

Analisis Morfologi dan Biodiversitas Ikan Dewa (*Tor sp.*) di Sungai Pelus dan Sungai Tutung Gunung, Jawa Tengah

*Morphological Analysis and Biodiversity of Dewa Fish (*Tor sp.*) in the Pelus River and Tutung Gunung River, Central Java*

Shindid Nabil Arif¹, Suwarsito^{2*}, Ikhsan Pratama³
^{1,2,3}*Program Studi Akuakultur, Universitas Muhammadiyah Purwokerto*

* corr_author: suwarsito@ump.ac.id

ABSTRAK

Ikan dewa (*Tor sp.*) merupakan spesies ikan air tawar yang memiliki nilai ekologis dan budaya tinggi, namun informasi mengenai biodiversitasnya di wilayah Jawa Tengah masih terbatas. Penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi karakter morfologi dan biodiversitas ikan dewa yang terdapat di Sungai Pelus (Kabupaten Banyumas) dan Sungai Tutung Gunung (Kabupaten Purbalingga). Metode yang digunakan meliputi survei lapangan, identifikasi morfologi, dan analisis molekuler menggunakan DNA *barcoding* dengan gen CO1. Hasil identifikasi menunjukkan bahwa di Sungai Pelus ditemukan dua spesies, yaitu *Tor tambroides* dan *Tor tambra*, sedangkan di Sungai Tutung Gunung hanya ditemukan satu spesies, yaitu *Tor tambroides*. Analisis filogenetik menunjukkan pengelompokan dua grup spesies dengan nilai *bootstrap* tinggi (99–100%). Indeks keanekaragaman Shannon-Wiener (H') menunjukkan nilai rendah di kedua lokasi, yaitu 0,69 di Sungai Pelus dan 0,00 di Sungai Tutung Gunung. Indeks dominansi Simpson (C) menunjukkan dominansi sedang di Sungai Pelus (0,50) dan tinggi di Sungai Tutung Gunung (1,00). Hasil ini menunjukkan bahwa biodiversitas ikan dewa di kedua sungai tergolong rendah, sehingga diperlukan upaya konservasi dan pengembangan budidaya untuk menjaga keberlanjutan spesies ini.

Kata-kata kunci: *Tor sp.*, morfologi, DNA *barcoding*, biodiversitas, filogenetik

ABSTRACT

*The mahseer (*Tor sp.*) is a freshwater fish species with high ecological and cultural value. However, information regarding its biodiversity in Central Java remains limited. This study aimed to identify the morphological characteristics and biodiversity of mahseer found in the Pelus River (Banyumas Regency) and the Tutung Gunung River (Purbalingga Regency). The research employed field surveys, morphological identification, and molecular analysis using DNA barcoding targeting the CO1 gene. The results revealed the presence of two distinct species in the Pelus River, namely *Tor tambroides* and *Tor tambra*, while only *Tor tambroides* was found in the Tutung Gunung River. Phylogenetic analysis grouped the samples into two distinct clades with high bootstrap support (99–100%), confirming species classification. The Shannon-Wiener diversity index (H') indicated low biodiversity at both sites, with values of 0.69 in the Pelus River and 0.00 in the Tutung Gunung River. The Simpson dominance index (C) showed moderate dominance in the Pelus River (0.50) and high dominance in the Tutung Gunung River (1.00). These findings suggest that mahseer biodiversity in both rivers is relatively low, highlighting the need for*

conservation efforts and aquaculture development to ensure the sustainability of this species.

Keywords: *Tor sp., morphology, DNA barcode, biodiversity, phylogenetics*

PENDAHULUAN

Ikan dewa (*Tor sp.*) merupakan salah satu spesies ikan air tawar yang memiliki nilai ekonomi, ekologis, dan budaya yang tinggi di Indonesia (Larashati et al., 2020). Terdapat empat spesies utama yang dikenal di Indonesia, yaitu *Tor soro*, *Tor tambra*, *Tor douronensis*, dan *Tor tambroides*. Ikan ini memiliki berbagai nama lokal, seperti ikan batak (Sumatera Utara), semah (Sumatera Selatan), sapan (Kalimantan), dan ikan dewa (Jawa). Di beberapa daerah, ikan dewa bahkan dianggap keramat, seperti di Cibulan, Jawa Barat, di mana masyarakat meyakini ikan ini memiliki keterkaitan dengan sejarah Kerajaan Padjajaran.

Habitat alami ikan dewa umumnya berada di perairan sungai berarus deras di daerah hulu, dengan karakteristik lingkungan berupa dasar berbatu, air jernih, suhu rendah (20–25°C), kandungan oksigen terlarut tinggi, dan berada pada ketinggian 150–600 mdpl (Hidayati et al., 2021; Yuhana et al., 2021). Spesies ini dikenal sebagai indikator kualitas perairan yang baik dan memiliki peran penting dalam menjaga keseimbangan ekosistem sungai. Namun, populasi ikan dewa mengalami tekanan akibat degradasi habitat, pencemaran, dan eksploitasi berlebihan, sehingga dikategorikan sebagai spesies yang terancam punah (Rizkiya, 2021).

Variasi kondisi lingkungan antar sungai dapat memengaruhi karakteristik morfologi dan keanekaragaman spesies ikan dewa. Faktor-faktor seperti pH, suhu, oksigen terlarut (DO), total padatan terlarut (TDS), dan kecepatan arus berperan dalam menentukan distribusi dan kelimpahan spesies (Paramudita et al., 2020). Penurunan kualitas lingkungan akibat aktivitas antropogenik dapat menyebabkan penurunan keanekaragaman hayati, terutama pada spesies yang sensitif terhadap perubahan lingkungan.

Identifikasi spesies ikan secara akurat dapat dilakukan melalui pendekatan morfologi dan molekuler. Identifikasi morfologi berguna untuk mengenali ciri fisik, namun memiliki keterbatasan terutama pada tahap perkembangan awal. Oleh karena itu, pendekatan molekuler seperti DNA *barcoding* menjadi metode yang efektif untuk identifikasi spesies secara tepat. Gen mitokondria *cytochrome c oxidase subunit 1 (CO1)* merupakan penanda molekuler yang umum digunakan dalam studi taksonomi dan keragaman genetik ikan (Hebert et al., 2003; Zuhdi & Madduppa, 2020; Sianturi et al., 2021).

Informasi mengenai spesies ikan dewa di wilayah Jawa Tengah, khususnya di Sungai Pelus (Kabupaten Banyumas) dan Sungai Tutung Gunung (Kabupaten Purbalingga), masih sangat terbatas. Berdasarkan informasi dari masyarakat dan media sosial, ikan dewa masih ditemukan di kedua sungai tersebut, namun belum ada kajian ilmiah yang mendokumentasikan karakteristik morfologi dan biodiversitasnya. Penelitian ini menjadi penting untuk mengetahui kondisi lingkungan perairan serta keanekaragaman spesies ikan dewa sebagai dasar pelestarian dan pengembangan budidaya lokal (Aprilia et al., 2023).

