

DNA BARCODE DAN HAPLOTYPE NETWORK IKAN GUPPY (*POECILIA RETICULATA*) BERDASARKAN GEN COI

Habil Prasetyo Abrizal¹ Fara Salsa Refalina Sidarta²

Jurusan Biologi, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Negeri Surabaya

Jalan Ketintang, Ketintang, Gayungan, Kota Surabaya, Jawa Timur 60231

habilprasetyo26@gmail.com

ABSTRAK

Ikan guppy (*Poecilia reticulata*) merupakan spesies ikan air tawar anggota famili Poeciliidae yang berasal dari kawasan Amerika Selatan bagian timur laut dan kini telah menyebar luas ke berbagai benua, termasuk Asia. Di Indonesia, ikan guppy dijumpai hampir di seluruh badan air tawar, mulai dari sungai, saluran irigasi, hingga genangan air yang tercemar sekalipun. Kesenjangan data antara penelitian Ikan guppy (*Poecilia reticulata*) dibanding dengan luas persebarannya menjadi persoalan tersendiri dalam upaya dokumentasi keanekaragaman hayati ikan air tawar Indonesia secara komprehensif. Penelitian ini bertujuan untuk menganalisis jarak genetik, hubungan filogenetik, dan struktur haplotype ikan guppy (*Poecilia reticulata*) berdasarkan sekuen gen cytochrome oxidase subunit I (COI) menggunakan pendekatan DNA barcoding. Data sekuen diperoleh dari GenBank NCBI dengan nomor akses KU692776.1 (Sukabumi, Indonesia), KU692774.1 (Banten, Indonesia), JX968694.1 (Republik Dominika), LC190039.1 (Myanmar), dan KU568970.1 (Afrika). Penyelarasan sekuen dilakukan menggunakan ClustalX 2.1, rekonstruksi pohon filogenetik menggunakan metode Neighbor-Joining (NJ) dengan model Kimura 2-parameter pada perangkat lunak MEGA 6.0 (bootstrap 1000x), serta analisis haplotype network menggunakan median-joining network pada program Network 10.1.0.0. Hasil analisis jarak genetik menunjukkan bahwa nilai jarak genetik antar populasi berkisar antara 0,000 hingga 0,049. Nilai jarak genetik 0,000 ditemukan di antara pasangan populasi dari Indonesia, Myanmar, dan Republik Dominika, sedangkan nilai tertinggi yaitu 0,049 diperoleh pada perbandingan antara populasi Afrika dengan keempat populasi lainnya. Rekonstruksi pohon filogenetik membentuk dua kelompok utama, yaitu kelompok yang mencakup populasi Indonesia, Myanmar, dan Republik Dominika, serta kelompok terpisah yang beranggotakan populasi Afrika. Analisis *haplotype network* mengidentifikasi empat haplogroup dengan total lima haplotype, di mana populasi Sukabumi dan Banten dari Indonesia bergabung dalam satu haplogroup yang menunjukkan kekerabatan sangat dekat. Hasil penelitian ini mengindikasikan bahwa faktor lingkungan dan sejarah distribusi geografis berperan penting dalam pembentukan variasi genetik *P. reticulata* di tingkat populasi. Data ini diharapkan dapat menjadi rujukan dasar bagi penelitian lanjutan mengenai biologi populasi dan konservasi ikan guppy di Indonesia.

Kata kunci: Ikan guppy, Gen COI, Filogenetik, Haplotype

Article History

Received: Juni 2026

Reviewed: Juni 2026

Published: Juni 2026

Plagiarism Checker:

No 234.GT8.,35

Prefix DOI :

10.3483/trigonometri.v1i1.800

Copyright : Author

Publishby : Trigonometri



This work is licensed under a [Creative Commons Attribution-NonCommercial 4.0 International License](https://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/)

