliran Sungai Bengawan Solo, Brantas, dan Baru-Bajulmati)  
Pembimbing : 1. Dr. Eng. Sapto Andriyono, S.Pi., MT  
2. Dr. Akhmad Taufiq Mukti, S.Pi., M.Si.

Menyatakan dengan sebenarnya bahwa hasil tulisan laporan Tesis yang saya buat adalah murni hasil karya saya sendiri (bukan plagiat) yang berasal dari Dana Penelitian : Mandiri / ~~Proyek-Dosen~~ / ~~Hibah~~ / ~~PKM~~ (coret yang tidak perlu).

Di dalam Tesis / karya tulis ini tidak terdapat keseluruhan atau sebagian tulisan atau gagasan orang lain yang saya ambil dengan cara menyalin atau meniru dalam bentuk rangkaian kalimat atau simbol yang saya aku seolah-olah sebagai tulisan saya sendiri tanpa memberikan pengakuan pada penulis aslinya, serta kami bersedia :

1. Dipublikasikan dalam Jurnal Ilmiah Perikanan dan Kelautan Fakultas Perikanan dan Kelautan Universitas Airlangga;
2. Memberikan ijin untuk mengganti susunan penulis pada hasil tulisan tesis / karya tulis saya ini sesuai dengan peranan pembimbing tesis;
3. Diberikan sanksi akademik yang berlaku di Universitas Airlangga, termasuk pencabutan gelar magister sains yang telah saya peroleh apabila dikemudian hari terbukti bahwa saya ternyata melakukan tindakan menyalin atau meniru tulisan orang lain yang seolah-olah hasil pemikiran saya sendiri

Demikian surat pernyataan yang saya buat ini tanpa ada unsur paksaan dari siapapun dan dipergunakan sebagaimana mestinya.

Surabaya, 18 Agustus 2022

Yang membuat pernyataan,



Mutiara Rahmawati  
NIM. 141914153001

Tesis

**KERAGAMAN GENETIK IKAN TAWES (*Barbonymus* spp.)  
DI DAERAH ALIRAN SUNGAI PROVINSI JAWA TIMUR  
(STUDI: DAERAH ALIRAN SUNGAI BENGAWAN  
SOLO, BRANTAS, DAN BARU-BAJULMATI)**

Tesis sebagai salah satu syarat untuk memperoleh gelar Magister Sains  
Pada Program Studi Bioteknologi Perikanan dan Kelautan  
Fakultas Perikanan dan Kelautan Universitas Airlangga

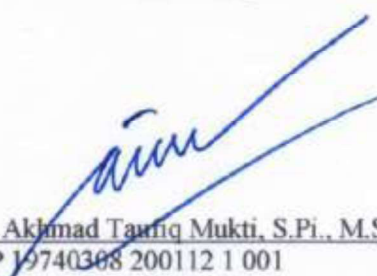
**Mutiara Rahmawati**  
**141914153001**

Menyetujui,  
Komisi Pembimbing

Pembimbing Ketua

Pembimbing Serta

  
Dr. Eng. Sapto Andriyono, S.Pi., MT  
NIP. 19790925 200812 1 002

  
Dr. Akhmad Taufiq Mukti, S.Pi., M.Si.  
NIP. 19740308 200112 1 001

Mengetahui,  
Koordinator Program Studi

  
Prof. Dr. Nunuk Dyah Retno Lastuti MS., drh  
NIP. 19530418 197803 2 001

**Tesis**

**KERAGAMAN GENETIK IKAN TAWES (*Barbonymus spp.*)  
DI DAERAH ALIRAN SUNGAI PROVINSI JAWA TIMUR  
(STUDI: DAERAH ALIRAN SUNGAI BENGAWAN  
SOLO, BRANTAS, DAN BARU-BAJULMATTI)**

Telah diuji dan dinilai pada

Tanggal : 15 Agustus 2022

**PANITIA PENGUJI TESIS**

Ketua : Prof. Win Darmanto M.Si., Med Sci. Ph.D

Anggota : 1. Dr. Mufasirin, drh., M.Si.

