UNIVERSITAS
GADJAH MADA
Keragaman Genetik Ikan Sidat, Anguilla marmorata Quoy & Gaimard, 1824, dari Sungai Opak, Bantul, D.I.Yogyakarta Berdasarkan Gen Mitokondria 16S rRNA
Iqlima Safitri, Prof. Dra Tuty Arisuryanti, M.S.c Ph D.
Universitas Gadjah Mada, 2022 | Diunduh dari http://etd.repository.ugm.ac.id/

KERAGAMAN GENETIK IKAN SIDAT, *Anguilla marmorata* Quoy & Gaimard, 1824, DARI SUNGAI OPAK, BANTUL, D.I.YOGYAKARTA BERDASARKAN GEN MITOKONDRIA *16S* rRNA

Iqlima Safitri

(22/502537/BI/11067)

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

INTISARI

Ikan sidat spesies *Anguilla marmorata* Quoy & Gaimard, 1824, memiliki distribusi yang luas, baik di wilayah subtropis maupun tropis, salah satunya yaitu di Indonesia. Ikan sidat bersifat katadromus. Akan tetapi, penelitian mengenai keragaman genetik *A. marmorata* berdasarkan gen mitokondria *16S* rRNA belum banyak dilakukan di Indonesia. Padahal, penelitian mengenai keragaman genetik *A. marmorata* perlu dilakukan untuk menyusun dan melengkapi data pustaka gen *16S* rRNA ikan sidat, sehingga dapat diimplementasikan untuk konservasi dan pemanfaatan ikan sidat yang berkelanjutan. Oleh karena itu, penelitian ini bertujuan mengetahui keragaman genetik *Anguilla marmorata* Quoy & Gaimard, 1824 dari Sungai Opak, Bantul, D.I. Yogyakarta berdasarkan gen mitokondria *16S* rRNA. Metode yang dilakukan yaitu metode PCR dengan primer universal *16Sar* dan *16Sbr*. Tahapan penelitian meliputi ekstraksi DNA, amplifikasi DNA, elektroforesis, purifikasi DNA, dan sekuensing DNA. Hasil sekuensing selanjutnya dianalisis dengan program GeneStudio, BLAST, MESQUITE, MEGA, DnaSP, NETWORK, BEAST, dan GENALEX. Hasil analisis BLAST mengkonfirmasi sampel dari Sungai Opak termasuk *A. marmorata* dengan jarak genetik 0,156% antar individu. Selain itu, hasil rekonstruksi filogenetik juga menunjukkan ketiga sampel *A. marmorata* dari Sungai Opak berada dalam satu *clade* dengan sampel pembanding *A. marmorata* dari database di *GenBank.* Analisis intrapopulasi menunjukkan terdapat 3 haplotipe dengan *haplotype diversity* (Hd) yaitu 0,667 ± 0,314 dan *nucleotide diversity* (π) yaitu 0,00104 ± 0,00049. Analisis interpopulasi 3 sampel Sungai Opak dengan 17 sampel pembanding menunjukkan Hd dan π berturut-turut yaitu 0,100 ± 0,088 dan 0,00020 ± 0,00017 dengan 3 haplotipe. Selain itu, hasil *haplotype network* menunjukkan adanya *sharing haplotype* pada haplotipe-1 (H1). Hasil penelitian ini diharapkan dapat menambah data keragaman genetik ikan sidat spesies *A. marmorata* di Indonesia dalam upaya mendukung upaya konservasi ikan sidat dihabitatnya**.**

Kata kunci : *Anguilla marmorata,* Keragaman Genetik, Gen *16S*

UNIVERSITAS
GADJAH MADA
Keragaman Genetik Ikan Sidat, Anguilla marmorata Quoy & Gaimard, 1824, dari Sungai Opak, Bantul, D.I.Yogyakarta Berdasarkan Gen Mitokondria 16S rRNA
Iqlima Safitri, Prof. Dra Tuty Arisuryanti, M.S.c Ph D.
Universitas Gadjah Mada, 2022 | Diunduh dari http://etd.repository.ugm.ac.id/

GENETIC VARIATION OF GIANT MOTTLED EEL, *Anguilla marmorata* Quoy & Gaimard, 1824, FROM OPAK RIVER, BANTUL, SPECIAL REGION OF YOGYAKARTA BASED ON MITOCHONDRIAL *16S* rRNA GENE

Iqlima Safitri

(22/502537/BI/11067)

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

ABSTRACT

The giant mottled eel, *Anguilla marmorata* Quoy and Gaimard, 1824, is a catadromous species widely distributed across subtropical and tropical regions, including Indonesia. However, studies on its genetic variation using the mitochondrial *16S* rRNA gene remain limited in Indonesia, despite being essential for establishing a genetic database to support conservation and sustainable utilization. This study aimed to assess the genetic variation of *A. marmorata* from the Opak River, Bantul, Special Region of based on the mitochondrial *16S* rRNA gene. Three samples were analyzed using a PCR method with universal primers 16Sar and 16Sbr. The procedures used in this study including DNA extraction, DNA amplification, electrophoresis, DNA purification, and DNA sequencing. Sequence data obtained were analyzed using GeneStudio, BLAST, MESQUITE, MEGA, DnaSP, NETWORK, BEAST, and GENALEX. Based on the BLAST analysis all samples confirmed as *A. marmorata* with genetic distance 0.156%. Phylogenetic reconstruction analysis placed the three samples within the same clade together with *A. marmorata* from GenBank database. Intrapopulation analysis revealed three haplotypes with haplotype diversity (Hd) = 0.667 ± 0.314 and nucleotide diversity (π) = 0.00104 ± 0.00049. Interpopulation analysis incorporating 17 comparative samples showed Hd and π were 0.100 ± 0.088 and 0.00020 ± 0.00017 respectively with three haplotypes. In addition, haplotype network analysis demonstrated sharing haplotype within haplotype-1(H1). These findings contribute to the genetic database of *A. marmorata* in Indonesia and can be implemented in the fish conservation.

Keywords: *Anguilla marmorata*, *16S* rRNA gene, Genetic Variation,