ABSTRACT

Guppy fish (Poecilia reticulata) is a freshwater fish species belonging to the family Poeciliidae, native to the northeastern region of South America and currently distributed across various continents, including Asia. In Indonesia, guppy fish are commonly found in diverse freshwater habitats ranging from rivers and irrigation channels to polluted water bodies. Despite their widespread distribution, genetic diversity and phylogenetic relationships of Indonesian guppy populations remain poorly understood, particularly in the context of DNA barcoding-based molecular studies. This research aimed to analyze genetic distances, phylogenetic relationships, and haplotype structure of Poecilia reticulata based on the cytochrome oxidase subunit I (COI) gene sequences. Sequence data were retrieved from NCBI GenBank with accession numbers KU692776.1 (Sukabumi, Indonesia), KU692774.1 (Banten, Indonesia), JX968694.1 (Dominican Republic), LC190039.1 (Myanmar), and KU568970.1 (Africa). Sequence alignment was performed using ClustalX 2.1, phylogenetic tree reconstruction was conducted using the Neighbor-Joining (NJ) method with Kimura 2-parameter model in MEGA 6.0 (1000 bootstrap replicates), and haplotype network was constructed using median-joining network in Network 10.1.0.0. Genetic distance analysis revealed values ranging from 0.000 to 0.049. Zero genetic distance was consistently found among population pairs from Indonesia, Myanmar, and Dominican Republic, while the highest genetic distance (0.049) was recorded between the African population and all other populations. Phylogenetic reconstruction yielded two main clades: one comprising Indonesian, Myanmar, and Dominican Republic populations, and a separate clade containing the African population. Haplotype network analysis identified four haplogroups encompassing five haplotypes, in which the Sukabumi and Banten populations from Indonesia clustered within the same haplogroup, indicating a very close genetic relationship. These findings suggest that environmental factors and biogeographical history play a significant role in shaping the genetic variation of P. reticulata at the population level. These data are expected to serve as a baseline reference for further research on population biology and conservation of guppy fish in Indonesia.

Keywords: Guppy fish, COI gene, Phylogenetics, Haplotype

PENDAHULUAN

Ikan guppy (*Poecilia reticulata*) berasal dari anggota famili *Poeciliidae*, Berasal dari timur laut bagian dari Amerika Selatan dan telah diperkenalkan ke banyak negara di setiap benua termasuk Asia (Hariyanto *et al.*, 2019). Ikan guppy (*Poecilia reticulata*) merupakan salah satu jenis ikan hias air tawar yang memiliki banyak ketertarikan karena memiliki warna yang bervariasi seperti merah, biru, kuning ataupun warna lainnya (Haq *et al.*, 2022). Terdapat berbagai macam kombinasi pola warna terutama pada sisi tubuh dan juga pada sirip (Froese & Pauly, 2018). Guppy betina memiliki warna keperakan dengan sirip tipis dan lebih besar dari ikan guppy jantan. Pada ikan Jantan, Sirip ekor bisa berwarna sangat indah karena lebih

cenderung melebar dan memiliki warna yang kontras dengan corak yang beragam (Nurlina & Zulfikar, 2016). Pada ikan Guppy liar yang umum dijumpai, adalah memakan segalanya termasuk jenis alga bentik dan serangga air, sehingga ikan Guppy sering dijadikan sebagai sampel organisme bidang ekologi dan studi perilaku (Zipcodezoo 2015). *P. reticulata* memiliki beberapa peran dan manfaat dalam kehidupan, termasuk dalam predator bagi beberapa larva yang menyebabkan penyakit (Saleeza *et al.*, 2014), serta dijadikan sebagai indikator kualitas air dalam lingkungan (Sarikaya *et al.*, 2017).