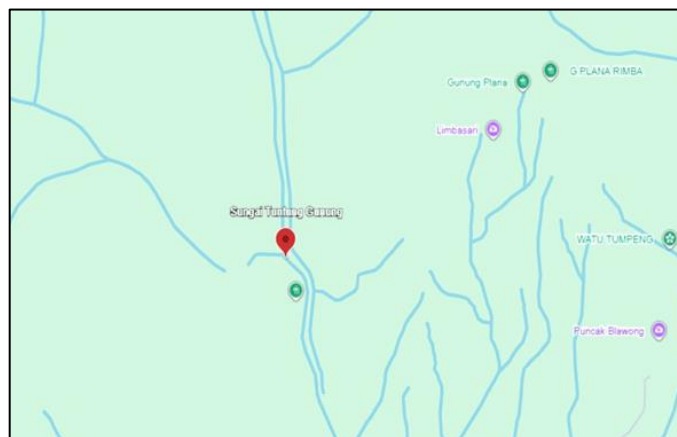
Penelitian ini bertujuan untuk menganalisis karakteristik morfologi dan biodiversitas ikan dewa (*Tor sp.*) yang terdapat di Sungai Pelus dan Sungai Tutung Gunung, Provinsi Jawa Tengah, sebagai upaya mendukung konservasi dan pemanfaatan berkelanjutan sumber daya ikan lokal.

METODE PENELITIAN

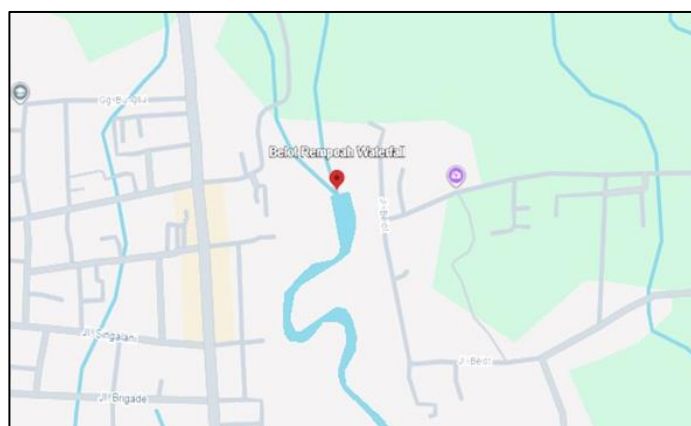
Penelitian ini menggunakan pendekatan survei dengan pengumpulan data secara langsung di lapangan. Sampel ikan dewa (*Tor sp.*) diperoleh dari Sungai Pelus dan Sungai Tutung Gunung melalui metode pemancingan serta bantuan masyarakat lokal yang memiliki pengalaman dalam menangkap ikan tersebut. Ikan hasil tangkapan kemudian dibawa ke Laboratorium Akuakultur, Fakultas Pertanian dan Perikanan, untuk dilakukan identifikasi berdasarkan karakter morfologi dan analisis biomolekuler.

1. Lokasi dan Waktu Penelitian

Penelitian ini dilaksanakan di dua lokasi sungai yang terletak pada wilayah administratif berbeda. Pemilihan stasiun pengambilan sampel dilakukan secara purposive, berdasarkan pertimbangan karakteristik ekologis dan representativitas habitat ikan dewa (*Tor sp.*). Lokasi pertama berada di Sungai Pelus, Desa Rempoah, Kecamatan Baturaden, Kabupaten Banyumas (Gambar 1), sedangkan lokasi kedua terletak di Sungai Tutung Gunung, Desa Limbasari, Kecamatan Bobotsari, Kabupaten Purbalingga (Gambar 2). Kegiatan penelitian berlangsung selama enam bulan, yaitu dari bulan Juli hingga Desember 2024.



Gambar 1. Lokasi pengambilan sample Ikan Dewa di Hulu Sungai Pelus Kabupaten Banyumas (koordinat 7°21'31.94"S 109°14'25.99"E)



Gambar 2. Lokasi pengambilan sample Ikan Dewa di Hulu Sungai Tutung Gunung Kabupaten Purbalingga (koordinat 7°15'17"S 109°22'37"E)

2. Alat dan Bahan Penelitian

Alat dan bahan yang digunakan untuk penelitian meliputi:

- Alat pancing
- Peralatan bedah ikan
- Microcentrifuge tube 1.5 mL
- Micropestle
- Eppendorf tubes
- Mikropipet dan tip
- Vortex
- Centrifuge
- Waterbath
- Hotplate dan stirrer
- Timbangan analitik
- Mesin PCR
- Elektroforesis
- UV Transilluminator dan kamera
- Primer universal LCO1490 dan HCO2198 masing-masing 1 µL
- DNA Template: 1 µL
- MyTaq HS Red Mix 2x: 25 µL
- Air bebas nuklease (DH₂O): 22 µL
- Gel agarose 1,5%.

3. Pengambilan Data

Pengumpulan data diawali dengan pengambilan sampel ikan dewa (*Tor sp.*) di lokasi penelitian. Sampel yang diperoleh kemudian dianalisis di Laboratorium Akuakultur, Fakultas Pertanian dan Perikanan, Universitas Muhammadiyah Purwokerto untuk mengamati karakteristik morfologi serta melakukan analisis biomolekuler.

4. Pengolahan dan Analisis Sampel

a. Identifikasi Morfologi

Karakter morfologi ikan dewa diamati berdasarkan ciri fisik seperti bentuk ekor, warna tubuh, ukuran dan bentuk lobus bibir bawah, letak mulut, serta keberadaan lobus median bawah (Listyarini et al., 2022).

b. Ekstraksi dan Amplifikasi DNA

Ekstraksi DNA dilakukan menggunakan protokol Zymo Research DNA Purification. Amplifikasi DNA dilakukan dengan MyTaq™ HS Red Mix Boline menggunakan primer universal:

- LCO1490: 5'-GGT CAA CAA ATC ATA AAG ATA TTG G-3'
- HCO2198: 5'-TAA ACT TCA GGG TGA CCA AAA AAT CA-3'

Komposisi reaksi PCR:

- DNA Template: 1 µL
- Primer LCO1490 dan HCO2198: masing-masing 1 µL
- MyTaq HS Red Mix 2x: 25 µL
- Air bebas nuklease (DH₂O): 22 µL

Siklus PCR dilakukan sebanyak 40 kali dengan kondisi:

- Inisiasi denaturasi: 95°C selama 2 menit

- Denaturasi: 95°C selama 15 detik
- Annealing: 48°C selama 30 detik
- Ekstensi: 72°C selama 15 detik
- Final ekstensi: 72°C selama 5 menit

c. Elektroforesis DNA

Hasil PCR dianalisis menggunakan elektroforesis gel agarose 1,5%. Visualisasi dilakukan dengan UV Transilluminator. DNA yang berhasil diamplifikasi kemudian dikirim ke PT. Genetika Sciences Indonesia untuk proses sekuensing.