2. Muhammad Amin S.Pi., M.Sc., Ph.D.

3. Dr. Eng. Sapto Andriyono, S.Pi, M.T

4. Dr. Akhmad Taufiq Mukti, S.Pi., M.Si.

Surabaya, 18 Agustus 2022

Fakultas Perikanan dan Kelautan  
Universitas Airlangga

Dekan,



**Prof. Mochammad Amin Alamsiah, Ir., M.Si., Ph.D.**  
**NIP. 19700116 199503 1 002**

## KATA PENGANTAR

Puji syukur kehadiran Allah SWT atas limpahan rahmat, taufiq dan hidayah-Nya sehingga penulis dapat menyelesaikan Tesis dengan judul **“Keragaman Genetik Ikan Tawes (*Barbonymus spp.*) di Daerah Aliran Sungai Provinsi Jawa Timur (Studi: Daerah Aliran Sungai Bengawan Solo, Brantas, Dan Baru-Bajulmati)”**. Tujuan penulisan Tesis ini sebagai syarat untuk memperoleh gelar Magister Program Studi Bioteknologi Perikanan dan Kelautan, Fakultas Perikanan dan Kelautan, Universitas Airlangga.

Penulis menyadari bahwa Tesis ini masih belum sempurna, baik dari segi materi maupun penyajiannya, sehingga adanya saran dan kritik sangat diharapkan dalam penyempurnaan Tesis ini. Penulis berharap semoga Tesis ini dapat disetujui dan nantinya bermanfaat dan dapat memberikan informasi kepada semua pihak, khususnya bagi mahasiswa program Studi Bioteknologi Perikanan dan Kelautan, Fakultas Perikanan dan Kelautan Universitas Airlangga Surabaya, untuk kemajuan serta perkembangan ilmu dan teknologi dalam bidang perikanan, terutama bioteknologi perikanan.

Surabaya, 05 Maret 2022

Penulis

## UCAPAN TERIMAKASIH

Penulis menyadari dalam penyelesaian Tesis ini tidak terlepas dari dukungan moril dan materil dari semua pihak. Melalui kesempatan ini, penulis mengucapkan rasa terimakasih yang sebesar-besarnya atas semua bantuan yang telah diberikan baik secara langsung maupun tidak langsung selama penyusunan penelitian ini hingga selesai. Secara khusus penulis mengucapkan terimakasih kepada Prof. Moch. Amin Alamsjah, Ir., M.Si., Ph.D selaku Dekan Fakultas Perikanan dan Kelautan Universitas Airlangga, Dr. Eng. Sapto Andriyono, S.Pi., MT., dan Dr. Akhmad Taufiq Mukti, S.Pi., M.Si. selaku Dosen Pembimbing yang telah banyak meluangkan waktu untuk memberikan bimbingan dan pengarahan selama proses penyusunan laporan, Prof. Win Darmanto M.Si., Med Sci. Ph.D, Dr. Mufasirin, M.Si., drh, Dr. Muhamad Amin S.Pi., M.Sc., Ph.D selaku Dosen Penguji yang telah banyak memberikan masukan selama proses penyusunan laporan, Bu Heni Puspitasari selaku Laboran yang telah membantu proses identifikasi molekuler dan Dr. Endang Dewi Mashitah., Ir., MP selaku Dosen Wali yang telah memberikan pengarahan dan nasehat selama masa perkuliahan di Program Studi Bioteknologi Perikanan dan Kelautan, Fakultas Perikanan dan Kelautan, Universitas Airlangga. Bapak dan Ibu dosen Program Studi Bioteknologi Perikanan dan Kelautan, Fakultas Perikanan dan Kelautan, Universitas Airlangga

Terimakasih penulis sampaikan kepada Kedua orang tua dan kedua kakak penulis yang telah memberi motivasi kepada penulis, rekan-rekan program Studi

Bioteknologi Perikanan dan Kelautan atas masukan dan saran selama penelitian, keluarga besar penulis atas semua motivasi dan nasehat yang berharga, serta semua pihak yang tidak dapat penulis sebutkan satu per satu yang telah dengan tulus ikhlas memberikan doa dan dukungan pada penelitian ini.

Akhirnya penulis berharap semoga Tesis ini bermanfaat dan dapat memberikan informasi kepada semua pihak, khususnya bagi mahasiswa di Fakultas Perikanan dan Kelautan dan masyarakat sekitar guna kemajuan serta perkembangan ilmu dan teknologi dalam bidang perikanan terutama bioteknologi perikanan.