Studi mengenai ikan guppy (*Poecilia reticulata*), khususnya dalam konteks taksonomi masih sangat terbatas. Persebaran serta keragaman distribusi ikan guppy (*Poecilia reticulata*) air tawar memberikan data yang berbeda pada Pulau Jawa. Menurut Suryaningsih *et al.*, (2018) *P. reticulata* dapat dijumpai pada bagian atas serta Tengah Sungai mengalir. *P. reticulata* mudah dijumpai dan dengan mudah ditemukan di berbagai daerah yang tersebar luas di seluruh dunia (Deacon *et al.*, 2011; Hariyanto *et al.*, 2019). *P. reticulata* mudah beradaptasi pada lingkungan perairan yang tercemar (Araujo *et al.*, 2009; Hariyanto *et al.*, 2019). Tetapi penelitian terkait dengan kode genetic masih terbatas. Pendekatan molekuler seperti DNA Barcoding berdasarkan gen sitokrom C oksidase subunit I (COI) pada genom mitokondria telah diterapkan secara luas dalam identifikasi spesies dan studi keanekaragaman ikan air tawar (Tsoupas, *et al.* 2022). Penelitian sebelumnya menggunakan DNA barcode menunjukkan hasil bahwa variasi genotype dari spesies ikan pada pulau Jawa dan Bali memiliki jarak genetic yang besar meskipun dalam spesies yang sama (Dahrudin *et al.*, 2016).

Identifikasi spesies secara molekuler melalui DNA barcoding telah berkembang menjadi pendekatan standar dalam taksonomi modern sejak pertama kali diperkenalkan oleh Hebert *et al.* (2003). Fragmen gen COI sepanjang ±650 pb pada genom mitokondria terbukti efektif dalam membedakan spesies ikan dengan tingkat akurasi tinggi karena laju mutasinya yang konsisten dan kemudahan amplifikasinya menggunakan primer universal (Ward *et al.*, 2005; Bingpeng *et al.*, 2018). Di Indonesia, pendekatan ini mulai banyak diterapkan untuk mendokumentasikan ikan-ikan air tawar yang memiliki distribusi luas namun minim data genetic, termasuk spesies introduksi seperti ikan guppy. Hariyanto *et al.* (2019) mencatat bahwa variasi genetic ikan guppy di Jawa Timur menunjukkan pola yang kompleks, dan hal ini mendorong perlunya analisis komparatif dengan populasi dari wilayah lain, baik di dalam maupun di luar Indonesia.

Penelitian mengenai struktur genetic populasi ikan guppy di Indonesia masih sangat terfragmentasi. Data sekuen gen COI yang tersedia di GenBank untuk populasi Indonesia pun masih sangat sedikit dibandingkan dengan jumlah populasi yang sesungguhnya tersebar di lapangan. Padahal, pemahaman mengenai keragaman genetic dan hubungan filogenetik antarpopulasi sangat penting, tidak hanya dalam konteks taksonomi, tetapi juga dalam kaitannya dengan ekologi invasi dan pengelolaan sumber daya hayati perairan (Deacon *et al.*, 2011; Araújo *et al.*, 2009). Oleh karena itu, penelitian ini dilakukan untuk mengisi celah data

tersebut dengan memanfaatkan sekuen gen COI yang tersedia di GenBank sebagai bahan analisis komparatif lintas populasi.

Berdasarkan uraian di atas, tujuan dari penelitian ini adalah (1) menyediakan analisis jarak genetik dan nilai similaritas ikan guppy (*Poecilia reticulata*) berdasarkan gen COI dari berbagai wilayah geografis, (2) merekonstruksi pohon filogenetik untuk mengetahui hubungan kekerabatan antarpopulasi, serta (3) menganalisis struktur haplotype network sebagai representasi variasi genetik populasi ikan guppy secara global.

METODE PENELITIAN

Jenis penelitian yang digunakan dalam penelitian ini adalah deskriptif eksploratif. Pengambilan sampel spesies acuan diperoleh berdasarkan sumber informasi genetik data sekuen DNA dari *National Center for Biotechnology Information* (NCBI).

Tabel 1. Informasi data sekuen gen Ikan Guppy (*Poecilia reticulata*) dari Gene Bank.