5. Analisis Data

a. Analisis Morfologi

Data morfologi dianalisis secara deskriptif dan dibandingkan dengan referensi morfologi spesies *Tor* yang telah dipublikasikan (Listyarini et al., 2022).

b. Analisis Sekuensing DNA

Hasil sekuensing DNA dianalisis menggunakan perangkat lunak MEGA 12 untuk melihat susunan basa nukleotida.

c. Analisis BLAST

Data sekuen dibandingkan dengan database GenBank menggunakan fasilitas *Basic Local Alignment Search Tool* (BLAST) pada laman <https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi> untuk mengidentifikasi spesies berdasarkan kesamaan urutan DNA (Jamaluddin et al., 2024).

d. Analisis Filogenetik

Pohon filogenetik dibangun menggunakan metode *Neighbor-Joining Tree* dengan 1000 *bootstrap replication* melalui aplikasi MEGA 12.

e. Analisis Biodiversitas

Keanekaragaman spesies dianalisis menggunakan indeks Shannon-Wiener (Odum, 1993) seperti pada (1).

$$H' = - \sum_{i=1}^n p_i \ln p_i \tag{1}$$

Keterangan:

- H' : Indeks keanekaragaman
- p_i : Proporsi individu spesies ke- i
- n : Jumlah spesies

Kategori Indeks Keanekaragaman:

- ≤ 1 : Rendah
- 1 – 3: Sedang
- ≥ 3 : Tinggi

Indeks Dominansi Simpson (Odum, 1993) mengikuti formula (2).

$$C = \sum_{i=1}^n p_i^2 \tag{2}$$

Kategori Indeks Dominansi:

- $0 < C \leq 0.5$: Dominansi Rendah
- $0.5 < C \leq 0.75$: Dominansi Sedang
- $0.75 < C \leq 1.0$: Dominansi Tinggi

HASIL DAN PEMBAHASAN

1. Morfologi Ikan Dewa

Pengamatan morfologi dilakukan terhadap sampel ikan dewa yang diperoleh dari dua lokasi, yaitu Sungai Pelus (Kabupaten Banyumas) dan Sungai Tutung Gunung (Kabupaten Purbalingga). Parameter morfometrik yang diukur meliputi tinggi tubuh, panjang standar, panjang total, dan berat total. Hasil pengukuran menunjukkan adanya variasi ukuran antara sampel dari kedua lokasi.

Rata-rata ukuran ikan dari Sungai Pelus adalah tinggi tubuh $1,67 \pm 0,90$ cm, panjang standar $6,51 \pm 2,95$ cm, panjang total $8,19 \pm 3,74$ cm, dan berat total $7,77 \pm 10,02$ g. Sementara itu, ikan dari Sungai Tutung Gunung memiliki ukuran yang lebih besar, dengan tinggi tubuh $2,48 \pm 1,20$ cm, panjang standar $9,28 \pm 4,58$ cm, panjang total $11,7 \pm 5,86$ cm, dan berat total $23,94 \pm 20,60$ g. Rincian hasil pengukuran disajikan pada Tabel 1.

Tabel 1. Rata-rata ukuran morfometrik ikan dewa dari dua lokasi penelitian

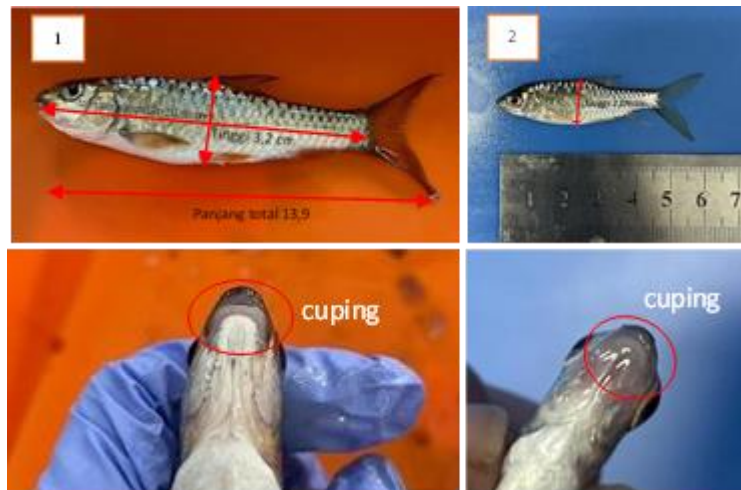
Lokasi	Tinggi (cm)	Panjang Standar (cm)	Panjang Total (cm)	Berat Total (g)	Spesies
Banyumas	$1,67 \pm 0,90$	$6,51 \pm 2,95$	$8,19 \pm 3,74$	$77,7 \pm 10,02$	<i>Tor tambroides</i> , <i>Tor tambra</i>
Purbalingga	$2,48 \pm 1,2$	$9,28 \pm 4,58$	$11,7 \pm 5,86$	$23,94 \pm 20,60$	<i>Tor tambroides</i>

Secara morfologis, ikan dewa dari kedua lokasi menunjukkan bentuk tubuh yang relatif seragam, yaitu memanjang dari kepala hingga ekor, bibir tebal dengan lobus panjang pada bagian bawah. Warna tubuh yang diamati terdiri dari dua variasi utama, yaitu zaitun dan keperakan. Sampel dari Banyumas menunjukkan adanya variasi bentuk tubuh, di mana salah satu individu memiliki tubuh yang lebih membidang dan kepala berbentuk segitiga, serta cuping bawah mulut yang pipih dan dapat dibuka (Gambar 3 dan 4).

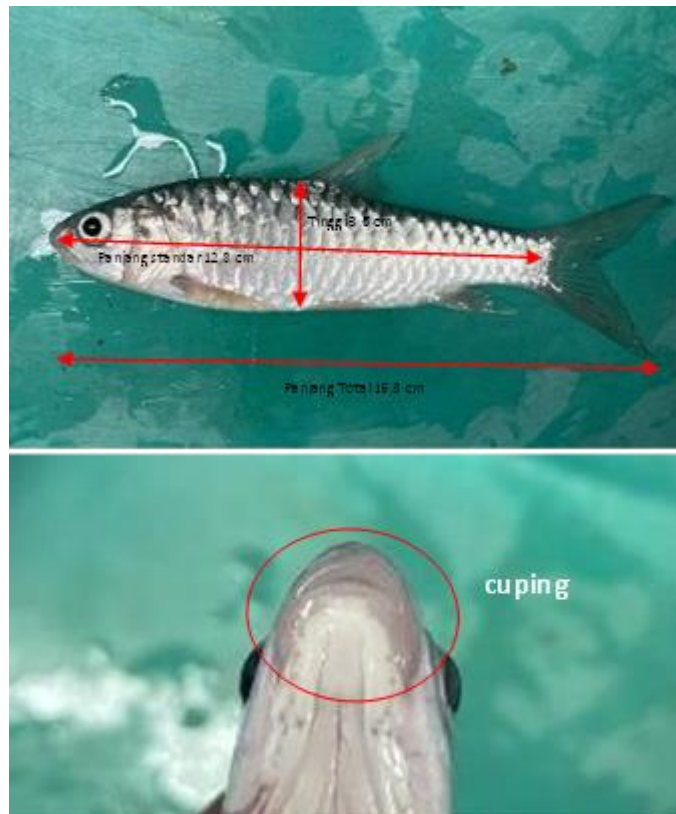
Menurut Listyarini et al. (2022), *Tor tambra* memiliki ciri morfologi berupa ekor bercagak, warna tubuh zaitun gelap hingga kemerahan, lobus bibir pendek, dan mulut sub-terminal. Sementara *Tor tambroides* memiliki ekor bercagak, warna tubuh keperakan atau perunggu, lobus bibir panjang, dan mulut sub-terminal. Berdasarkan karakter tersebut, ikan dengan warna zaitun cenderung memiliki kedekatan morfologi dengan *Tor tambra*, sedangkan ikan berwarna keperakan lebih menyerupai *Tor tambroides*. Namun, identifikasi spesies secara morfologi memiliki keterbatasan, terutama pada tahap perkembangan awal atau ketika terjadi kemiripan antar spesies.