## RINGKASAN

**MUTIARA RAHMAWATI. Keragaman Genetik Ikan Tawes (*Barbonymus* spp.) di Daerah Aliran Sungai Provinsi Jawa Timur (Studi: Daerah Aliran Sungai Bengawan Solo, Brantas, dan Baru-Bajulmati). Dosen Pembimbing: Dr. Eng. Sapto Andriyono, S.Pi., MT., dan Dr. Akhmad Taufiq Mukti, S.Pi., M.Si.**

Ikan tawes (*Barbonymus* spp.) merupakan salah satu ikan endemik lokal di Jawa Timur. Ikan tawes termasuk golongan ikan ekonomis bagi masyarakat Indonesia, khususnya wilayah Jawa Timur. Ikan tawes berpotensi dijadikan sumber pangan bernutrisi, khususnya sebagai sumber protein. Keberadaan ikan tawes di habitat asli saat ini terancam oleh penangkapan yang berlebihan dan juga kerusakan lingkungan. Untuk mencegah punahnya sumberdaya ikan perlu dilakukan dengan suatu pendekatan konservatif, salah satu melalui program konservasi genetik.

Langkah awal dalam menentukan keragaman suatu populasi dilakukan melalui penanda morfologis. Penanda morfologi dalam mengidentifikasi ikan meliputi pengukuran morfometrik. Selanjutnya, *DNA barcoding* merupakan suatu penanda molekuler yang dapat dijadikan sebagai identifikasi keragaman suatu populasi ikan. Analisis *DNA* barcoding ikan sering dilakukan dengan menggunakan sekuen *DNA* mitokondria. Penggunaan sekuen *DNA* mitokondria memperjelas hubungan spesies secara evolusi yang kabur akibat variasi morfologi.

Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui sekuen *DNA*, keragaman genetik, dan hubungan kekerabatan dari ikan tawes (*Barbonymus* spp.) menggunakan gen mtDNA *COI* dan *Cyt-b*. Sampel dikumpulkan dari berbagai daerah di Provinsi Jawa Timur meliputi Gresik, Mojokerto, Madiun, Malang, dan Banyuwangi. Identifikasi ikan tawes dilakukan secara morfologi dan molekuler. Identifikasi morfologi dilakukan dengan pengukuran 14 karakter morfometrik. Bagian pangkal ekor dari ikan tawes digunakan untuk identifikasi molekuler. Isolasi dan pemurnian genom *DNA* menggunakan gSYNC™ *DNA Extraction kit*. Penulis menggunakan mesin *polymerase chain reaction* untuk amplifikasi *DNA* template dengan primer *COI* meliputi FishF1 dan FishR1, sedangkan primer *Cyt-b* meliputi GluDG-L dan CB2-H.

Hasil pengukuran morfometrik menggunakan uji *ANOVA* satu arah menunjukkan  $F \text{ hitung} > F \text{ tabel}$  ( $P < 0,05$ ) artinya karakter morfometrik antar sampel dari keenam lokasi berbeda secara signifikan. Hasil analisis keragaman morfometrik interspesies *Barbonymus gonionotus* menggunakan *neighbour joining* pada *software PAST 4.07b* menunjukkan *Barbonymus gonionotus* dari kelima lokasi terpisah menjadi lima clade. Keterpisahan tersebut menunjukkan bahwa secara morfometrik dari lima lokasi, *Barbonymus gonionotus* memiliki perbedaan atau keunikan dari masing-masing lokasi.

Hasil identifikasi molekuler menunjukkan seluruh sekuen ikan tawes berhasil teramplifikasi dengan gen *COI* sebesar 648 bp dan gen *Cyt-b* sebesar 408bp. Hasil analisis *BLASTN* menunjukkan terdapat dua spesies ikan tawes yang telah ditemukan yaitu *Barbonymus gonionotus* dan *Barbonymus schwanenfeldii* dengan *percentase identity* berkisar 99-100%. Spesies *Barbonymus gonionotus* didapatkan di kelima daerah (Gresik, Mojokerto, Madiun, Malang, dan Banyuwangi), sedangkan *Barbonymus schwanenfeldii* hanya ditemukan di Malang. Nilai jarak genetik berdasarkan gen *COI* berkisar 0,00000-0,10694, sedangkan nilai jarak genetik berdasarkan gen *Cyt-b* berkisar 0,00000-1,15662. Status konservasi berdasarkan data *IUCN* Red List, spesies *Barbonymus gonionotus* dan *Barbonymus schwanenfeldii* masuk dalam kategori *least concern* (*LC*), serta kedua spesies ini menurut data *CITES* belum dievaluasi atau *Not Evaluated*.

