

KARAKTERISASI MOLEKULER DNA BARCODING
***Betta brownorum* Witte & Schmidt, 1992 BERDASARKAN**
MARKA GEN *CYTOCHROME B*

SKRIPSI



SALASUN NISAH

NIM. 2103020019

PROGRAM STUDI S1 BIOLOGI
FAKULTAS SAINS TEKNOLOGI DAN PENDIDIKAN
UNIVERSITAS MUHAMMADIYAH LAMONGAN

2025

KATA PENGANTAR

Puji syukur penulis panjatkan kehadirat Allah SWT, karena berkat rahmat dan hidayahnya sehingga penulis dapat menyelesaikan Skripsi yang berjudul "Karakterisasi Molekuler DNA Barcoding *Betta brownorum* Witte & Schmidt, 1992 Berdasarkan Marka Gen *Cytochrome B*" sesuai waktu yang ditentukan. Skripsi ini penulis susun sebagai salah satu persyaratan untuk memperoleh sarjana biologi di Fakultas Sains Teknologi dan Pendidikan Universitas Muhammadiyah Lamongan.

Dalam penyusunan, penulis mendapatkan banyak pengarahan dan bantuan dari berbagai pihak, untuk itu penulis tidak lupa mengucapkan terima kasih kepada yang terhormat Bapak/Ibu :

1. Prof. Dr. Aziz Alimul Hidayat, S.Kep., Ns., M.Kep, selaku Rektor Universitas Muhammadiyah Lamongan.
2. Eko Handoyo, S.Kom., M.Kom selaku Dekan Fakultas Sains Teknologi dan Pendidikan Universitas Muhammadiyah Lamongan.
3. M. Ainul Mahbubillah, S.Si., M.Si selaku Ka-Prodi S1 Biologi dan penguji III, yang telah banyak memberikan saran dan masukan selama penyusunan skripsi ini.
4. Muhammad Badrut Tamam, S.Pd., M.Sc selaku pembimbing I, yang telah banyak memberikan petunjuk, saran, dorongan moril selama penyusunan skripsi ini.
5. Dr. Rofiatun Solekha, S. Pd, M. Sc selaku pembimbing II, yang telah banyak memberikan petunjuk, saran, dorongan moril selama penyusunan skripsi ini.
6. Ayah dan Ibu tercinta yang telah memberikan kasih sayang, doa, dan pengorbanan tanpa batas telah menjadi sumber kekuatan di setiap langkahku, serta kepada keluarga besar yang senantiasa memberikan dukungan, semangat, dan doa terbaik dalam setiap perjalanan hidupku.
7. Semua pihak yang telah memberikan dukungan moril dan materiil demi terselesaikannya skripsi skripsi ini.

Semoga Allah SWT memberi balasan pahala atas semua amal kebaikan yang diberikan. Penulis menyadari skripsi ini masih banyak kekurangan, untuk itu segala kritik dan saran yang bersifat membangun sangat penulis harapkan, akhirnya penulis berharap semoga skripsi ini bermanfaat bagi penulis pada khususnya dan bagi semua pembaca pada umumnya

Lamongan, 30 Juni 2025

Penyusun

Salasun Nisah



ABSTRAK

Betta brownorum merupakan spesies ikan endemik yang hidup di habitat rawa gambut Kalimantan dan menghadapi risiko kepunahan akibat perubahan lingkungan. Penelitian ini bertujuan untuk mengkarakterisasi *Betta brownorum* secara molekuler menggunakan DNA barcoding dengan marka gen *Cytochrome B* (*Cytb*). Sampel jaringan sirip dan ekor dikoleksi dari habitat alaminya di Matang, Serawak, Kalimantan, lalu diekstraksi dan diamplifikasi menggunakan teknik PCR dengan primer universal. Produk PCR berhasil divisualisasikan dengan ukuran fragmen 1.123 bp. Sekuens DNA kemudian disejajarkan dan dianalisis menggunakan perangkat lunak MEGA X untuk menyusun pohon filogenetik dan menghitung jarak genetik. Hasil analisis menunjukkan bahwa *B. brownorum* memiliki kedekatan genetik tertinggi dengan *B. rutilans* dengan jarak genetik 0,02 dan memiliki kemiripan 98,41% dengan *Betta rutilans* berdasarkan analisis BLASTn. Analisis filogenetik menggunakan metode *Maximum Likelihood*, *Maximum Parsimony*, *Neighbor-Joining*, dan UPGMA menunjukkan bahwa *B. brownorum* berkerabat dekat dengan *B. rutilans*, tergabung dalam satu klad besar dengan nilai bootstrap >97%, namun tetap membentuk subklad tersendiri. Jarak genetik sebesar 0,02% mengindikasikan perbedaan genetik yang meskipun kecil, cukup signifikan secara. Penelitian ini membuktikan bahwa gen *Cytb* efektif digunakan untuk identifikasi spesies dan pemetaan hubungan kekerabatan dalam genus *Betta*, serta mendukung upaya konservasi *B. brownorum* secara genetis.