Variasi morfologi dan warna tubuh ikan dapat dipengaruhi oleh faktor lingkungan seperti perbedaan geografis, kondisi habitat, dan adaptasi terhadap tekanan ekologis lokal (Strauss & Bond, 1990 dalam Listyarini et al., 2022). Selain itu, jumlah sampel, variasi ukuran, dan ketelitian dalam pengukuran juga dapat memengaruhi hasil identifikasi.

Kesamaan bentuk tubuh antar individu dari lokasi berbeda dapat menunjukkan adanya kekerabatan genetik atau adaptasi terhadap lingkungan yang serupa (Wijayanti et al., 2017). Oleh karena itu, untuk memperoleh identifikasi spesies yang lebih akurat, diperlukan pendekatan molekuler seperti DNA *barcoding* (Saleky et al., 2021).



Gambar 3. Ikan Dewa dari Banyumas (1. *Tor tambroides*, 2. *Tor tambra*)



Gambar 4. Ikan Dewa dari Purbalingga (*Tor tambroides*)

Variasi warna dalam sampel dapat disebabkan oleh beberapa faktor diantaranya perbedaan lokasi sampel dengan lingkungan tempat tinggal berbeda, variasi geografis di antara populasi yang berkaitan dengan perbedaan respon terhadap lingkungan, jumlah sampel, variasi ukuran, dan tingkat ketelitian dan kesalahan dalam perhitungan (Strauss & Bond, 1990 dalam Listyarini et al., 2022). Umumnya ikan diidentifikasi secara morfologi tetapi banyak kasus kemiripan yang mengakibatkan tidak dapat diidentifikasi pada tahap tertentu, sehingga dibutuhkan identifikasi dengan pendekatan DNA *barcoding* (Saleky et al., 2021).

2. Analisis Biomolekuler

Identifikasi spesies ikan dewa berdasarkan karakter morfologi memiliki keterbatasan, terutama ketika terdapat kemiripan antar individu atau variasi bentuk yang tidak konsisten. Oleh karena itu, pendekatan molekuler melalui analisis DNA digunakan untuk memperoleh identifikasi spesies yang lebih akurat. Analisis dilakukan dengan metode DNA *barcoding* menggunakan gen mitokondria *cytochrome c oxidase subunit 1* (CO1), yang kemudian direkonstruksi dalam bentuk pohon filogenetik.

Pohon filogenetik dibangun menggunakan metode *Neighbor Joining Blast Tree* berdasarkan hasil pencocokan sekuen DNA melalui fasilitas BLAST pada database NCBI. Metode ini memungkinkan estimasi hubungan evolusioner antar spesimen berdasarkan kemiripan sekuen DNA, serta menghasilkan pengelompokan spesies dalam bentuk *clade* (Jamaluddin et al., 2024).

Hasil analisis filogenetik menunjukkan bahwa sampel ikan dewa dari Kabupaten Banyumas dan Kabupaten Purbalingga terbagi ke dalam dua kelompok utama (Gambar 5). Grup 1 terdiri dari satu individu dari Banyumas (Banyumas 2) yang menunjukkan kedekatan dengan spesies *Tor tambra*. Grup 2 terdiri dari individu Banyumas 1 dan lima individu dari Purbalingga (Purbalingga 1–5), yang menunjukkan kedekatan dengan spesies *Tor tambroides*.

Sebagai pembanding (*outgroup*), digunakan satu spesies dari genus lain yaitu *Barbodes binotatus*. Percabangan pada pohon filogenetik didukung oleh nilai *bootstrap* yang tinggi, yaitu 100% untuk Grup 1 dan 99% untuk Grup 2, yang menunjukkan tingkat kepercayaan tinggi terhadap struktur pohon yang dihasilkan. Nilai *bootstrap* merupakan indikator statistik yang menunjukkan konsistensi percabangan dalam pohon filogenetik berdasarkan replikasi acak dari dataset nukleotida (Dailami et al., 2021).

Meskipun pengelompokan spesies telah terlihat jelas, terdapat variasi jarak genetik antar individu dalam satu grup. Jarak genetik dihitung menggunakan metode Kimura 2-Parameter pada aplikasi MEGA12. Hasil analisis menunjukkan bahwa jarak genetik antar sampel berkisar antara 0.0000000000 hingga 0.0411122116 (Tabel 2). Nilai jarak genetik terendah ditemukan antara Banyumas 1, Purbalingga 4, dan Purbalingga 5, sedangkan nilai tertinggi ditemukan antara Banyumas 2 dan Purbalingga 2.

Tabel 2. Jarak genetik antar Ikan Dewa menggunakan Kimura 2 Parameter

	Purbalingga 5	Purbalingga 4	Purbalingga 3	Purbalingga 1	Purbalingga 2	Banyumas 2	Banyumas 1
Purbalingga_5							
Purbalingga_4	0.0000000000						
Purbalingga_3	0.0050104725	0.0050104725					
Purbalingga_1	0.0016632029	0.0016632029	0.0066890445				
Purbalingga_2	0.0151098191	0.0151098191	0.0083668984	0.0168098296			
Banyumas_2	0.0273105422	0.0273105422	0.0325088104	0.0290204531	0.0411122116		
Banyumas_1	0.0000000000	0.0000000000	0.0050104725	0.0016632029	0.0151098191	0.0273105422	

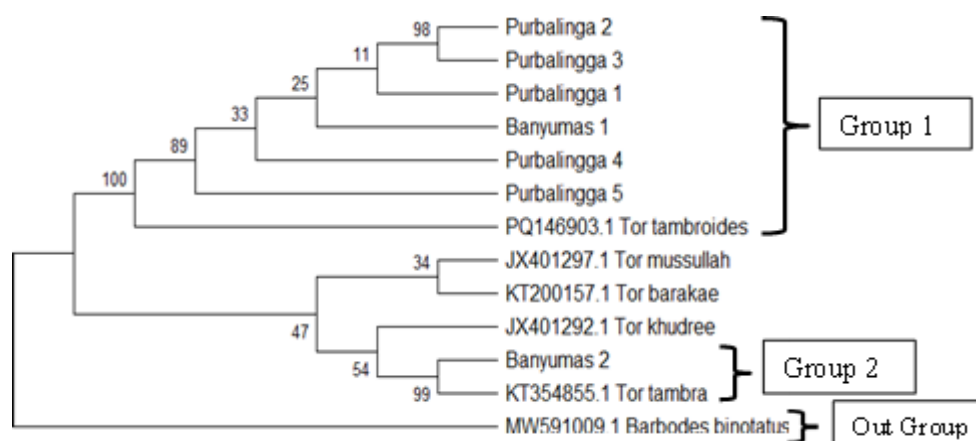
Analisis hubungan kekerabatan antar spesies ikan dewa (*Tor* sp.) dilakukan berdasarkan nilai jarak genetik masing-masing individu (Yuliani et al., 2017). Hasil analisis menunjukkan bahwa sampel ikan dari Kabupaten Banyumas (Banyumas 1 dan Banyumas 2) memiliki jarak genetik yang cukup tinggi, yaitu sebesar 2,73105422. Nilai ini mengindikasikan bahwa kedua individu tersebut kemungkinan berasal dari spesies yang berbeda. Sebaliknya, sampel ikan dari Kabupaten Purbalingga (Purbalingga 1 hingga

Purbalingga 5) menunjukkan variasi jarak genetik yang lebih rendah, dengan nilai minimum 0 dan maksimum 1,68098296.