No	Spesies	Accession Number	Informasi koleksi	Base pair sekuens	Referensi
1.	<i>Poecilia reticulata</i>	KU692776.1	Sukabumi, Indonesia	658 bp	Gene Bank
2.	<i>Poecilia reticulata</i>	KU692774.1	Banten, Indonesia	658 bp	Gene Bank
3.	<i>Poecilia reticulata</i>	JX968694.1	Dominican Republic	651 bp	Gene Bank
4.	<i>Poecilia reticulata</i>	LC190039.1	Myanmar	639 bp	Gene Bank
5.	<i>Poecilia reticulata</i>	KU568970.1	Africa	652 bp	Gene Bank

Hasil sekuen gen Ikan Guppy (*Poecilia reticulata*) yang telah didapatkan dari Gene Bank, kemudian diedit dan diurutkan (*Alignment*) dengan menggunakan software *ClustalX* 2.1. Selanjutnya hasil alignment dibuat rekonstruksi pohon filogenetik Ikan guppy (*Poecilia reticulata*) menggunakan program software MEGA 6.0. Hasil rekonstruksi pohon filogenetik Ikan Guppy (*Poecilia reticulata*) yang telah didapatkan kemudian dilakukan analisis filogenetik menggunakan metode Neighbor-Joining (NJ) dengan nilai bootstrap 1000x dan kalkulasi matriks jarak genetik menggunakan model Kimura 2- parameter. Perhitungan persentase similaritas

menggunakan software Microsoft Excel dengan rumus persentase similaritas yaitu $= 1 - (\text{nilai jarak genetik}) \times 100\%$. Kemudian dilakukan analisis variasi genetik Ikan Guppy (*Poecilia reticulata*) menggunakan software DnaSP v.5.0., dilanjut dengan membuat haplotype network berdasarkan hasil media joining network menggunakan program software Network 10.1.0.0.

HASIL DAN PEMBAHASAN

Hasil Jarak Genetik dan Nilai Similaritas

Berdasarkan pada Tabel 1. diperoleh data sekuen gen Ikan Guppy (*Poecilia reticulata*) telah dilakukan identifikasi karakteristik molekular menggunakan model Kimura 2-parameter dengan program software MEGA 6.0, sehingga didapatkan hasil jarak genetik dan nilai similaritas Ikan Guppy (*Poecilia reticulata*) yang dapat dilihat pada Tabel 2. berikut ini.

Spesies 1	Spesies 2	Jarak Genetik	Nilai Similaritas (%)
<i>Poecilia reticulata</i>			
JX968694.1 Dominican Republic	<i>Poecilia reticulata</i> LC190039.1 Myanmar	0,000	100
<i>Poecilia reticulata</i>			
JX968694.1 Dominican Republic	<i>Poecilia reticulata</i> KU692776.1 Sukabumi	0,000	100
<i>Poecilia reticulata</i>	<i>Poecilia reticulata</i>		
LC190039.1 Myanmar	KU692776.1 Sukabumi	0,000	100
<i>Poecilia reticulata</i>			
JX968694.1 Dominican Republic	<i>Poecilia reticulata</i> KU692774.1 Banten	0,000	100
<i>Poecilia reticulata</i>	<i>Poecilia reticulata</i>		
LC190039.1 Myanmar	KU692774.1 Banten	0,000	100
<i>Poecilia reticulata</i>	<i>Poecilia reticulata</i>		
KU692776.1 Sukabumi	KU692774.1 Banten	0,000	100
<i>Poecilia reticulata</i>			
JX968694.1 Dominican Republic	<i>Poecilia reticulata</i> KU568970.1 Africa	0,049	95,09

<i>Poecilia reticulata</i>	<i>Poecilia reticulata</i>		
LC190039.1 Myanmar	KU568970.1 Africa	0,049	95,09
<i>Poecilia reticulata</i>	<i>Poecilia reticulata</i>		
KU692776.1 Sukabumi	KU568970.1 Africa	0,049	95,09
<i>Poecilia reticulata</i>	<i>Poecilia reticulata</i>		
KU692774.1 Banten	KU568970.1 Africa	0,049	95,09
<i>Poecilia reticulata</i>			
JX968694.1 Dominican Republic	<i>Poecilia reticulata</i>		
	LC190039.1 Myanmar	0,000	100

