

KARAKTERISASI GENETIK IKAN KOTES
(*Channa gachua* Hamilton, 1822)
DARI SUNGAI KEJI, MAGELANG, JAWA TENGAH
BERDASARKAN GEN MITOKONDRIA 16S

Warisatul Ilmi 14/364927/BI/09267

INTISARI

Secara geografis, Indonesia merupakan negara kepulauan dengan sebagian besar dari luasnya adalah perairan. Dengan demikian, Indonesia memiliki keanekaragaman hayati perairan yang tinggi termasuk biodiversitas ikan air tawar, salah satunya ikan kotes (*Channa gachua*) yang banyak dikonsumsi oleh masyarakat. Di Indonesia, ikan kotes tersebar di berbagai daerah, termasuk Pulau Jawa. Akan tetapi, penelitian mengenai biologi khususnya karakterisasi genetik ikan kotes belum banyak dilakukan. Oleh karena itu, penelitian ini bertujuan untuk mengetahui karakterisasi genetik ikan kotes (*Channa gachua* Hamilton, 1822) dari Sungai Keji, Magelang, Jawa Tengah berdasarkan gen mitokondria 16S. Pada penelitian ini digunakan dua sampel ikan kotes dari lokasi penelitian yaitu ikan kotes-1 (KTS-01) dan ikan kotes-2 (KTS-02). Selain itu, dua sekuen gen mitokondria 16S milik *Channa gachua* dengan *accession number* KU986900 dan KU238074 yang diambil dari *database GenBank* digunakan sebagai pembandingan. Pada penelitian ini metode yang digunakan adalah metode PCR dan primer yang digunakan adalah 16Sar sebagai primer *forward* dan 16Sbr sebagai primer *reverse*. Hasil elektroforesis produk amplifikasi PCR menunjukkan bahwa panjang fragmen *partial* gen mitokondria 16S pada sampel KTS-01 adalah 573 bp dan sampel KTS-02 yaitu 578 bp. Analisis similaritas menggunakan program *online BLASTN* menunjukkan kedua sampel memiliki similaritas dengan spesies *Channa gachua* (KU986900) dari Malaysia dan (KU238074) dari Cina sebesar 98%. Analisis jarak genetik dengan model *Kimura 2-Parameter* menunjukkan jarak genetik antara KTS-01 dengan KTS-02 adalah 0,9%. Analisis filogeni dengan pendekatan *Neighbor-Joining* dan *Maximum Likelihood* menunjukkan kedua sampel ikan kotes KTS-01 dan KTS-02 berada pada *clade* yang sama, serta keduanya memiliki *ancestor* terdekat dengan *Channa gachua* dari Malaysia dengan *accession number* KU986900. Analisis variasi genetik menunjukkan kedua sampel ikan kotes memiliki *haplotype* yang berbeda dengan 5 *variable sites*. Nilai *haplotype diversity* (Hd) sebesar $1,000 \pm 0,500$ dan keragaman nukleotida (π) sebesar $0,00873 \pm 0,00436$.

Kata kunci : ikan kotes, Sungai Keji, karakterisasi genetik, 16S mt-DNA

GENETIC CHARACTERIZATION OF DWARF SNAKEHEAD
(*Channa gachua* Hamilton, 1822)
FROM KEJI RIVER, MAGELANG, CENTRAL JAVA
BASED ON 16S MITOCHONDRIAL GENE

Warisatul Ilmi 14/364927/BI/09267

ABSTRACT

Geographically, Indonesia is an archipelagic country surrounding mostly with waters. Thus, Indonesia has a high marine and freshwater biodiversity including freshwater fish biodiversity, such as dwarf snakehead (*Channa gachua*) which is commonly consumed by Indonesian society. In Indonesia, dwarf snakehead is distributed over various regions, including Java Island. However, research on biology, especially the genetic characterization of dwarf snakehead has poorly understood. Therefore, the aim of this study was to determine genetic characterization of dwarf snakehead (*Channa gachua* Hamilton, 1822) from Keji River, Magelang, Central Java based on the 16S mitochondrial genes. This study analyzed 16S mt-DNA of two samples of dwarf snakehead from Keji River (KTS-01 and KTS-02). In addition, two 16-mtDNA sequences of *Channa gachua* with accession number KU986900 and KU238074 taken from GenBank were used as a comparison. A method used in this research was a PCR method and primers used in this research were 16Sar and 16Sbr. Electrophoresis results showed that the partial fragment length of 16S mt-DNA from KTS-01 was 573 bp whereas KTS-02 was 578 bp. Similarity analysis using online BLASTN program revealed that both samples had 98% similarity with *Channa gachua* with accession number KU986900 from Malaysia and KU238074 from China. Analysis using Kimura 2-parameter model exhibited that KTS-01 and KTS-02 had genetic distance 0.9%. Phylogenetic analysis with Neighbor-Joining and Maximum Likelihood showed KTS-01 and KTS-02 were on the same clade, and both had the nearest ancestor of *Channa gachua* (KU986900) from Malaysia. Analysis of genetic variation on the two samples of dwarf snakehead revealed two haplotypes with 5 variable sites. In addition, the haplotype diversity (Hd) was 1.000 ± 0.500 and the nucleotide diversity (π) was 0.00873 ± 0.00436 .

Keywords: dwarf snakehead, Keji River, genetic characterization, 16S mt-DNA