Nilai jarak genetik yang rendah (< 0.02) menunjukkan kedekatan genetik antar individu, sedangkan nilai yang lebih tinggi menunjukkan adanya perbedaan genetik yang signifikan. Hasil ini memperkuat dugaan bahwa Banyumas 1 dan Banyumas 2 merupakan individu dari spesies yang berbeda, meskipun berasal dari lokasi geografis yang sama. Sementara itu, sampel dari Purbalingga menunjukkan variasi genetik yang relatif kecil, yang mengindikasikan bahwa mereka berasal dari satu spesies yang sama (*Tor tambroides*).

Perbedaan jarak genetik antar individu dapat dipengaruhi oleh berbagai faktor, seperti kondisi habitat yang berbeda, keterbatasan konektivitas antar populasi, serta jarak geografis yang memengaruhi aliran gen (Saleky & Dailami, 2021; Shen et al., 2013). Variasi genetik dalam satu spesies umumnya berada di bawah ambang batas 2% (Shen et al., 2013), sehingga nilai-nilai yang diperoleh dalam penelitian ini masih berada dalam rentang yang dapat diterima untuk spesies yang sama, kecuali pada individu Banyumas 2 yang menunjukkan perbedaan signifikan.

Percabangan kelompok pada pohon filogenetik didukung oleh nilai *bootstrap* yang tinggi, yaitu 100% pada kelompok 1 dan 99% pada kelompok 2. Nilai *bootstrap* yang tinggi mencerminkan tingkat kepercayaan yang kuat terhadap struktur percabangan yang terbentuk dalam rekonstruksi pohon filogenetik. *Bootstrap* merupakan metode statistik yang menunjukkan persentase kemunculan suatu *clade* (kelompok) dalam pohon filogenetik yang dibangun secara berulang, berdasarkan dataset nukleotida yang diacak dari data awal sesuai jumlah replikasi yang ditentukan (Dailami et al., 2021). Kesesuaian sekuen DNA ikan dewa dengan spesies yang tercantum dalam basis data NCBI menunjukkan adanya hubungan filogenetik antara isolat yang dianalisis dengan spesies yang telah teridentifikasi. Meskipun kedekatan filogenetik antara ikan dewa dari Kabupaten Banyumas dan Kabupaten Purbalingga telah tergambarkan dalam pohon filogenetik (Gambar 5) yang membentuk dua kelompok utama, yaitu kelompok 1 dan kelompok 2, namun masih terdapat variasi jarak genetik antar individu dalam masing-masing kelompok, terutama pada sampel Banyumas 1, Purbalingga 1, Purbalingga 2, Purbalingga 3, Purbalingga 4, dan Purbalingga 5.



Gambar 5. Pohon filogenetik spesies Tor dari setiap lokasi pengambilan sampel, dibangun berdasarkan urutan gen subunit I sitokrom c oksidase (COI), dan dibandingkan dengan spesies Tor referensi yang diambil dari GenBank.

Variasi jarak genetik dalam satu spesies mencerminkan adanya perbedaan urutan sekuens DNA antar individu, meskipun masih termasuk dalam spesies yang sama. Perbedaan tersebut dapat diamati pada Gambar 6, di mana sekuens yang identik ditandai dengan simbol (*) dan sekuens yang berbeda tidak memiliki penanda tersebut. Semakin rendah nilai jarak genetik antar individu menunjukkan semakin sedikit perbedaan pasangan basa, yang umumnya berkorelasi dengan tingkat kemiripan morfologi yang lebih tinggi (Simbolon et al., 2021). Selain faktor biologis, perbedaan urutan sekuens juga dapat disebabkan oleh faktor teknis, seperti kesalahan dalam proses analisis data, kualitas DNA yang kurang optimal, atau kemungkinan keberadaan spesies baru yang belum terdokumentasi dalam basis data NCBI.