Tabel 2. Hasil Jarak Genetik dan Nilai Similaritas

Berdasarkan data yang didapatkan dari **Tabel 2.** jarak genetik dan nilai similaritas Ikan Guppy (*Poecilia reticulata*) menunjukkan bahwa nilai jarak genetik tertinggi dimiliki oleh *P. reticulata* yang berasal dari Dominican republic dengan *P. reticulata* yang berasal dari Africa, *P. reticulata* yang berasal dari Myanmar dengan *P. reticulata* yang berasal dari Africa, *P. reticulata* yang berasal dari Sukabumi, Indonesia dengan *P. reticulata* yang berasal dari Africa, *P. reticulata* yang berasal dari Banten, Indonesia dengan *P. reticulata* yang berasal dari Africa, dan *P. reticulata* yang berasal dari Dominican republic dengan *P. reticulata* yang berasal dari Myanmar yang mempunyai nilai jarak genetik yang sama tinggi yaitu sebesar 0,049. Sedangkan nilai jarak genetik terendah dimiliki oleh *P. reticulata* yang berasal dari Dominican republic dengan *P. reticulata* yang berasal dari Myanmar, *P. reticulata* yang berasal dari Dominican republic dengan *P. reticulata* yang berasal dari Sukabumi, Indonesia, *P. reticulata* yang berasal dari Myanmar dengan *P. reticulata* yang berasal dari Sukabumi, Indonesia, *P. reticulata* yang berasal dari Dominican republic dengan *P. reticulata* yang berasal dari Banten, Indonesia, *P. reticulata* yang berasal dari Myanmar dengan *P. reticulata* yang berasal dari Banten, Indonesia dan *P. reticulata* yang berasal dari Sukabumi, Indonesia dengan *P. reticulata* yang berasal dari Banten, Indonesia yang mempunyai nilai jarak genetik yang sama rendah yaitu sebesar 0,000. Berdasarkan hal tersebut maka menjelaskan bahwa Semakin tinggi nilai jarak genetic maka semakin jauh hubungan kekerabatannya, begitu juga dengan sebaliknya semakin rendah nilai jarak genetik maka semakin dekat hubungan kekerabatannya (Aprilyanto & Sembiring, 2016).

