Keragaman Genetik Ikan Sidat, Anguilla marmorata Quoy & Gaimard, 1824, dari Sungai Ciujung, Banten
berdasarkan Gen Mitokondria 16S rRNA
Putri Nurhaliza, Prof. Dra. Tuty Arisuryanti, M.Sc., Ph.D.
Universitas Gadjah Mada, 2026 | Diunduh dari http://etd.repository.ugm.ac.id/

KERAGAMAN GENETIK IKAN SIDAT, *Anguilla marmorata* Quoy & Gaimard, 1824, DARI SUNGAI CIUJUNG, BANTEN BERDASARKAN GEN MITOKONDRIA *16S* rRNA

Putri Nurhaliza
22/502954/BI/11085

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

INTISARI

Spesies ikan sidat (*Anguilla marmorata*) memiliki distribusi luas di perairan Indonesia, termasuk Sungai Ciujung, Banten. Spesies ini tergolong ikan katadromus, yaitu ikan yang pada fase dewasa hidup di perairan tawar seperti hulu sungai atau danau, kemudian bermigrasi ke laut untuk memijah. Penelitian terkait keragaman genetik ikan sidat spesies *A. marmorata* dengan menggunakan penanda molekuler gen mitokondria *16S* rRNA masih sangat terbatas di Indonesia. Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui keragaman genetik ikan sidat (*Anguilla marmorata*) di aliran Sungai Ciujung, Banten menggunakan gen mitokondria *16S* rRNA. Penelitian ini menggunakan metode PCR dengan primer *16Sar* dan *16Sbr* dengan tahapan yang terdiri dari ekstraksi DNA, amplifikasi DNA, elektroforesis, purifikasi DNA, dan sekuensing DNA. Data yang diperoleh dianalisis menggunakan GeneStudio, BLAST, MESQUITE, MEGA, BEAST dan, DnaSP. Hasil penelitian menunjukkan adanya keragaman genetik pada tingkat intrapopulasi dan interpopulasi. Analisis intrapopulasi terhadap tiga individu (642 bp) menghasilkan 3 haplotipe, 1 situs polimorfik, 1 *gap variable site*, tanpa *parsimony site*, dan jarak genetik 0,00-0,16%. Nilai *Haplotype Diversity* (Hd) sebesar 0,667±0,09877 dan *Nucleotide Diversity* (π) sebesar 0,00104±0,00049. Analisis interpopulasi terhadap 20 individu (511 bp) diperoleh 2 haplotipe, 1 situs polimorfik, tanpa *parsimony sites*, dan jarak genetik 0,00-0,20%. Nilai *Haplotype Diversity* (Hd) sebesar 0,100±0,088 dan *Nucleotide Diversity* (π) sebesar 0,00020±0,00017. Secara keseluruhan, populasi ini menunjukkan indikasi keragaman genetik berdasarkan gen *16S* rRNA.

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

UNIVERSITAS
GADJAH MADA
**Keragaman Genetik Ikan Sidat, Anguilla marmorata Quoy & Gaimard, 1824, dari Sungai Ciujung, Banten
berdasarkan Gen Mitokondria 16S rRNA**
Putri Nurhaliza, Prof. Dra. Tuty Arisuryanti, M.Sc., Ph.D.
Universitas Gadjah Mada, 2026 | Diunduh dari http://etd.repository.ugm.ac.id/

GENETIC VARIATION OF GIANT MOTTLED EEL, *Anguilla marmorata* Quoy & Gaimard, 1824, FROM CIUJUNG RIVER, BANTEN BASED ON MITOCHONDRIAL *16S* rRNA GENE

Putri Nurhaliza

22/502954/BI/11085

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

ABSTRACT

The giant mottled eel (*Anguilla marmorata*) is widely distributed in Indonesian waters, including the Ciujung River, Banten. This species was classified as a catadromous fish, in which adults inhabited freshwater environments such as upstream rivers or lakes and subsequently migrated to the ocean for spawning. Studies on the genetic variation of this species using the mitochondrial *16S* rRNA gene remained very limited in Indonesia. This study aimed to determine the genetic diversity of *Anguilla marmorata* from the Ciujung River, Banten, using the mitochondrial *16S* rRNA gene. This study employed a PCR method using *16Sar* and *16Sbr* primers, involving DNA extraction, DNA amplification, electrophoresis, DNA purification, and DNA sequencing. The obtained data were analyzed using GeneStudio, BLAST, MESQUITE, MEGA, BEAST, and DnaSP. The results revealed genetic variation at both intrapopulation and interpopulation levels. Intrapopulation analysis of three individuals (642 bp) identified 3 haplotypes, 1 polymorphic site, 1 gap variable site with no parsimony site, and genetic distances ranging from 0.00–0.16%, with Haplotype Diversity (Hd) of 0.667±0.09877 and Nucleotide Diversity (π) of 0.00104±0.00049. Interpopulation analysis of 20 individuals (511 bp) revealed 2 haplotypes, 1 polymorphic site, no parsimony sites, and genetic distances of 0.00–0.20%, with Hd of 0.100±0.088 and π of 0.00020±0.00017. Overall, the population exhibited an indication of genetic variation based on the *16S* rRNA gene.

Key Words: *16S* rRNA gene*, Anguilla marmorata*, genetic variation