Purbalingga_2	-CCGCGCTTAAGCCTTCTCATCCGGGCTGAACCTAAGCCAACCCGGATCGCTTCTAGGTGA	59
Purbalingga_1	ACCGCCTTAA-GCCTTCTCATCCGGGCTGAACCTAAGCCAACCCGGATCGCTTCTAGGTGA	59
Purbalingga_5	ACCGCCTTAAGCCTT-CTCATCCGGGCTGAACCTAAGCCAACCCGGATCGCTTCTAGGTG-	58
Purbalingga_4	ACCGCCTTAAGCCTTCTCATGCTCCGGGCTGAACCTAAGCCAACCCGGATCGCTTCTAAGGT	60
Purbalingga_3	--CCGCGCTTAAGCCTTCTCATCCGGGCTGAACCTAAGCCAACCCGGATCGCTTCTAGGTGA	58
Banyumas_1	ACCGCCTTAA-GCCTTCTCATCCGGGCTGAACCTAAGCCAACCCGGATCGCTTCTAGGTGA	59
	* * * * *	
Purbalingga_2	TG---ACCAAATTTATAATGTTATCGTCACTGCTCAGCGCTTC---TAAATAATCTTC	111
Purbalingga_1	--TG--ACCAAATTTATAATGTTATCGTCACTGCTCAGCGCTTC----GTAATAATCTTC	111
Purbalingga_5	-ATGACCAA--TTTATAATGTTATCGTCACTGCTCAGCGCTTCG----TAATAATCTTC	111
Purbalingga_4	GATGACCAAATTTATAATGTTATCGTCACTGCTCAGCGCTTCGTAATAATCTATCTTC	120
Purbalingga_3	TGA--CCAAA--TTTATAATGTTATCGTCACTGCTCAGCGCTTCG----TAATAATCTTC	110
Banyumas_1	--TG--ACCAAATTTATAATGTTATCGTCACTGCTCAGCGCTTC----GTAATAATCTTC	111
	* * * * *	
Purbalingga_2	TTTATAGTAATACCCATTCATTTGGAGGATTTGAAACTGGCTTGTGCCACTAATAAT	171
Purbalingga_1	TTTATAGTAATACCCATTCATTTGGAGGATTTGAAACTGGCTTGTGCCACTAATAAT	171
Purbalingga_5	TTTATAGTAATACCCATTCATTTGGAGGATTTGAAACTGGCTTGTGCCACTAATAAT	171
Purbalingga_4	TATAGTAATAACCCATTCATTTGGAGGATTTGAAACTGGCTTGTGCCACTAATAAT	180
Purbalingga_3	TTTATAGTAATACCCATTCATTTGGAGGATTTGAAACTGGCTTGTGCCACTAATAAT	170
Banyumas_1	TTTATAGTAATACCCATTCATTTGGAGGATTTGAAACTGGCTTGTGCCACTAATAAT	171
	* * * * *	
Purbalingga_2	GGAGCCCCAGACATGGCGTTCCACGATAAATAACATAAGCTTTTGACTACTACCCCGT	231
Purbalingga_1	GGAGCCCCAGACATGGCGTTCCACGATAAATAACATAAGCTTTTGACTACTACCCCGG	231
Purbalingga_5	GGAGCCCCAGACATGGCGTTCCACGATAAATAACATAAGCTTTTGACTACTACCCCGG	231
Purbalingga_4	GGAGCCCCAGACATGGCGTTCCACGATAAATAACATAAGCTTTTGACTACTACCCCGG	240
Purbalingga_3	GGAGCCCCAGACATGGCGTTCCACGATAAATAACATAAGCTTTTGACTACTACCCCGG	230
Banyumas_1	GGAGCCCCAGACATGGCGTTCCACGATAAATAACATAAGCTTTTGACTACTACCCCGG	231
	* * * * *	
Purbalingga_2	TCATTTCTTCTTACTAGCCTCTCCGGCGTTGAAGCTGGAGCTGGGACAGGATGAACA	291
Purbalingga_1	TCATTTCTTCTTACTAGCCTCTCCGGCGTTGAAGCTGGAGCTGGGACAGGATGAACA	291
Purbalingga_5	TCATTTCTTCTTACTAGCCTCTCCGGCGTTGAAGCTGGAGCTGGGACAGGATGAACA	291
Purbalingga_4	TCATTTCTTCTTACTAGCCTCTCCGGCGTTGAAGCTGGAGCTGGGACAGGATGAACA	300
Purbalingga_3	TCATTTCTTCTTACTAGCCTCTCCGGCGTTGAAGCTGGAGCTGGGACAGGATGAACA	290
Banyumas_1	TCATTTCTTCTTACTAGCCTCTCCGGCGTTGAAGCTGGAGCTGGGACAGGATGAACA	291
	* * * * *	
Purbalingga_2	GTTTATCCGCCTTTGACAGTAACCTGGCCACGACAGGAGCATCAGTAGACCTGACAATC	351
Purbalingga_1	GTTTATCCGCCTTTGACAGTAACCTGGCCACGACAGGAGCATCAGTAGACCTGACAATC	351
Purbalingga_5	GTTTATCCGCCTTTGACAGTAACCTGGCCACGACAGGAGCATCAGTAGACCTGACAATC	351
Purbalingga_4	GTTTATCCGCCTTTGACAGTAACCTGGCCACGACAGGAGCATCAGTAGACCTGACAATC	360
Purbalingga_3	GTTTATCCGCCTTTGACAGTAACCTGGCCACGACAGGAGCATCAGTAGACCTGACAATC	350
Banyumas_1	GTTTATCCGCCTTTGACAGTAACCTGGCCACGACAGGAGCATCAGTAGACCTGACAATC	351
	* * * * *	
Purbalingga_2	TTTTCACTCCACTTAGCAGGTGTCTCATCAATTCTGGGGCAATTAACCTTTATTACTACA	411
Purbalingga_1	TTTTCACTCCACTTAGCAGGTGTCTCATCAATTCTGGGGCAATTAACCTTTATTACTACA	411
Purbalingga_5	TTTTCACTCCACTTAGCAGGTGTCTCATCAATTCTGGGGCAATTAACCTTTATTACTACA	411
Purbalingga_4	TTTTCACTCCACTTAGCAGGTGTCTCATCAATTCTGGGGCAATTAACCTTTATTACTACA	420
Purbalingga_3	TTTTCACTCCACTTAGCAGGTGTCTCATCAATTCTGGGGCAATTAACCTTTATTACTACA	410
Banyumas_1	TTTTCACTCCACTTAGCAGGTGTCTCATCAATTCTGGGGCAATTAACCTTTATTACTACA	411
	* * * * *	
Purbalingga_2	ACAATTAACATAAAACCCCGAGCATTCCCAATATCAAACACCTTTATTGTTGATCC	471
Purbalingga_1	ACAATTAACATAAAACCCCGAGCATTCCCAATATCAAACACCTTTATTGTTGATCC	471
Purbalingga_5	ACAATTAACATAAAACCCCGAGCATTCCCAATATCAAACACCTTTATTGTTGATCC	471
Purbalingga_4	ACAATTAACATAAAACCCCGAGCATTCCCAATATCAAACACCTTTATTGTTGATCC	480
Purbalingga_3	ACAATTAACATAAAACCCCGAGCATTCCCAATATCAAACACCTTTATTGTTGATCC	470
Banyumas_1	ACAATTAACATAAAACCCCGAGCATTCCCAATATCAAACACCTTTATTGTTGATCC	471
	* * * * *	
Purbalingga_2	GTACTTGTAACCCCGTACTACTACTCCTATCATTACCAGTCCTAGCCGCTGGGATTACA	531
Purbalingga_1	GTACTTGTAACCCCGTACTACTACTCCTATCATTACCAGTCCTAGCCGCTGGGATTACA	531
Purbalingga_5	GTACTTGTAACCCCGTACTACTACTCCTATCATTACCAGTCCTAGCCGCTGGGATTACA	531
Purbalingga_4	GTACTTGTAACCCCGTACTACTACTCCTATCATTACCAGTCCTAGCCGCTGGGATTACA	540
Purbalingga_3	GTACTTGTAACCCCGTACTACTACTCCTATCATTACCAGTCCTAGCCGCTGGGATTACA	530
Banyumas_1	GTACTTGTAACCCCGTACTACTACTCCTATCATTACCAGTCCTAGCCGCTGGGATTACA	531
	* * * * *	
Purbalingga_2	ATACTTCTAACAGACCGAAATCTTAACACCACATTCTTTGACCCAGCAGGTGGAGGAGAC	591
Purbalingga_1	ATACTTCTAACAGACCGAAATCTTAACACCACATTCTTTGACCCAGCAGGTGGAGGAGAC	591
Purbalingga_5	ATACTTCTAACAGACCGAAATCTTAACACCACATTCTTTGACCCAGCAGGTGGAGGAGAC	591
Purbalingga_4	ATACTTCTAACAGACCGAAATCTTAACACCACATTCTTTGACCCAGCAGGTGGAGGAGAC	600
Purbalingga_3	ATACTTCTAACAGACCGAAATCTTAACACCACATTCTTTGACCCAGCAGGTGGAGGAGAC	590
Banyumas_1	ATACTTCTAACAGACCGAAATCTTAACACCACATTCTTTGACCCAGCAGGTGGAGGAGAC	591

Gambar 6. Hasil penjajaran sekuens sampel kemiripan dengan *tor tambroides* menggunakan *Clustalw alignment*

Berdasarkan hasil analisis molekuler, ikan dewa (*Tor sp.*) yang ditemukan di Sungai Pelus menunjukkan tingkat kekerabatan yang cukup jauh, dengan teridentifikasinya dua spesies berbeda, yaitu *Tor tambroides* (Banyumas 1) dan *Tor tambra* (Banyumas 2). Sebaliknya, ikan dewa dari Sungai Tutung Gunung menunjukkan kekerabatan yang lebih dekat, di mana seluruh sampel (Purbalingga 1 hingga Purbalingga 5) termasuk dalam spesies *Tor tambroides*. Kedekatan genetik antara individu *Tor tambroides* dari Banyumas dan Purbalingga kemungkinan dipengaruhi oleh adanya konektivitas hidrologis antara Sungai Pelus dan Sungai Tutung Gunung, serta kesamaan kondisi habitat di kedua lokasi (Saleky & Dailami, 2021). Keberadaan spesies yang teridentifikasi dalam penelitian ini juga didukung oleh kondisi ekologi yang relatif masih terjaga di bagian hulu kedua sungai. Faktor lingkungan dan kondisi alam diketahui berperan penting dalam menentukan tingkat keanekaragaman spesies ikan di suatu perairan (Komberem et al., 2022).

3. Analisis Biodiversitas

Setelah spesies ikan dewa berhasil diidentifikasi melalui pendekatan morfologi dan molekuler, dilakukan analisis biodiversitas untuk mengetahui tingkat keanekaragaman dan dominansi spesies pada masing-masing lokasi penelitian. Hasil identifikasi spesies disajikan pada Tabel 3.

