

KARAKTERISASI GENETIK IKAN GABUS (*Channa striata* (Bloch, 1793)) DARI SUNGAI OGAN, BANYUASIN, SUMATRA SELATAN BERDASARKAN GEN MITOKONDRIA 16S

Putri Agiestina
16/393186/BI/09606

INTISARI

Ikan Gabus (*Channa striata* (Bloch, 1793)) adalah ikan air tawar yang sering dikonsumsi oleh masyarakat Indonesia. Penangkapan yang berlebihan dan berkurangnya habitat akibat pencemaran, penebangan liar hutan, dan konversi lahan mengakibatkan penurunan populasi ikan ini di alam. Oleh karena itu, perlu adanya upaya-upaya melalui kebijakan untuk melakukan konservasi ikan gabus dan habitatnya serta peningkatan produksi ikan gabus melalui program pemuliaan. Salah satu upaya untuk melakukan konservasi dan program pemuliaan ikan gabus adalah dengan menyediakan data informasi genetik ikan gabus secara lengkap dan komprehensif. Namun demikian, data informasi genetik ikan gabus di Indonesia berdasarkan sekuen gen mitokondria 16S masih sangat terbatas. