Keragaman Genetik Pokea, Batissa violacea (Lamarck, 1818) dari Sungai Konaweha, Sulawesi Tenggara
berdasarkan Gen Mitokondria 16S rRNA
Ghefira Nurrahima Tsuraya, Prof. Dra. Tuty Arisuryanti, M.Sc., Ph.D.
Universitas Gadjah Mada, 2026 | Diunduh dari http://etd.repository.ugm.ac.id/

KERAGAMAN GENETIK POKEA, *Batissa violacea* (Lamarck, 1818), DARI SUNGAI KONAWEHA, SULAWESI TENGGARA, BERDASARKAN GEN MITOKONDRIA *16S* rRNA

Ghefira Nurrahima Tsuraya

(22/505891/BI/11152)

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

INTISARI

Indonesia merupakan negara dengan populasi kerang pokea yang melimpah. Pokea, *Batissa violacea* (Lamarck, 1818), merupakan salah satu jenis kerang air tawar yang banyak ditemukan di perairan Sulawesi Tenggara. Namun, penelitian mengenai keragaman genetik kerang pokea berdasarkan gen mitokondria *16S* rRNA masih terbatas di Indonesia. Penelitian mengenai keragaman genetik ini penting untuk menyusun pustaka gen mitokondria *16S* yang lebih lengkap dan sebagai dasar untuk upaya konservasi. Oleh karena itu, penelitian ini bertujuan untuk mengeksplorasi keragaman genetik kerang pokea spesies *B. violacea* yang ditemukan di Sungai Konaweha, Sulawesi Tenggara, dengan menggunakan gen mitokondria *16S* rRNA. Metode yang digunakan dalam penelitian ini adalah metode PCR dengan primer universal *16Sar* dan *16Sbr*, yang mencakup tahapan ekstraksi DNA, amplifikasi DNA, elektroforesis, purifikasi DNA, dan sekuensing DNA. Data hasil penelitian kemudian dianalisis menggunakan perangkat lunak GeneStudio, DnaSP, BLAST, MESQUITE, MEGA, NETWORK, BEAST, dan GenAlEx. Berdasarkan hasil penelitian, seluruh sampel berhasil diidentifikasi sebagai *Batissa violacea* melalui analisis BLAST dengan tingkat kemiripan 98,53% dan nilai *query cover* 65% terhadap data pembanding dari *GenBank*. Analisis keragaman genetik intrapopulasi menunjukkan bahwa populasi pokea di Sungai Konaweha memiliki variasi genetik yang relatif rendah. Dari sepuluh sampel yang dianalisis, diperoleh 9 haplotipe dengan 10 *variable site* dan 2 *parsimony informative site*. Nilai *haplotype diversity* sebesar 0,533 ± 0,095 dan *nucleotide diversity* (π) sebesar 0,00104 ± 0,00018. Analisis interpopulasi antara sampel dari Sungai Konaweha dan data pembanding dari *GenBank* menghasilkan variasi komposisi nukleotida dan nilai jarak genetik yang berkisar antara 0,00% - 0,38% pada sampel lokal sekitar 1,89% - 1,91% antara sampel lokal dan pembanding. Nilai *haplotype diversity* sebesar 0,618 ± 0,104 dan *nucleotide diversity* (π) sebesar 0,00510 ± 0,00245 dengan total 8 haplotipe yang teridentifikasi. Penelitian ini diharapkan dapat digunakan untuk menyusun pustaka gen mitokondria *16S* kerang pokea dan dapat digunakan sebagai dasar konservasi.

Kata kunci : *Batissa violacea*, Gen *16S*, Keragaman Genetik

UNIVERSITAS
GADJAH MADA
**Keragaman Genetik Pokea, Batissa violacea (Lamarck, 1818) dari Sungai Konaweha, Sulawesi Tenggara
berdasarkan Gen Mitokondria 16S rRNA**
Ghefira Nurrahima Tsuraya, Prof. Dra. Tuty Arisuryanti, M.Sc., Ph.D.
Universitas Gadjah Mada, 2026 | Diunduh dari http://etd.repository.ugm.ac.id/

GENETIC VARIATION OF POKEA, *Batissa violacea* (Lamarck, 1818) FROM KONAWEHA RIVER, SOUTHEAST SULAWESI, BASED ON MITOCHONDRIAL *16S* rRNA GENE

Ghefira Nurrahima Tsuraya

(22/505891/BI/11152)

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

ABSTRACT

Indonesia consist a high abundance of pokea clam populations. Pokea, *Batissa violacea* (Lamarck, 1818), was one of the freshwater clam species commonly found in the waters of Southeast Sulawesi. However, studies on the genetic variation of pokea clams based on the mitochondrial *16S* rRNA gene has been limited in Indonesia. Research on genetic variation was important for constructing a more comprehensive mitochondrial *16S* gene database and as a foundation for conservation efforts. Therefore, this study aimed to explore the genetic variation of *B. violacea* collected from the Konaweha River, Southeast Sulawesi, using the mitochondrial *16S* rRNA gene. The method used in this study was Polymerase Chain Reaction (PCR) with universal primers *16Sar* and *16Sbr*, which included DNA isolation, DNA amplification, electrophoresis, purification, and sequencing. The resulting data were analyzed using GeneStudio, DnaSP, BLAST, MESQUITE, MEGA, NETWORK, BEAST, and GenAlEx software. Based on the results, all samples were successfully identified as *Batissa violacea* through BLAST analysis, with a similarity value of 98.53% and a query cover of 65% compared to reference data from GenBank. Intrapopulation genetic diversity analysis showed that the pokea population in the Konaweha River had relatively low genetic variation. From ten samples analyzed, 9 haplotypes were identified, with 10 variable site and 2 parsimony informative site. The haplotype diversity value was 0,533 ± 0,095, and the nucleotide diversity (π) was 0,00104 ± 0,00018. Interpopulation analysis between samples from the Konaweha River and comparative data from GenBank showed variation in nucleotide composition and genetic distances ranging from 0.00% to 0.38% among samples and approximately 1.89% to 1.91% between local samples and the comparative samples. The haplotype diversity value was 0,618 ± 0,104, and the nucleotide diversity (π) was 0,00510 ± 0,00245, with a total of eight haplotypes identified. This study was expected to contribute to the development of a mitochondrial *16S* gene database for pokea clams and to serve as a basis for conservation efforts.

Keywords: *16S* Gene, *Batissa violacea*, Genetic Variation.