## SUMMARY

**MUTIARA RAHMAWATI. Study of Genetic Diversity of Cyprinid fish (*Barbonymus* spp.) in the Watershed of East Java Province (Studi: Bengawan Solo, Brantas, and Baru-Bajulmati Watershed). Academic Advisor: Dr. Eng. Sapto Andriyono, S.Pi., MT., dan Dr. Akhmad Taufiq Mukti, S.Pi., M.Si.**

Cyprinid fish (*Barbonymus* spp.) is one of the local endemic fish in East Java. Cyprinid fish is an economical fish for the people of Indonesia, especially in the East Java region. Cyprinid fish has the potential to be used as a source of nutritious food, especially as a source of protein. The existence of Cyprinid fish in its natural habitat is currently threatened by overfishing and also environmental damage. To prevent the extinction of fish resources, it is necessary to use a conservative approach, one of which is through a genetic conservation program.

The first step in determining the diversity of a population is done through morphological markers. Morphological markers in identifying fish include morphometric measurements. Furthermore, DNA barcode is a molecular marker that can be used as an identification of the diversity of a fish population. Fish DNA barcoding analysis is often carried out using mitochondrial DNA sequences. The use of mitochondrial DNA sequences clarifies the evolutionary blurring of species relationships due to morphological variations.

This study aims to determine the base sequence, genetic diversity, and kinship of Cyprinid fish (*Barbonymus* spp.) using the mtDNA COI and Cyt-b genes. Samples were collected from various regions in East Java Province including Gresik, Mojokerto, Madiun, Malang, and Banyuwangi. Cyprinid fish identification was done morphologically and molecularly. Morphological identification was carried out by measuring 14 morphometric characters. The base of the tail of Cyprinid fish is used for molecular identification. Isolation and purification of its genomic DNA using the gSYNCTM DNA Extraction kit. The author used a polymerase chain reaction machine for DNA template amplification with COI primers including FishF1 and FishR1, while Cyt-b primers included GluDG-L and CB2-H.

The results of morphometric measurements using one-way ANOVA test showed F count > F table ( $P < 0.05$ ) meaning that the morphometric characters between samples from the six location were significantly different. The result of interspecies morphometric diversity of *Barbonymus gonionotus* using neighbour joining on PAST 4.07b software showed *Barbonymus gonionotus* from five separate locations into five clade. the separation shows that morphometrically from the five locations, *Barbonymus gonionotus* has differences or uniqueness from each location.

The results of molecular identification showed that all Cyprinid fish sequences were successfully amplified with the COI gene of 648 bp and the Cyt-b gene of 408 bp. The results of the BLASTN analysis show that there are two species of Tawes fish that have been found, namely *Barbonymus gonionotus* and

*Barbonymus schwanenfeldii* with identity percentages ranging from 99-100%. The species *Barbonymus gonionotus* was found in five regions (Gresik, Mojokerto, Madiun, Malang, and Banyuwangi), while *Barbonymus schwanenfeldii* was only found in Malang. The genetic distance value based on the COI gene ranged from 0.00000-0.10694, while the genetic distance value based on the Cyt-b gene ranged from 0.00000-1.15662. Conservation status based on IUCN Red List data, the species *Barbonymus gonionotus* and *Barbonymus schwanenfeldii* are included in the least concern (LC) category, and these two species according to CITES data have not been evaluated or Not Evaluated.