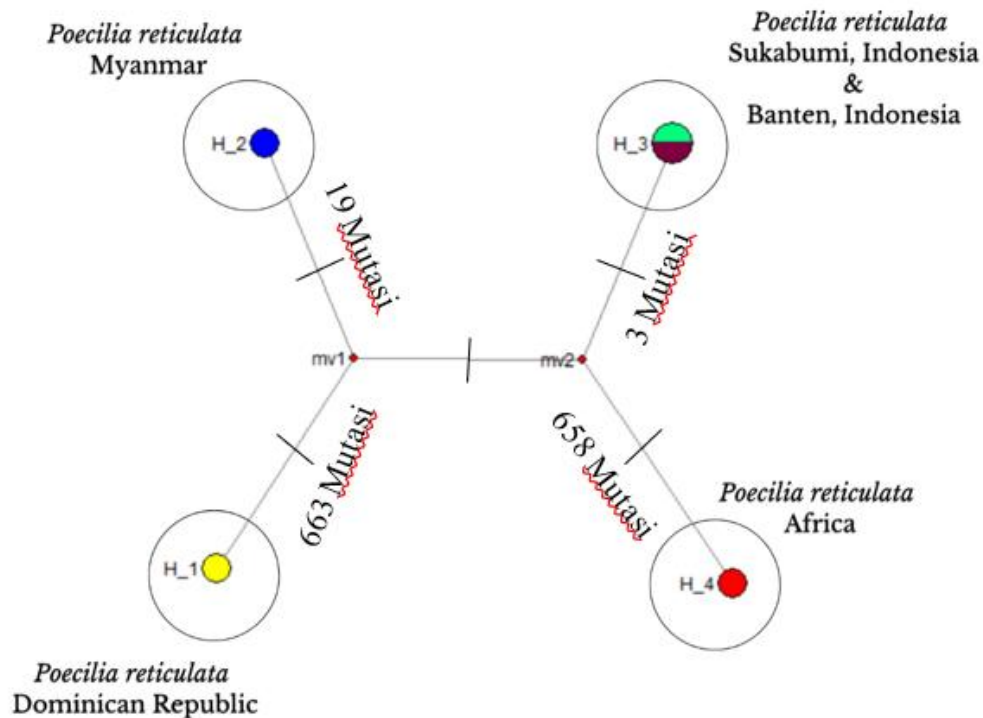
Pohon Filogenetik

Pohon filogenetika Ikan Guppy (*Poecilia reticulata*) menggunakan metode Neighbor-joining (NJ) dengan model Kimura 2-parameter model yang dapat dilihat pada **Gambar 1.**



Kemunculan kelompok yang mencakup populasi Indonesia bersama dengan Myanmar dan Republik Dominika dalam satu clade yang sama menarik untuk dicermati lebih lanjut. Secara geografis, ketiga wilayah tersebut terpisah cukup jauh satu sama lain, namun secara genetik menunjukkan kemiripan yang sangat tinggi (jarak genetik = 0,000; similaritas = 100%). Kondisi ini bisa jadi mencerminkan dampak dari introduksi ikan guppy oleh manusia sebagai ikan hias yang dilakukan secara berulang dan masif ke berbagai wilayah dunia. Kolbe *et al.* (2004) menjelaskan bahwa spesies introduksi cenderung membawa keragaman genetik dari daerah asalnya dan menyebarkannya ke lokasi baru, sehingga populasi-populasi yang berbeda secara geografis dapat tetap memiliki genotipe yang sangat mirip apabila berasal dari sumber introduksi yang sama. Perry *et al.* (2001) menambahkan bahwa tekanan seleksi di habitat baru dan proses adaptasi lokal selanjutnya akan menentukan arah divergensi genetik populasi introduksi tersebut dalam jangka panjang.

Haplotype Network



Gambar 2. Haplotype Network Ikan guppy (*Poecilia reticulata*)

Berdasarkan **Gambar 2.** yang dihasilkan dari *Median Joining Network*, didapatkan 4 haplogroup dengan 5 haplotype. Pada haplogroup A terdiri dari 1 haplotype yaitu *Poecilia reticulata* dari Dominican republic. Pada Haplogroup B terdiri dari 1 haplotype yaitu *Poecilia reticulata* dari Myanmar. Pada Haplogroup C terdiri dari 2 haplotype yaitu *Poecilia reticulata* dari Sukabumi, Indonesia dan *Poecilia reticulata* dari Banten, Indonesia. Pada Haplogroup D terdiri dari 1 haplotype yaitu *Poecilia reticulata* dari Africa.

Variasi haplotype yang teramati dalam penelitian ini memberikan gambaran yang cukup informatif mengenai sejarah evolusi dan pola penyebaran ikan guppy. Dari lima haplotype yang teridentifikasi, empat di antaranya bersifat unik pada masing-masing populasi atau wilayah, kecuali haplotype 3 yang dimiliki bersama oleh populasi Sukabumi dan Banten dari Indonesia. Kondisi ini mengindikasikan bahwa kedua populasi Indonesia tersebut kemungkinan besar berasal dari sumber introduksi yang sama atau setidaknya mengalami aliran gen (*gene flow*) yang cukup signifikan dalam waktu yang relatif belum lama. Hal ini relevan mengingat kedua lokasi pengambilan sampel berada dalam satu pulau yang sama, yaitu Pulau Jawa, dan secara ekologis terhubung melalui sistem perairan yang saling berdekatan.