Kata kunci: Betta brownorum, Cytochrome B, DNA barcoding, Filogenetik, Jarak genetic

ABSTRACT

Betta brownorum is an endemic fish species inhabiting the peat swamp forests of Kalimantan and is facing the risk of extinction due to environmental changes. This study aimed to characterize *Betta brownorum* at the molecular level using DNA barcoding with the Cytochrome B (Cytb) gene marker. Fin and tail tissue samples were collected from its natural habitat in Matang, Sarawak, Kalimantan, then extracted and amplified using PCR techniques with universal primers. The PCR product was successfully visualized with a fragment size of 1,123 bp. The DNA sequences were aligned and analyzed using MEGA X software to construct a phylogenetic tree and calculate genetic distances. The analysis revealed that *B. brownorum* shares the highest genetic similarity with *B. rutilans*, with a genetic distance of 0.02 and 98.41% similarity based on BLASTn analysis. Phylogenetic analysis using Maximum Likelihood, Maximum Parsimony, Neighbor-Joining, and UPGMA methods showed that *B. brownorum* is closely related to *B. rutilans*, clustering within the same major clade with bootstrap values exceeding 97%, yet still forming a distinct subclade. The genetic distance of 0.02% indicates a small but significant genetic difference. This study demonstrates that the Cytb gene is effective for species identification and mapping phylogenetic relationships within the *Betta* genus and supports the genetic-based conservation efforts for *B. brownorum*.

Keywords: Betta brownorum, Cytochrome B, DNA barcoding, Genetic distance, Phylogenetics

DAFTAR ISI

LEMBAR PERNYATAAN	ii
LEMBAR PERSETUJUAN	iii
LEMBAR PENGESAHAN NASKAH SKRIPSI	iv
PEDOMAN PENGGUNAAN SKRIPSI.....	v
KATA PENGANTAR.....	vi
ABSTRAK.....	viii
ABSTRACT.....	ix
DAFTAR ISI	x
DAFTAR TABEL.....	xiii
DAFTAR GAMBAR	xiv
DAFTAR LAMPIRAN	xv
BAB I PENDAHULUAN	1
1.1 Latar Belakang	1
1.2 Rumusan Masalah	3
1.3 Tujuan Penelitian.....	4
1.3.1 Tujuan Umum	4
1.3.2 Tujuan Khusus.....	4
1.4 Manfaat Penelitian	4
1.4.1 Bagi Akademis	4
1.4.2 Bagi Praktis, penelitian ini akan bermanfaat bagi :	4
1.5 Ruang Lingkup Penelitian.....	4
BAB II TINJAUAN PUSTAKA	5
2.1 Biologi <i>Betta brownorum</i>	5
2.1.1 Taksonomi <i>Betta brownorum</i>	5
2.1.2 Deskripsi <i>Betta brownorum</i>	5
2.1.3 Habitat dan Sebaran	6
2.1.4 Status Konservasi	7
2.2 Variasi Genetik	7
2.3 DNA Barcoding.....	8