## ABSTRAK

Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui sekuen *DNA*, keragaman genetik, dan hubungan kekerabatan dari ikan tawes (*Barbonymus spp.*) menggunakan gen mtDNA *COI* dan *Cyt-b*. Sampel dikumpulkan dari berbagai daerah di Provinsi Jawa Timur meliputi Gresik, Mojokerto, Madiun, Malang, dan Banyuwangi. Identifikasi ikan tawes dilakukan secara morfologi dan molekuler. Identifikasi morfologi dilakukan dengan pengukuran 14 karakter morfometrik. Hasil pengukuran morfometrik menunjukkan  $F_{hitung} > F_{tabel}$  ( $P < 0,05$ ). Bagian pangkal ekor dari ikan tawes digunakan untuk identifikasi molekuler. Isolasi dan pemurnian genom *DNA* menggunakan gSYNC™ *DNA Extraction kit*. Penulis menggunakan mesin *polymerase chain reaction* untuk amplifikasi *DNA* template dengan primer *COI* meliputi FishF1 dan FishR1, sedangkan primer *Cyt-b* meliputi GluDG-L dan CB2-H. Hasil penelitian menunjukkan seluruh sekuen ikan tawes berhasil teramplifikasi dengan gen *COI* sebesar 648 bp dan gen *Cyt-b* sebesar 408bp. Hasil analisis *BLASTN* menunjukkan terdapat dua spesies ikan tawes yang telah ditemukan yaitu *Barbonymus gonionotus* dan *Barbonymus schwanenfeldii* dengan *percentase identity* berkisar 99-100%. Spesies *Barbonymus gonionotus* didapatkan di kelima daerah (Gresik, Mojokerto, Madiun, Malang, dan Banyuwangi), sedangkan *Barbonymus schwanenfeldii* hanya ditemukan di Malang. Nilai jarak genetik berdasarkan gen *COI* berkisar 0,00000-0,10694, sedangkan nilai jarak genetik berdasarkan gen *Cyt-b* berkisar 0,00000-1,15662.

**Kata Kunci:** Konservasi, *Cytochrome*, mtDNA, *Barbonymus*

## ABSTRACT

The study aims to determine of DNA base, genetic diversity and genetic distance of cyprinid fish (*Barbonymus* spp.) using the mtDNA COI and Cyt-b gene. Sample were collected from various regions in East Java Province including Gresik, Mojokerto, Madiun, Malang, and Banyuwangi. Identification was done morphologically and molecularly. Morphological identification was carried out by measuring 14 morphometric characters. The results of morphometric measurements showed  $F \text{ count} > F \text{ table}$  ( $P < 0.05$ ). The base of the caudal fin of cyprinid fish is used for molecular identification. Isolation and purification of its genomic DNA using the gSYNCTM DNA Extraction kit. The author used a polymerase chain reaction machine for DNA template amplification with COI primers including FishF1 and FishR1, while Cyt-b primers included GluDG-L and CB2-H. The results showed that all cyprinid fish sequences were successfully amplified with the COI gene of 648 bp and the Cyt-b gene of 408 bp. The results of BLASTN analysis show that there are two species of cyprinid fish that have been found, namely *Barbonymus gonionotus* and *Barbonymus schwanenfeldii* with identity percentages ranging from 99-100%. The species *Barbonymus gonionotus* was found in five regions (Gresik, Mojokerto, Madiun, Malang, and Banyuwangi), while *Barbonymus schwanenfeldii* was only found in Malang. The genetic distance value based on the COI gene ranged from 0.00000-0.10694, while the genetic distance value based on the Cyt-b gene ranged from 0.00000-1.15662.