Keberadaan haplotype yang berbeda di lokasi yang berjauhan satu sama lain—seperti antara populasi Republik Dominika dan Indonesia—menunjukkan bahwa divergensi genetik pada tingkat haplotype dapat terjadi tanpa harus diiringi oleh diferensiasi yang nampak pada level

spesies. Rahayu *et al.* (2019) menyatakan bahwa perbedaan haplotype dalam satu spesies yang sama pada lokasi berbeda merupakan cerminan dari sejarah biogeografi dan isolasi populasi yang berlangsung dalam skala waktu evolusioner. Selain itu, fenomena heteroplasmi—yaitu kondisi di mana lebih dari satu genotipe mitokondria ditemukan dalam satu organisme—juga perlu dipertimbangkan dalam interpretasi data haplotype, meskipun dalam penelitian berbasis data GenBank kemungkinan ini sulit untuk diverifikasi secara langsung (Kmiec *et al.*, 2006).

Secara keseluruhan, hasil analisis DNA barcoding gen COI dalam penelitian ini berhasil menggambarkan pola keragaman genetik ikan guppy (*P. reticulata*) dari berbagai wilayah geografis. Pengelompokan filogenetik yang terbentuk serta distribusi haplotype yang teramati memberikan petunjuk awal yang berharga mengenai dinamika penyebaran dan diferensiasi populasi spesies ini. Ke depan, analisis berbasis sampel lapangan yang lebih representatif terutama dari berbagai wilayah di Indonesia yang belum terwakili dalam database GenBank perlu dilakukan guna memperkuat basis data genetik ikan guppy nasional sekaligus mendukung upaya pengelolaan keanekaragaman hayati perairan tawar secara berkelanjutan.

Kesimpulan

Berdasarkan DNA Barcode dan Haplotype Network Ikan Guppy (*Poecilia reticulata*) diperoleh 4 haplogroup dan 5 haplotype. Pada haplogroup 3 terdapat 1 haplotype yang terdiri dari 2 individu, yang mana dalam hal tersebut keduanya memiliki kekerabatan yang sangat dekat. Faktor lingkungan dan adaptasi lokal memainkan peran penting dalam pembentukan variasi genetik ini, mendukung pentingnya penelitian lanjutan untuk memahami distribusi genetik dan potensi adaptasi spesies ini di berbagai habitat.

DAFTAR PUSTAKA

- Aprilyanto, V., & Sembiring, L. (2016). Filogenetik molekuler. *Yogyakarta: Innosain*.
- Araújo, F. G., Peixoto, M. G., Pinto, B. C. T., & Teixeira, T. P. (2009). Distribution of guppies *Poecilia reticulata* (Peters, 1860) and *Phallostethus caudimaculatus* (Hensel, 1868) along a polluted stretch of the Paraíba do Sul River, Brazil. *Brazilian Journal of Biology*, 69, 41-48.
- Bingpeng, X., Heshan, L., Zhilan, Z., Chunguang, W., Yanguo, W., & Jianjun, W. (2018). DNA barcoding for identification of fish species in the Taiwan Strait. *PloS one*, 13(6), e0198109.
- Dahrudin, H., Hutama, A., Busson, F., Sauri, S., Hanner, R., Keith, P., ... & Hubert, N. (2017). Revisiting the ichthyodiversity of Java and Bali through DNA barcodes: taxonomic coverage, identification accuracy, cryptic diversity and identification of exotic species. *Molecular ecology resources*, 17(2), 288-299.
- Deacon, A. E., Ramnarine, I. W., & Magurran, A. E. (2011). How reproductive ecology contributes to the spread of a globally invasive fish. *PloS one*, 6(9), e24416.

