

KERAGAMAN GENETIK IKAN SIDAT, *Anguilla marmorata* Quoy & Gaimard, 1824, DARI BENDUNGAN SUMBER MULYO, BANYUWANGI, JAWA TIMUR BERDASARKAN GEN MITOKONDRIA 16S rRNA

Tiara Syifa Wididevani
22/494233/BI/10964

Dosen Pembimbing : Prof. Dra. Tuty Arisuryanti, M.Sc., Ph.D.

INTISARI

Indonesia sebagai negara *mega biodiversity* memiliki keanekaragaman ikan, termasuk ikan sidat spesies *Anguilla marmorata* Quoy & Gaimard, 1824, yaitu ikan katadromus yang hidupnya di perairan tawar dan bermigrasi ke laut untuk pemijahan. Namun, penelitian keragaman genetik *A. marmorata* berdasarkan gen mitokondria 16S rRNA masih terbatas, padahal penting untuk penyusunan pustaka gen 16S rRNA dan upaya konservasi ikan. Oleh karena itu, penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi dan menganalisis keragaman genetik *A. marmorata* dari Bendungan Sumber Mulyo, Banyuwangi, Jawa Timur berdasarkan gen mitokondria 16S rRNA. Penelitian dilakukan menggunakan metode PCR dengan primer universal 16Sar dan 16Sbr melalui tahapan ekstraksi DNA, amplifikasi DNA, elektroforesis, purifikasi DNA, dan sekuensing. Data yang diperoleh kemudian dianalisis dengan *software* GeneStudio, BLAST, MESQUITE, MEGA12, DnaSP, NETWORK, BEAST, dan GenA1Ex. Hasil penelitian menunjukkan adanya keragaman genetik intrapopulasi maupun interpopulasi. Analisis keragaman genetik intrapopulasi dari sembilan sampel *A. marmorata* dengan panjang fragmen 620 bp diperoleh empat haplotipe dengan dua *polymorphic sites* yang terdiri dari satu *parsimony informative site* tanpa *singleton site* karena posisi variasi berupa *gap*, dan jarak genetik berkisar 0,00-0,32%. Selanjutnya, nilai *haplotype diversity* (Hd) sebesar $0,694 \pm 0,164$ dan nilai *nucleotide diversity* (π) sebesar $0,00063 \pm 0,00027$. Analisis keragaman genetik interpopulasi dari 26 individu (sembilan sampel penelitian dan 17 data *GenBank*) dengan panjang fragmen 511 bp diperoleh tiga haplotipe dengan dua *polymorphic sites* yang terdiri dari satu *parsimony informative site* dan satu *singleton site*, serta jarak genetik berkisar 0,00-0,39%. Berikutnya, nilai *haplotype diversity* (Hd) adalah $0,218 \pm 0,103$ dan nilai *nucleotide diversity* (π) sebesar $0,00044 \pm 0,00021$. Analisis *haplotype network* dan *Principal Coordinate Analysis* (PCoA) menunjukkan adanya *sharing haplotype* yang didukung data pohon filogenetik bahwa sampel *A. marmorata* dari Banyuwangi berada dalam satu *clade* dengan beberapa individu *A. marmorata* dari data *GenBank*. Penelitian ini diharapkan dapat melengkapi basis data ikan sidat berdasarkan gen mitokondria 16S rRNA, landasan pelestarian, dan penelitian lanjutan mengenai ikan sidat di Indonesia.

Kata Kunci: *Anguilla marmorata*, gen 16S rRNA, keragaman genetik

**GENETIC VARIATION OF GIANT MOTTLED EEL, *Anguilla marmorata*
Quoy & Gaimard, 1824, FROM SUMBER MULYO DAM, BANYUWANGI, EAST
JAVA BASED ON THE MITOCHONDRIAL 16S rRNA GENE**

Tiara Syifa Wididevani
22/494233/BI/10964

Supervisor : Prof. Dra. Tuty Arisuryanti, M.Sc., Ph.D.

ABSTRACT

Indonesia is a mega biodiversity country with diverse fish, including giant mottled eel, *Anguilla marmorata* Quoy & Gaimard, 1824, a catadromous species inhabits in freshwater and migrates to the sea for spawning. However, research on genetic variation of *A. marmorata* based on mitochondrial 16S rRNA gene remain limited, although it's important for establishment of 16S rRNA gene library and conservation. Therefore, this research aimed to identify and analyse genetic variation of *A. marmorata* from Sumber Mulyo Dam, Banyuwangi, East Java based on the mitochondrial 16S rRNA gene. This research used a PCR method with universal primers, 16Sar and 16Sbr through DNA extraction, DNA amplification, electrophoresis, purification, and sequencing. Sequence data were analysed using GeneStudio, BLAST, MESQUITE, MEGA12, DnaSP, NETWORK, BEAST, and GenAIEx software. The results revealed genetic variations at intrapopulation and interpopulation analysis. Intrapopulation analysis of nine *A. marmorata* samples with fragment length of 620 bp produced four haplotypes and two polymorphic sites consisting of one parsimony informative site and no singleton site because variation occurred as a gap, and genetic distances was from 0,00% to 0,32%. Haplotype diversity (Hd) was $0,694 \pm 0,164$ whereas nucleotide diversity (π) was $0,00063 \pm 0,00027$. Interpopulation analysis of 26 individuals (nine samples from this research and 17 sequences from GenBank) with fragment length of 511 bp produced three haplotypes and two polymorphic sites consisting of one parsimony informative site and one singleton site, and genetic distances was from 0,00% to 0,39%. Haplotype diversity (Hd) was $0,218 \pm 0,103$ whereas nucleotide diversity (π) was $0,00044 \pm 0,00021$. Haplotype network and Principal Coordinate Analysis (PCoA) showed haplotype sharing, supported by phylogenetic analysis indicating that Banyuwangi's samples clustered in the same clade as individuals of *A. marmorata* from GenBank. This research is expected to assembly the mitochondrial 16S rRNA gene library of *A. marmorata*, conservation baseline, and further research of *A. marmorata* in Indonesia.

Keywords: *Anguilla marmorata*, 16S rRNA gene, genetic variation