Tabel 3. Hasil identifikasi spesies Ikan Dewa dari dua lokasi penelitian

Lokasi	Kode	Spesies
Sungai Pelus, Banyumas	Banyumas 1	<i>Tor Tambroides</i>
	Banyumas 2	<i>Tor Tambra</i>
Sungai Tutung Gunung, Purbalingga	Purbalingga 1	<i>Tor Tambroides</i>
	Purbalingga 2	<i>Tor Tambroides</i>
	Purbalingga 3	<i>Tor Tambroides</i>
	Purbalingga 4	<i>Tor Tambroides</i>
	Purbalingga 5	<i>Tor Tambroides</i>

Di Sungai Pelus ditemukan dua spesies ikan dewa, yaitu *Tor tambroides* dan *Tor tambra*, masing-masing dari satu individu. Sementara itu, di Sungai Tutung Gunung, seluruh lima sampel yang diperoleh teridentifikasi sebagai *Tor tambroides*, menunjukkan dominasi satu spesies.

Untuk menilai karakteristik biodiversitas, dilakukan penghitungan indeks keanekaragaman Shannon-Wiener (H') dan indeks dominansi Simpson (C). Hasil analisis disajikan pada Tabel 3 dan Tabel 4.

Table 3. Indeks Keanekaragaman (H') di Sungai Pelus dan Sungai Tutung Gunung

Lokasi	Nilai Indeks Keanekaragaman	Kategori
Sungai Pelus, Banyumas	0,69	Rendah
Sungai Tutung Gunung, Purbalingga	0	Rendah

Nilai indeks keanekaragaman digunakan untuk mengukur tingkat variasi spesies dalam komunitas ikan dewa. Hasil menunjukkan bahwa Sungai Pelus memiliki nilai H' sebesar 0,69, yang termasuk dalam kategori rendah. Sementara itu, Sungai Tutung Gunung memiliki nilai H' sebesar 0,00, yang juga termasuk kategori rendah. Rendahnya nilai keanekaragaman ini menunjukkan bahwa komunitas ikan dewa di kedua sungai didominasi oleh sedikit spesies, yang dapat mencerminkan kondisi ekologis yang belum optimal

(Komberem et al., 2022; Wahyu et al., 2013). Nilai indeks keanekaragaman juga dipengaruhi oleh dominansi dari suatu spesies, semakin tinggi nilai dominansi maka nilai indeks keanekaragaman semakin kecil (Herawati et al., 2020).

Table 4. Indeks Dominansi Sungai Pelus dan Sungai Tutung Gunung

Lokasi	Nilai Indeks Dominansi	Kategori
Sungai Pelus, Banyumas	0,50	Sedang
Sungai Tuntung Gunung, Purbalingga	1	Tinggi

Indeks dominansi digunakan untuk mengetahui sejauh mana satu spesies mendominasi komunitas ikan dewa di suatu lokasi. Di Sungai Pelus, nilai C sebesar 0,50 menunjukkan dominansi sedang, sejalan dengan keberadaan dua spesies yang teridentifikasi. Sebaliknya, Sungai Tutung Gunung menunjukkan nilai C sebesar 1,00, yang mengindikasikan dominansi tinggi oleh satu spesies, yaitu *Tor tambroides* (Herawati et al., 2020; Fachrul, 2007).

Rendahnya keanekaragaman dan tingginya dominansi pada Sungai Tutung Gunung dapat disebabkan oleh beberapa faktor, seperti kondisi habitat yang kurang mendukung, tekanan ekologis, serta aktivitas penangkapan yang intensif. Dibandingkan dengan Sungai Lematang di Sumatera Selatan yang memiliki empat spesies Tor (Dan et al., 2008), kondisi biodiversitas di kedua sungai penelitian ini tergolong rendah. Selain itu, belum adanya praktik budidaya ikan dewa secara efektif juga dapat berkontribusi terhadap rendahnya keanekaragaman spesies di alam.

KESIMPULAN

Penelitian ini berhasil mengidentifikasi spesies ikan dewa (*Tor* sp.) yang terdapat di Sungai Pelus (Kabupaten Banyumas) dan Sungai Tutung Gunung (Kabupaten Purbalingga) melalui pendekatan morfologi dan biomolekuler. Hasil identifikasi menunjukkan bahwa:

1. Di Sungai Pelus ditemukan dua spesies, yaitu *Tor tambroides* dan *Tor tambra*, sedangkan di Sungai Tutung Gunung hanya ditemukan satu spesies, yaitu *Tor tambroides*.
2. Analisis filogenetik menunjukkan bahwa sampel ikan dewa terbagi ke dalam dua kelompok genetik yang berbeda, dengan nilai *bootstrap* tinggi (99–100%), yang memperkuat klasifikasi spesies.
3. Jarak genetik antar individu menunjukkan variasi yang signifikan, terutama antara Banyumas 1 dan Banyumas 2, yang mengindikasikan perbedaan spesies meskipun berasal dari lokasi yang sama.
4. Indeks keanekaragaman di kedua sungai tergolong rendah, dengan nilai H' sebesar 0,69 di Sungai Pelus dan 0,00 di Sungai Tutung Gunung. Indeks dominansi menunjukkan dominansi sedang di Sungai Pelus ($C = 0,50$) dan dominansi tinggi di Sungai Tutung Gunung ($C = 1,00$).
5. Temuan ini menunjukkan bahwa biodiversitas ikan dewa di kedua lokasi masih terbatas, dan terdapat indikasi tekanan ekologis yang memengaruhi keberadaan spesies.

UCAPAN TERIMA KASIH

Ucapan terima kasih kami sampaikan kepada Direktorat Riset, Teknologi, dan Pengabdian kepada Masyarakat, Kementerian Pendidikan dan Kebudayaan, Riset dan Teknologi, atas dukungan dana penelitian melalui Kontrak Induk Nomor 108/E5/PG.02.00.PL/2024 dan Subkontrak Nomor 018/LL6/PB/AL.04/2024.

