

**KARAKTERISASI IKAN GABUS (*Channa striata* (Bloch, 1793))
DARI SUNGAI BATANG HARI, JAMBI
BERDASARKAN GEN MITOKONDRIA 16S**

**Ibnu Fajar
16/393173/BI/09593**

INTISARI

Dari sekian banyak ragam ikan air tawar yang dapat ditemukan di Indonesia, ikan gabus (*Channa striata*, (Bloch, 1973)) merupakan salah satu jenis ikan yang gemar dikonsumsi untuk alasan cita rasa serta fungsi medis seperti membantu mempercepat penyembuhan luka pada kulit. Tingginya permintaan atas ikan ini justru mengarah pada eksploitasi berlebih dan dengan memburuknya kondisi habitat akibat pencemaran atau ahli fungsi lahan, populasinya di alam menjadi mengkhawatirkan sehingga diperlukan langkah untuk mendukung program konservasi dan pemuliaan ikan gabus di Indonesia. Penelitian ini mencoba mendukung tujuan tersebut dengan membantu menyediakan informasi karakter genetik ikan gabus di Indonesia berdasarkan gen Mitokondria 16S, mengingat informasi tersebut masih cukup terbatas. Pada penelitian ini digunakan empat sampel ikan gabus (GBB-01, GBB-02, dan GBB-03) yang diperoleh dari Sungai Batang Hari, Jambi. Selain itu digunakan delapan data sekuen gen 16S *C. striata* dari *GenBank* (accession number KX177965, KU986899, KT358477, KT358478, HM117222, HM117223, KC200558, KC200559) sebagai pembanding, serta digunakan juga dua spesies dari *GenBank* sebagai *outgroup*, yaitu *Channa gachua*, dan *Channa punctata*. Pada penelitian ini metode yang digunakan adalah metode PCR dengan primer 16Sar sebagai primer *forward* dan 16Sbr sebagai primer *reverse*. Analisis similaritas dengan program daring *Nucleotide BLAST* menunjukkan ketiga sampel memiliki similaritas antara 98 sampai 99 % dengan spesies *C. Striata* di *GenBank database*. Jarak genetik intrapopulasi yaitu antara 0 ampai dengan 0,2 %. Analisis variasi genetik intrapopulasi menunjukkan dari ketiga sampel yang diteliti terdapat dua *haplotype* dengan satu *variable sites* tanpa *parsimony informative*. Analisis terhadap *haplotype diversity* dan *nucleotide diversity* masing-masing menunjukkan nilai $0,667 \pm 0,314$ dan $0,0011 \pm 0,00052$. Analisis pohon filogeni dengan metode *Maximum Likelihood* (ML) dan *Neighbor Joining* (NJ) menunjukkan bahwa sampel *C. striata* dari Sungai Batang Hari berada pada *clade* yang sama.

Kata kunci: *Channa striata*, gen 16S, ikan gabus, karakterisasi genetik, Sungai Batang Hari

**CHARACTERIZATION OF STRIPED SNAKEHEAD FISH
(*Channa striata* (Bloch, 1793))
FROM BATANG HARI RIVER, JAMBI
BASED ON 16S MITOCHONDRIAL GENE**

**Ibnu Fajar
16/393173/BI/09593**

ABSTRACT

Many varieties of freshwater fishes that can be found in Indonesia and striped snakehead fish (*Channa striata* (Bloch, 1973)) is one of the freshwater fish which is commonly consumed due to its delicacy and also its medical properties such as helping to boost skin wound-healing. The high demand for the fish is leading to overconsumption and with deteriorating habitat conditions due to pollution or land conversion, the fish population in nature has decreased every year, so that supports for conservation and breeding program in Indonesia are really needed. Therefore, the aim of this study was to identify and analyze genetic characterization of striped snakehead in Indonesia based on the mitochondrial 16S gene. This study used three striped snakehead (GBB-01, GBB-02, and GBB-03) obtained from Batang Hari River, Jambi. In addition, eight Mitochondrial 16S gene sequences of *C. striata* from GenBank (accession number KX177965, KU986899, KT358477, KT358478, HM117222, HM117223, KC200558, KC200559) were used as comparisons, and two species (*Channa gachua* and *Channa punctata*) from GenBank were used as the outgroup. In this study we used a PCR method using two primers, 16Sar and 16Sbr. Analysis of similarity with the online Nucleotide BLAST program showed that the three samples have similarity of 98 to 99 % to the *C. Striata* species in the GenBank database. Intrapopulation genetic distance was of 0 to 0,2 %. Intrapopulation genetic analysis revealed two haplotypes with one variable site without informative parsimony. Then, haplotype diversity and nucleotide diversity were $0,667 \pm 0,314$ and $0,0011 \pm 0,00052$ respectively. Phylogenetic trees analysed with Maximum Likelihood (ML) and Neighbor Joining (NJ) method exhibited that samples of *C. striata* from Batang Hari River were in similar clade.

Keywords: *Channa striata*, 16S gene, Batang Hari River, genetic characterization, striped snakehead