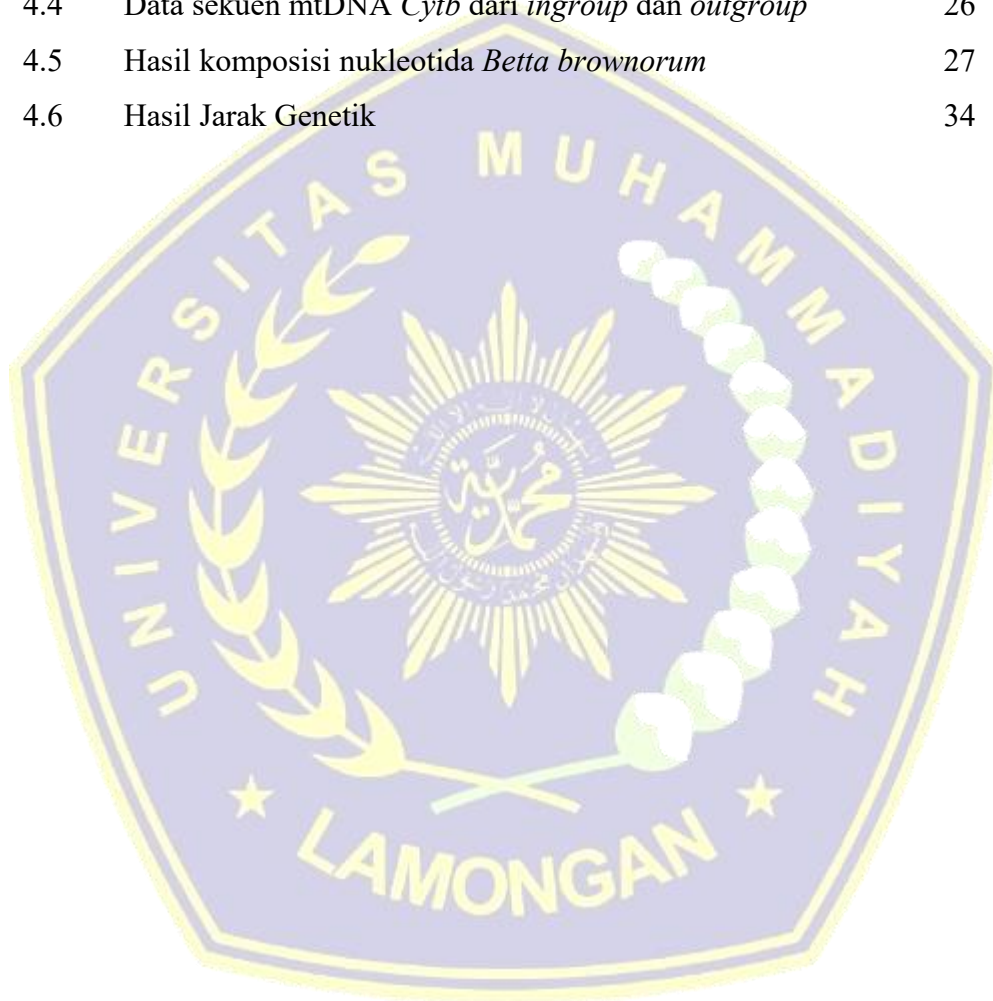
2.3.1 <i>Cytochrome B</i>	9
2.4 Rekonstruksi Pohon Filogenetika	10
2.4.1 Metode Berbasis Jarak	11
2.4.1.1 UPGMA	12
2.4.1.2 Neighbor-Joining.....	12
2.4.2 Metode Berbasis Karakter.....	13
2.4.2.1 <i>Maximum Parsimony</i>	13
2.4.2.2 <i>Maximum Likelihood</i>	14
2.5 PCR (<i>Polymerase Chain Reaction</i>).....	15
BAB III METODE PENELITIAN.....	18
3.1 Waktu dan Tempat Penelitian.....	18
3.2 Bahan dan Alat Penelitian	18
3.2.1 Alat.....	18
3.2.2 Bahan	18
3.3 Prosedur Penelitian.....	19
3.3.1 Pengambilan Sampel.....	19
3.3.2 Karakterisasi morfologi Ikan.....	19
3.3.3 Isolasi DNA, Amplifikasi, dan Sekuensing	20
3.3.4 Rekontruksi Pohon Filogenetik.....	21
3.4 Analisis Data	21
BAB IV HASIL DAN PEMBAHASAN.....	22
4.1 Hasil	22
4.1.1 Hasil Visualisasi dan Sekuensing Pita DNA.....	22
4.1.2 Hasil Filogenetik	28
4.1.3 Hasil Jarak Genetik	33
4.2 Pembahasan.....	36
4.2.1 Karakter Gen <i>Cytb</i> pada <i>Betta brownorum</i>	36
4.2.1.1 Panjang sekuens <i>Betta brownorum</i>	36
4.2.1.2 Variasi Genetik <i>Betta brownorum</i>	37
4.2.2 Analisis Filogenetik <i>Betta brownorum</i>	38
4.2.3 Jarak Genetik <i>Betta brownorum</i>	43

BAB V KESIMPULAN DAN SARAN.....	46
5.1 KESIMPULAN.....	46
5.2 SARAN	46
DAFTAR PUSTAKA.....	47



DAFTAR TABEL

Nomor	Judul tabel	Halaman
4.1	Hasil morfometrik dan meristik	22
4.2	Hasil urutan basa nukleotida <i>Betta brownorum</i>	24
4.3	Identifikasi sequence menggunakan blast NCBI	25
4.4	Data sekuen mtDNA <i>Cytb</i> dari <i>ingroup</i> dan <i>outgroup</i>	26
4.5	Hasil komposisi nukleotida <i>Betta brownorum</i>	27
4.6	Hasil Jarak Genetik	34



DAFTAR GAMBAR

Nomor	Judul Gambar	Halaman
2.1	Betta brownorum	5
2.2	Peta Sebaran Betta brownorum	6
2.3	Letak Gen Cytb	10
2.4	Proses PCR (<i>Polymerase Chain Reaction</i>)	16
3.1	Lokasi Betta brownorum	19
4.1	Hasil Visualisasi Pita DNA <i>Betta brownorum</i>	24
4.2	Hasil Filogenetik Metode <i>Neighbour Joining</i>	29
4.3	Hasil Filogenetik metode UPGMA	30
4.4	Hasil Filogenetik Metode <i>Maximum Likelihood</i>	31
4.5	Hasil Filogenetik Metode <i>Maximum Parsimony</i>	32



DAFTAR LAMPIRAN

Nomor	Judul Lampiran	Halaman
1.1	Jadwal Pelaksanaan Penelitian	55
1.2	Sampel <i>Betta brownorum</i>	55
1.3	Cara kerja analisis komposisi nukleotida <i>Betta brownorum</i>	56

