

KARAKTERISASI GENETIK IKAN GABUS (*Channa striata* Bloch, 1793) DARI DANAU SENTANI, JAYAPURA, PAPUA BERDASARKAN GEN MITOKONDRIA 16S DAN CYTOCHROME OXIDASE SUBUNIT I (COI)

Christine Bawaeda Sitandung Kombong
14/368347/BI/09375

INTISARI

Indonesia merupakan negara kepulauan yang memiliki biodiversitas ikan air tawar tinggi. Salah satu jenis ikan air tawar yang banyak ditemukan adalah ikan gabus *Channa striata* (Bloch, 1793). Ikan gabus merupakan salah satu ikan air tawar yang memiliki prospek untuk dikembangkan karena memiliki nilai gizi yang tinggi terutama mengandung omega-3 yang baik untuk nutrisi anak-anak dalam masa tumbuh kembang. Akan tetapi penelitian karakterisasi genetik ikan gabus dari Indonesia masih sangat minim dilakukan. Padahal penelitian karakterisasi genetik penting dilakukan untuk memperoleh informasi data yang dapat diaplikasikan dalam program pemuliaan maupun konservasi. Oleh karena itu, penelitian ini bertujuan untuk mengetahui karakterisasi genetik ikan gabus *Channa striata* (Bloch 1793) yang diambil dari Danau Sentani, Jayapura, Papua berdasarkan gen mitokondria 16S dan COI. Pada penelitian ini digunakan satu sampel ikan gabus (GBS-01) dari lokasi penelitian. Metode yang digunakan pada penelitian ini adalah metode PCR dan primer yang digunakan adalah 16Sar dan 16Sbr untuk gen 16S, sedangkan FishF2 dan FishR2 untuk gen COI. Hasil penelitian menunjukkan bahwa panjang fragmen *partial* gen mitokondria 16S ikan gabus yang diteliti (GBS-01) sebesar 616 bp dan panjang fragmen *partial* gen mitokondria COI sebesar 705 bp yang ditranslasi menjadi 235 asam amino. Analisis menggunakan program *online Nucleotide-BLAST* menunjukkan bahwa berdasarkan *partial* sekuen gen mitokondria 16S dan COI, GBS-01 memiliki similaritas 96-100% dengan *Channa striata* yang ada di *database GenBank*. Hasil analisis dengan metode Kimura 2-Parameter pada sekuen gen mitokondria 16S menunjukkan bahwa GBS-01 memiliki jarak genetik terendah dengan *C. striata* (KT358478) dari China (0,4%) dan tertinggi dengan *C. striata* (HM117222, HM117223, dan KX177965) dari India (1,8%), sedangkan analisis pada sekuen gen mitokondria COI menunjukkan bahwa GBS-01 memiliki jarak genetik terendah dengan *C. striata* (KU692414) dari Bali-Indonesia dan *C. striata* (KJ937425) dari Amerika Utara (0,5%) dan tertinggi dengan *C. striata* (LN890329) dari India (5%). Rekonstruksi pohon filogeni menggunakan metode *Neighbor Joining* (NJ) dan *Maximum Likelihood* (ML) berdasarkan sekuen gen mitokondria 16S memperlihatkan GBS-01 berada pada *clade* yang sama dengan *C. striata* (KT358478), sedangkan berdasarkan sekuen gen mitokondria COI memperlihatkan GBS-01 berada pada *clade* yang sama dengan *C. striata* (KJ937425 dan KU692414). Hasil analisis variasi genetik menunjukkan bahwa GBS-01 membentuk haplotipe tersendiri baik berdasarkan sekuen gen mitokondria 16S maupun COI. Khusus pada sekuen COI, adanya haplotipe tersendiri didukung dengan adanya 5 situs kodon *nonsynonymous*, yaitu pada situs kodon ke-37, 73, 91, 98, dan 116.

Kata Kunci : ikan gabus – Danau Sentani – karakterisasi genetik – gen 16S – gen COI

GENETIC CHARACTERITATION OF STRIPPED SNAKEHEAD (*Channa striata* Bloch, 1793) FROM LAKE SENTANI, JAYAPURA, PAPUA BASED ON 16S AND CYTOCHROME OXIDASE SUBUNIT I (COI) MITOCHONDRIAL GENE

Christine Bawaeda Sitandung Kombong
14/368347/BI/09375

ABSTRACT

Indonesia is an archipelagic country that has high freshwater biodiversity. One of the abundant freshwater fish is stripped snakehead *Channa striata* (Bloch, 1793). The fish has potency to be developed due to a high nutritional value, especially containing omega-3 which is good for children growth. However, study on genetic characterization of stripped snakehead fish in Indonesia is poorly understood. Genetic characterization of stripped snakehead is important to obtain data information that can be applied for breeding and conservation program. The aim of this study is to determine the genetic characterization of stripped snakehead *Channa striata* (Bloch, 1793) collected from Lake Sentani, Jayapura, Papua based on the 16S and COI mitochondrial genes. Method used in this research is PCR method with primer 16Sar and 16Sbr for 16S gene, where as the COI was amplified with FishF2 and FishR2 primer. The results showed that partial fragment length of the 16S and COI mitochondrial gene of stripped snakehead taken from Lake Sentani (GBS01) was 616 bp and 705 bp respectively. Analysis using online Nucleotide-BLAST program showed that based on the partial sequences of the 16S and COI genes, GBS-01 has a similarity of 96-100% similarity with species *Channa striata* deposited in the GenBank database. Based on Kimura 2-Parameter analysis of the 16S mitochondrial gene sequence, sample GBS-01 had the the least genetic distance to *C. striata* (KT358478) from China (0.4%) and highest with *C. striata* (HM117222, HM117223, and KX177965) from India (1.8%), while analysis of COI mitochondrial gene sequence showed that GBS-01 had the least genetic distance to *C. striata* (KU692414) from Bali-Indonesia and *C. striata* (KJ937425) from North America (0, 5%) and highest with *C. striata* (LN890329) from India (5%). The phylogenetic reconstruction using Neighbor Joining (NJ) and Maximum Likelihood (ML) method based on the 16S mitochondrial gene sequence revealed that GBS-01 is in the same clade with *C. striata* (KT358478), whereas based on the COI mitochondrial gene sequence showed GBS-01 in same clade with *C. striata* (KJ937425 and KU692414). The results of genetic variation analysis showed that GBS-01 formed a distinct haplotype based on 16S and COI mitochondrial gene sequences. The COI distinct haplotype was supported by *nonsynonymous* codons at site 37, 73, 91, 98, and 116.

Key word : Stripped snakehead- Lake Sentani- Genetic characterization- 16S gene- COI gene