

Intisari

Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui keragaman dan hubungan kekerabatan gurami cangkringan, gurami kapas, gurami sago, dan gurami sendangsari berdasarkan karakter morfometri dan molekuler menggunakan DNA mitokondria sitokrom oksidase subunit 1 (COI). Metode pengukuran morfometri yang digunakan adalah metode *truss* dengan 28 karakter. Amplifikasi gen COI dilakukan menggunakan teknik PCR dengan target amplifikasi 906 pb nukleotida. Hasil pengukuran morfometri menghasilkan koefisien keragaman rata-rata yang rendah dengan kisaran nilai 2-20%. Analisis korelasi menghasilkan penciri pada bagian dahi dan batang ekor gurami. Analisis diskriminan dan kluster dapat membagi gurami menjadi 3 populasi, yaitu populasi gurami cangkringan dan gurami sendangsari, populasi gurami kapas, dan populasi gurami sago. Hasil analisis molekuler menunjukkan bahwa terdapat 2 dari 808 pb nukleotida yang membedakan antara gurami sago dengan tiga jenis gurami lainnya. Semua sampel yang digunakan teridentifikasi sebagai *Osphronemus goramy* melalui analisis BLAST. Nilai keragaman genetik yang dihasilkan termasuk dalam kategori sedang (0,500), dan jarak genetik yang dihasilkan termasuk dalam kategori rendah (0,002). Pohon filogeni menunjukkan bahwa ke-4 jenis gurami berada dalam satu kelompok monofiletik dengan tetua *Osphronemus goramy*. Hasil analisis morfometri dan molekuler menunjukkan bahwa hubungan kekerabatan terdekat ada pada gurami cangkringan dan gurami sendangsari, sedangkan hubungan kekerabatan terjauh ada pada gurami sago.

Kata kunci: COI, gurami, jarak genetik, keragaman, kluster, morfometri

Abstract

The objectives of this study were to determine variety and genetic relationship of cangkriangan giant gourami, kapas giant gourami, sago giant gourami, and sendangsari giant gourami based on morphometric and molecular characters using cytochrome oxidase subunit 1 (COI) mitochondrial DNA. Truss morphometric method was used with 28 measurement characters. COI gene amplification had been done using PCR technique with target of amplication was 906 bp nucleotides. Morphometry measurement resulted low average in coefficient of variance with range 2-20%. Correlation analysis resulted that forehead and tail stem part were characterist of giant gourami. Discriminant analysis and cluster analysis divided giant gourami into 3 populations, namely the population of cangkriangan giant gourami and sendangsari giant gourami, population of giant kapas gourami, and population of sago giant gourami. Molecular analysis showed that there was 2 of 808 bp nucleotides that distinguishing between sago giant gourami with other types of giant gourami. All sample were identified as *Osphronemus goramy* through BLAST analysis. The value of genetic diversity was in medium category (0.500), and genetic distance was in low category (0.002). Phylogenic tree showed that all types of giant gourami was in same monophyletic group with *Osphronemus goramy* as elder. Morphometric and molecular analysis showed that closest kinship was on cangkriangan giant gourami and sendangsari giant gourami, meanwhile farthest kinship was on sago giant gourami.

Key words: cluster, COI, genetic distance, giant gourami, morphometric, variety