

## DAFTAR ISI

	<b>halaman</b>
HALAMAN JUDUL.....	i
HALAMAN PENGESAHAN .....	ii
PERNYATAAN.....	iii
KATA PENGANTAR.....	iv
DAFTAR ISI.....	vi
DAFTAR TABEL.....	viii
DAFTAR GAMBAR .....	ix
DAFTAR LAMPIRAN .....	xi
INTISARI .....	xii
<i>ABSTRACT</i> .....	xiii
<b>BAB I. PENDAHULUAN</b>	
A. Latar Belakang.....	1
B. Permasalahan.....	6
C. Tujuan Penelitian.....	6
D. Manfaat Penelitian.....	7
E. Ruang Lingkup Penelitian.....	7
<b>BAB II. KAJIAN PUSTAKA</b>	
A. Biologi Udang Windu.....	8
B. Domestikasi Udang Penaeidae .....	10
C. Filogeni Udang Penaeidae.....	10
D. DNA Barcoding dan <i>Cytochrome c oxidase sub unit I</i> .....	11
E. Studi Variasi Genetik Udang Windu di Indonesia .....	13
<b>BAB III. LANDASAN TEORI DAN HIPOTESIS</b>	
A. Landasan Teori .....	15
B. Hipotesis.....	16
<b>BAB IV. METODE PENELITIAN</b>	
A. Bahan .....	18
B. Alat.....	19
C. Prosedur Kerja.....	19

D. Analisa Data .....	21
BAB V. HASIL DAN PEMBAHASAN	
A. Hasil	
1. Rekonstruksi pohon filogeni dan variasi sekuen gen mitokondria <i>COI</i> ....	24
2. Variasi dalam <i>clade</i> .....	30
B. Pembahasan.....	31
BAB VI. SIMPULAN DAN SARAN	
A. Simpulan .....	36
B. Saran .....	36
RINGKASAN .....	37
SUMMARY .....	41
DAFTAR PUSTAKA.....	44
LAMPIRAN.....	50

## DAFTAR TABEL

	<b>halaman</b>
Tabel 1. Lokasi sampling, kode sampel, koordinat dan jumlah sampel <i>P. monodon</i>	18
Tabel 2. Komponen reaksi PCR untuk reaksi 25 µl .....	20
Tabel 3. Pengelompokan haplotipe <i>P. monodon</i> berdasarkan analisa sekuen gen mitokondria <i>COI</i> .....	27
Tabel 4. Rerata persentase jarak genetik berdasarkan 558-bp gen mitokondria <i>COI</i> antara dua <i>clade P. monodon</i> yang teridentifikasi dalam studi .....	28

## DAFTAR GAMBAR

	<b>halaman</b>
Gambar 1. Peta sebaran geografis <i>Penaeus monodon</i> di dunia yang ditandai dengan warna merah .....	9
Gambar 2. Lokasi sampel tujuh populasi <i>Penaeus monodon</i> (Sugama <i>et al</i> , 2002).....	13
Gambar 3. Peta asal indukan alam yang digunakan sebagai sumber genetik; 1. Ujung batee (Aceh), 2. Jepra (Jawa Tengah) dan 3. Takalar (Sulawesi Selatan).....	18
Gambar 4. Hasil amplifikasi gen mitokondria <i>COI</i> dengan primer HCO1490 dan LCO2198. Nomor urut sampel secara berturut-turut dari 1-13 adalah DG91-3, ACH1-3, JPR1-3 dan TKL1-4 (M=Marker 100bp) ..	24
Gambar 5. Pohon filogeni berdasarkan sekuen gen mitokondria <i>COI</i> yang dikonstruksi menggunakan PAUP* 4 berdasarkan metode <i>Neighbour-joining</i> dengan nilai bootstrap (1000 replikasi). Nilai tiap titik merepresentasikan nilai bootstrap dengan metode berturut-turut <i>Neighbour-joining</i> , <i>Maximum parsimony</i> dan <i>Maximum likelihood</i> . Hanya nilai bootstrap diatas 50 yang ditampilkan. PMO1-4 merupakan data sekuen <i>COI P. monodon</i> dari Genbank. (PSE= <i>Penaeus semisulcatus</i> dan PNO= <i>Penaeus notialis</i> sebagai outgroup) .....	25
Gambar 6. Pohon filogeni dengan pendekatan Bayesian berdasarkan sekuen gen mitokondria <i>COI</i> . Pohon filogeni dihasilkan dari program BEAST2 (A) dan MrBayes 3.2 (B) menggunakan model GTR+G. Nilai pada tiap titik merepresentasikan nilai <i>posterior probabilities</i> .....	26
Gambar 7. Variasi nukleotika pada sekuen gen mitokondria <i>COI</i> dari <i>P. monodon</i> yang dianalisis. Hanya <i>variable sites</i> yang ditampilkan. Penamaan haplotipe mengacu pada clade dan penomoran. Titik mengindikasikan identik dengan sekuen PMO-3 yang diambil dari <i>Genbank</i> dengan accession number KF714990 sebagai referensi. Nomor dibagian atas merupakan urutan basa.....	27

- Gambar 8. Analisa *Principal Coordinates Analysis* (PcoA) dari jarak genetik antara enam haplotipe *P. monodon* berdasarkan sekuen mitokondria *COI*. Analisa ini termasuk empat sekuen yang diambil dari *Genbank* sebagai referensi. Haplotipe HB2 hanya terdiri atas sekuen PMO-3... 29
- Gambar 9. Distribusi frekuensi dari jarak genetik intraspesifik dan interspesifik *P. monodon*. Jumlah total perbandingan 77 intraspesifik dan 70 interspesifik dari 17 sampel. Perbedaan genetik dihitung dengan metode Kimura 2 Parameter ..... 29
- Gambar 10. *Median joining haplotype network* berdasarkan gen mitokondria *COI* dari 17 individu *P. monodon*. Setiap bulatan merepresentasikan satu haplotipe dan ukuran merefleksikan frekuensi (anggota tiap haplotipe). Jarak antara bulatan mengacu pada perbedaan mutasi antar haplotipe. Warna menunjukkan *clade* ..... 30

## DAFTAR LAMPIRAN

	<b>halaman</b>
Lampiran 1. Sekuen gen mitokondria <i>COI Penaeus monodon</i> dalam penelitian ini .....	50
Lampiran 2. Sekuen gen mitokondria <i>COI Penaeus monodon</i> dari <i>GenBank</i> ..	53
Lampiran 3. Sekuen gen mitokondria <i>COI Penaeus semisulcatus</i> dan <i>Penaeus notialis</i> yang digunakan sebagai outgrup .....	54
Lampiran 4. Jarak genetik berdasarkan 558-bp sekuen gen mitokondria <i>COI Penaeus monodon</i> dalam studi ini dengan metode Kimura 2 parameter (Kimura, 1980). Warna biru menunjukkan keanekaragaman intraspesifik dalam <i>clade</i> A, sedangkan warna merah dalam <i>clade</i> B. warna kuning menunjukkan keanekaragaman interspesifik.....	55



UNIVERSITAS  
GADJAH MADA

**VARIASI GENETIK UDANG WINDU (*Penaeus monodon* Fabricius, 1798) BERDASARKAN GEN MITOKONDRIA COI**

AMRI YUDHISTIRA, Dra. Tuty Arisuryanti, M.Sc., Ph.D

Universitas Gadjah Mada, 2017 | Diunduh dari <http://etd.repository.ugm.ac.id/>