- Froese, R. & Pauly, D. (2018). Fishbase. World. Wide Web electronic publication. *www.fishbase.org*. Accessed on 28 December 2018.
- Haq, I. A., Nirmala, K., Hastuti, Y. P., & Supriyono, E. (2022). Color quality, behavioral response, and blood glucose levels of guppies *Poecilia reticulata* (Peters, 1859) with the addition of Indian almond leaves (*Terminalia catappa*) in fish containers. *Jurnal Iktiologi Indonesia*, 22(1), 49-64.
- Hariyanto, S., Adro'i, H., Ali, M., & Irawan, B. (2019). DNA Barcoding: A Study of Guppy Fish (*Poecilia reticulata*) in East Java, Indonesia. *Biosaintifika*, 11(2), 272-278.
- Hubert, N., Kadarusman, P. D., Wibowo, A., Busson, F., Caruso, D., Sulandari, S., ... & Hadiaty, R. (2015). DNA Barcoding Indonesian freshwater fishes: challenges and prospects. *Dna Barcodes*, 3(1), 144-169.
- Indi Dharmayanti, N. LP. (2011). Filogenetika mole kuler: metode taksonomi organisme berdasar kan sejarah evolusi". *Wartazoa*, 21(1), 1-10.
- Kmiec, B., Woloszynska, M., & Janska, H. (2006). Heteroplasmy as a common state of mitochondrial genetic information in plants and animals. *Current genetics*, 50, 149-159.
- Kolbe, J. J., Glor, R. E., Rodríguez Schettino, L., Lara, A. C., Larson, A., & Losos, J. B. (2004). Genetic variation increases during biological invasion by a Cuban lizard. *Nature*, 431(7005), 177-181.
- Loewe, L., & Hill, W. G. (2010). The population genetics of mutations: good, bad and indifferent. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 365(1544), 1153-1167.
- Nurlina, Z., & Zulfikar, Z. (2016). Immersion time effect of guppy brood fish (*Poecilia reticulata*) in honey of onto male sex ratio (*sex reversal*) guppy fish. *Acta Aquatica*, 3(2), 75-80.
- Oktafia, R. E., & Badruzsaufari, B. (2021). Analisis Filogenetik Garcinia Spp. Berdasarkan Sekuens Gen Rrna. *Ziraa'ah Majalah Ilmiah Pertanian*, 46(2), 259-264.
- Perry, W. L., Feder, J. L., Dwyer, G., & Lodge, D. M. (2001). Hybrid zone dynamics and species replacement between *Orconectes* crayfishes in a northern Wisconsin lake. *Evolution*, 55(6), 1153-1166.
- Rahayu, D. A., Nugroho, E. D., & Listyorini, D. (2019). DNA barcoding ikan introduksi khas Telaga Sari, Kabupaten Pasuruan. *Biotropika: Journal of Tropical Biology*, 7(2), 51-62.
- Saleeza, S. N., Norma-Rashid, Y. & Sofian-Azirun, M. (2014). Guppies as predators of common mosquito larvae in Malaysia. *Southeast Asian J. Trop. Med. Public Health*, 45(2), 299-308,.
- Sarikaya, M., Selvi, M., Kocak, O., & Erkoc, F. (2017). Investigation of acute toxicity of fenitrothion on guppies *Poecilia reticulata*. *Journal of Applied Toxicology*, 27(4), 318-321. doi:10.1002/ jat.1193

- SURYANINGSIH, S., SUKMANINGRUM, S., SIMANJUNTAK, S. B. I., & Kusbiyanto, K. (2018). Diversity and longitudinal distribution of freshwater fish in Klawing River, Central Java, Indonesia. *Biodiversitas Journal of Biological Diversity*, 19(1), 85-92.
- Tarallo, A., Angelini, C., Sanges, R., Yagi, M., Agnisola, C., & D'Onofrio, G. (2016). On the genome base composition of teleosts: the effect of environment and lifestyle. *BMC genomics*, 17, 1-10.
- Tsoupas, A., Papavasileiou, S., Minoudi, S., Gkagkavouzis, K., Petriki, O., Bobori, D., ... & Triantafyllidis, A. (2022). DNA barcoding identification of Greek freshwater fishes. *PloS one*, 17(1), e0263118.
- Zipcodezoo. 2015. *Poecilia reticulata* (https://zipcodezoo.com/index.php/Poecilia_reticulata). Diakses November 2015