DAFTAR PUSTAKA

- Aprilia, K., AS, A. P., & Rosmaiti, R. (2023). Studi Keanekaragaman Jenis Ikan Di Sungai Mati Alur Cucur Aceh Tamiang. *Jurnal Perikanan Unram*, 13(1), 72–80. <https://doi.org/10.29303/jp.v13i1.433>
- Dailami, M., Saleky, D., Toha, A. H. A., & Agamawan, L. P. I. (2022). Identifikasi Genetik Udang Mantis Dengan Pendekatan DNA Barcoding Gen Sitokrom Oksidase 1 (CO1). *ACROPORA: Jurnal Ilmu Kelautan Dan Perikanan Papua*, 5(1), 37–43. <https://doi.org/10.31957/acr.v5i1.2269>
- Dailami, M., Widyawati, Y., Toha, A. H. A., Perairan, S. B., Studi, P., Sumberdaya, M., Papua, U., & Artikel, I. (2021). *Identifikasi Genetik Ikan Teri dari Teluk Cenderawasih dengan pendekatan DNA Barcoding Genetic Identification of Anchovy from Cenderawasih Bay using DNA Barcoding Approach*. 3(2), 154–166. <https://doi.org/10.35724/mfmj.v3i2.3521>
- Dan, I., Ikan, H., Tor, S., Lematang, D. I. S., & Selatan, S. (2008). *IDENTIFIKASI DAN HABITAT IKAN SEMAH (Tor sp.) DI SUNGAI LEMATANG, SUMATERA SELATAN*. 113–116.
- Fachrul, M. . (2007). *Metode Sampling Bioekologi*. Bumi Aksara.
- Hebert, P. D. N., et al. (2003). *Biological identifications through DNA barcodes*. Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences, 270(1512), 313–321.
- Herawati, T., Sidik, R. A. R., Sahidin, A., & Herawati, H. (2020). Struktur Komunitas Ikan di Hilir Sungai Cimanuk Provinsi Jawa Barat pada Musim Penghujan. *Jurnal Perikanan Universitas Gadjah Mada*, 22(2), 113. <https://doi.org/10.22146/jfs.47655>
- Hidayati, Wahyuningsih, & Perwitasari1, D. A. (2021). Seminar Nasional Hasil Pengabdian Kepada Masyarakat. *Seminar Nasional Pengabdian Kepada Masyarakat*, 0(0), 851–858. <https://ojs.unm.ac.id/semnaslpm/article/view/18284>
- Jamaluddin, S. N., Fitriana, F., & Amirah, S. (2024). Molecular Identification of Endophytic Fungi Isolated from Bidara Root (*Ziziphus mauritiana* Lam.) Using Polymerase Chain Reaction (Pcr). *Journal Microbiology Science*, 4(1), 11–21. <https://doi.org/10.56711/jms.v4i1.994>
- Komberem, A. B., Elviana, S., & Sunarni. (2022). Monitoring Biodiversitas Ikan sebagai Bioindikator Kesehatan Lingkungan di Sekitar Muara Sungai Bian , Kabupaten Merauke Monitoring of Fish Biodiversity as a Bioindicator of Environmental Health around the Estuary of the Bian River , Merauke Regency Muara. *Nekton*, 2(1), 43–56.
- Larashati, S., Sulastri, Ridwansyah, I., Afandi, A. Y., & Novianti, R. (2020). Conservation efforts of ikan Batak (*Tor spp.* and *Neolissochilus spp.*) and its prospects to support ecotourism in Samosir Regency, North Sumatra Indonesia. *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science*, 535(1). <https://doi.org/10.1088/1755-1315/535/1/012041>
- Listyarini, D. W., Sulmartiwi, L., Hasan, V., & Andriyono, S. (2022a). Karakteristik Morfologi Dua Spesies Mahseer (*Cyprinidae*; *Torinae*) Asal Jawa Timur. *Jurnal Kelautan Dan Perikanan Terapan (JKPT)*, 5(2), 171. <https://doi.org/10.15578/jkpt.v5i2.11781>
- Listyarini, D. W., Sulmartiwi, L., Hasan, V., & Andriyono, S. (2022b). Morphological Characteristics Of Two Species Mahseers Fish (*Cyprinidae*; *Torinae*) From East Java. *Jurnal Kelautan Dan Perikanan Terapan*, 5(2), 171–178.

- Mahrus, H., Syukur, A., & Zulkifli, L. (2022). Morphological and molecular characters of Lemuru fish (*Sardinella lemuru*) from Tanjung Luar Waters, East Lombok. *Jurnal Biologi Tropis*, 22(4), 1474–1482. <https://doi.org/10.29303/jbt.v22i4.4555>
- Odum, E. P. (1993). *Dasar-dasar Ekologi* (T. Samingan (ed.); 3rd ed.).
- Paramudita, B. J. A., Hertati, R., & Syafrialdi, S. (2020). Studi Biodiversitas Ikan Di Perairan Sungai Batanghari Desa Bedaro Rampak Kecamatan Tebo Tengah Kabupaten Tebo Provinsi Jambi. *SEMAH Jurnal Pengelolaan Sumberdaya Perairan*, 4(2). <https://doi.org/10.36355/semahjpsp.v4i2.458>
- Rizkiya, I. (2021). *TERHADAP PERKEMBANGAN EMBRIO DAN DAYA TETAS TELUR IKAN DEWA (Tor soro) PROGRAM STUDI BIOLOGI 2021 M / 1442 H.*
- Saleky, D., & Dailami, M. (2021). *Konservasi Genetik Ikan Kakap Putih (Lates calcarifer , Bloch, 1790) melalui Pendekatan DNA Barcoding dan Analisis Filogenetik di Sungai Kumbe Merauke Papua.* 24(2), 141–150.
- Saleky, D., & Merly, S. L. (2021). *Pendekatan DNA Barcoding untuk Identifikasi Cassidula angulifera (Petit , 1841) (Moluska : Gastropoda).* 5(1), 55–64.
- Saleky, D., Sianturi, R., Dailami, M., & Kusuma, A. B. (2021). Kajian Molekuler Ikan *Oreochromis* spp. dari Perairan Daratan Merauke-Papua, Berdasarkan DNA Mitokondria Fragmen Gen Sitokrom Oksidase Subunit I. *Jurnal Perikanan Universitas Gadjah Mada*, 23(1), 37. <https://doi.org/10.22146/jfs.61026>
- Shen, Y. Y., Chen, X., & Murphy, R. W. (2013). Assessing DNA Barcoding as a Tool for Species Identification and Data Quality Control. *PLoS ONE*, 8(2), 1–5. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0057125>
- Sianturi, R., Dailami, M., & Saleky, D. (2021). Identifikasi dan Analisis Filogenetik Ikan Ekonomis Penting *Oreochromis* sp. dengan Pendekatan DNA Barcoding. *Bioscientist : Jurnal Ilmiah Biologi*, 9(2), 465. <https://doi.org/10.33394/bioscientist.v9i2.4027>
- Strauss, R. E., & Bond, C. E. (1990). *Chapter 4 Taxonomic Methods : Morphology. January 1990*, 109–140.
- Wahyu, D., Sriwidodo, E. K. O., & Budiharjo, A. (2013). Keanekaragaman jenis ikan di kawasan inlet dan outlet Waduk Gajah Mungkur Wonogiri. *Bioteknologi*, 10(2), 43–50. <https://doi.org/10.13057/biotek/c100201>
- Wijayanti, T., Suryaningsih, S., & Sukmaningrum, S. (2017). Analisis karakter truss morphometrics pada ikan kemprit (*Ilisha megaloptera* Swainson, 1839) familia Pristigasteridae. *Scripta Biologica*, 4(2), 109–112.
- Yuhana, M. I. S., Hendriyanto, D. A., & Sitanggang, M. (2021). *Budidaya Ikan Dewa*. PT Agro Media Pustaka.
- Yuliani, Y., Yuniaty, A., & Susanto, A. H. (2017). VARIASI SEKUENS DNA YANG DIAMPLIFIKASI MENGGUNAKAN PRIMER atpB-rbcL PADA BEBERAPA KULTIVAR KACANG TANAH. *Scripta Biologica*, 4(1), 11. <https://doi.org/10.20884/1.sb.2017.4.1.377>
- Zuhdi, M. F., & Madduppa, H. (2020). Identifikasi *Caesio* cunning berdasarkan Karakterisasi Morfometrik dan DNA Barcoding yang didaratkan di Pasar Ikan Muara Baru, Jakarta. *Jurnal Kelautan Tropis*, 23(2), 199–206. <https://doi.org/10.14710/jkt.v23i2.7036>