**Keywords:** *Conservation, Cytochrome, mtDNA, Barbonymus*

## DAFTAR ISI

|                                                 |       |
|-------------------------------------------------|-------|
| HALAMAN JUDUL.....                              | ii    |
| KATA PENGANTAR .....                            | vii   |
| RINGKASAN .....                                 | x     |
| SUMMARY .....                                   | xii   |
| ABSTRAK .....                                   | xiv   |
| ABSTRACT .....                                  | xv    |
| DAFTAR ISI.....                                 | xvi   |
| DAFTAR TABEL.....                               | xviii |
| DAFTAR GAMBAR .....                             | xix   |
| DAFTAR LAMPIRAN.....                            | xx    |
| DAFTAR ISTILAH .....                            | xxi   |
| I PENDAHULUAN .....                             | 1     |
| 1.1. Latar Belakang .....                       | 1     |
| 1.2. Rumusan Masalah .....                      | 4     |
| 1.3. Tujuan Penelitian .....                    | 4     |
| 1.4. Manfaat Penelitian .....                   | 4     |
| II TINJAUAN PUSTAKA.....                        | 5     |
| 2. 1. Ikan Tawes .....                          | 5     |
| 2.1.1 Klasifikasi dan Morfologi Ikan Tawes..... | 5     |
| 2.1.2 Habitat Ikan Tawes .....                  | 6     |
| 2. 2. Keragaman Genetik.....                    | 6     |
| 2. 3. Mitokondria <i>DNA</i> (mtDNA) .....      | 7     |
| 2. 4. Cytochrome Oxidase Sub Unit I (COI).....  | 9     |
| 2. 5. <i>Cytochrome b</i> ( <i>Cyt-b</i> )..... | 10    |
| 2. 6. Polymerase Chain Reaction (PCR) .....     | 11    |
| 2. 7. Sekuensing <i>DNA</i> .....               | 12    |
| 2. 8. Filogenetik.....                          | 14    |
| III KERANGKA PENELITIAN.....                    | 16    |
| 3.1. Kerangka Penelitian .....                  | 16    |
| IV. METODOLOGI.....                             | 22    |
| 4.1. Waktu dan Tempat Penelitian .....          | 22    |
| 4.2. Materi Penelitian .....                    | 22    |
| 4.2.1. Peralatan Penelitian.....                | 22    |
| 4.2.2. Bahan Penelitian.....                    | 22    |
| 4.3. Jenis dan Rancangan Penelitian .....       | 23    |
| 4.4. Prosedur Penelitian.....                   | 23    |
| 4.4.1. Pengambilan Sampel Ikan.....             | 23    |
| 4.4.2. Identifikasi Morfologi .....             | 24    |
| 4.4.3. Analisis <i>DNA</i> Mitokondria.....     | 24    |
| 4.5. Analisis Data .....                        | 29    |
| V HASIL DAN PEMBAHASAN.....                     | 31    |
| 5.1 Hasil .....                                 | 31    |

|                                                                              |    |
|------------------------------------------------------------------------------|----|
| 5.1.1 Identifikasi Morfologi Ikan Tawes.....                                 | 31 |
| 5.1.2 Keragaman Morfometrik Ikan Tawes .....                                 | 33 |
| 5.1.3 Identifikasi Molekuler Ikan Tawes .....                                | 35 |
| 5.1.4 Pohon Filogenetik .....                                                | 37 |
| 5.1.5 Jarak Genetik.....                                                     | 39 |
| 5.1.6 Komposisi Nukleotida.....                                              | 40 |
| 5.1.7 Status Konservasi .....                                                | 41 |
| 5.2 Pembahasan.....                                                          | 41 |
| 5.2.1 Analisis Keragaman Morfologi dan Morfometri <i>Barbonymus</i> spp..... | 41 |
| 5.2.2 Analisis Identifikasi Molekuler.....                                   | 43 |
| 5.2.3 Analisis Pohon Filogenetik dan Jarak Genetik .....                     | 45 |
| 5.2.4 Analisis Komposisi Nukleotida.....                                     | 48 |
| 5.2.5 Status Konservasi .....                                                | 49 |
| 5.2.6 Analisis Hubungan Morfologi, Morfometrik dan Genetik.....              | 49 |
| VI KESIMPULAN DAN SARAN.....                                                 | 52 |
| 6.1 Kesimpulan.....                                                          | 52 |
| 6.2 Saran.....                                                               | 52 |
| DAFTAR PUSTAKA .....                                                         | 53 |

## DAFTAR TABEL

|                                                                                                        |    |
|--------------------------------------------------------------------------------------------------------|----|
| <b>Tabel 4.1</b> Tabel pengukuran bagian morfometrik tubuh ikan .....                                  | 25 |
| <b>Tabel 5.1</b> Perbandingan morfologi antara <i>B. gonionotus</i> dan <i>B. schwanenfeldii</i> ..... | 32 |
| <b>Tabel 5.2</b> Hasil pengukuran karakter morfometrik ikan tawes .....                                | 33 |
| <b>Tabel 5.3</b> Hasil analisis BLASTN .....                                                           | 37 |
| <b>Tabel 5.4</b> Jarak genetik <i>Barbonymus</i> spp.di Jawa Timur.....                                | 40 |
| <b>Tabel 5.5</b> Komposisi nukleotida <i>Barbonymus</i> spp. di Jawa Timur.....                        | 40 |
| <b>Tabel 5.6</b> Status konservasi <i>Barbonymus</i> spp. berdasarkan IUCN dan CITES ...               | 41 |

## DAFTAR GAMBAR

|                                                                                         |    |
|-----------------------------------------------------------------------------------------|----|
| <b>Gambar 2.1</b> Ikan tawes .....                                                      | 6  |
| <b>Gambar 2.2</b> Mitokondria <i>DNA</i> pada ikan.....                                 | 8  |
| <b>Gambar 3.1</b> Kerangka konseptual penelitian .....                                  | 21 |
| <b>Gambar 4.1</b> Peta sampling Provinsi Jawa Timur .....                               | 24 |
| <b>Gambar 4.2</b> Pengukuran morfometrik tubuh ikan tawes.....                          | 25 |
| <b>Gambar 4.3</b> Diagram alir penelitian .....                                         | 30 |
| <b>Gambar 5.1</b> Hasil pengamatan identifikasi morfologi.....                          | 32 |
| <b>Gambar 5.2</b> Keragaman morfometrik intraspecies <i>Barbonymus gonionotus</i> ..... | 35 |
| <b>Gambar 5.3</b> Hasil elektroforesis PCR berdasarkan COI .....                        | 36 |
| <b>Gambar 5.4</b> Hasil elektroforesis PCR berdasarkan <i>Cyt-b</i> .....               | 36 |
| <b>Gambar 5.5</b> Pohon filogenetik berdasarkan COI.....                                | 38 |
| <b>Gambar 5.6</b> Pohon filogenetik berdasarkan <i>Cyt-b</i> .....                      | 39 |

## DAFTAR LAMPIRAN

|                                                                                     |    |
|-------------------------------------------------------------------------------------|----|
| Lampiran 1. Hasil uji <i>ANOVA</i> karakter morfometrik .....                       | 60 |
| Lampiran 2. Hasil <i>chromatogram</i> ikan tawes berdasarkan gen <i>COI</i> .....   | 64 |
| Lampiran 3. Hasil <i>chromatogram</i> ikan tawes berdasarkan gen <i>Cyt-b</i> ..... | 66 |
| Lampiran 4. Sekuen DNA gen <i>COI</i> ikan tawes .....                              | 68 |
| Lampiran 5. Sekuen DNA gen <i>Cyt-b</i> ikan tawes .....                            | 70 |
| Lampiran 6. Hasil <i>alignment</i> sekuen <i>DNA</i> gen <i>COI</i> .....           | 71 |
| Lampiran 7. Hasil <i>alignment</i> sekuen <i>DNA</i> gen <i>Cyt-b</i> .....         | 72 |
| Lampiran 8. Jarak genetik ikan tawes berdasarkan gen <i>COI</i> .....               | 73 |
| Lampiran 9. Jarak genetik ikan tawes berdasarkan gen <i>Cyt-b</i> .....             | 74 |

## DAFTAR ISTILAH

|               |                                                                                               |
|---------------|-----------------------------------------------------------------------------------------------|
| <i>DNA</i>    | : <i>Deoxyribo Nucleic Acid</i>                                                               |
| <i>COI</i>    | : <i>Cytochrome Oxydase Sub Unit I</i>                                                        |
| <i>Cyt-b</i>  | : <i>Cytochrome b</i>                                                                         |
| mtDNA         | : <i>DNA mitokondria</i>                                                                      |
| <i>PCR</i>    | : <i>Polymerase Chain Reaction</i>                                                            |
| <i>BLAST</i>  | : <i>Basic Local Alignment Search Tool</i>                                                    |
| <i>NJ</i>     | : <i>Neighbor Joining</i>                                                                     |
| K2P           | : <i>Kimura 2 Parameter</i>                                                                   |
| <i>MEGA X</i> | : <i>Molecular Evolutionary Genetic Analysis X</i>                                            |
| <i>SPSS</i>   | : <i>Statistical Product and Service Solutions</i>                                            |
| <i>ANOVA</i>  | : <i>Analysis of Variance</i>                                                                 |
| <i>IUCN</i>   | : <i>International Union for Conservation of Nature's</i>                                     |
| <i>CITES</i>  | : <i>Convention on International Trades on Endangered Species of<br/>Wild Flora and Fauna</i> |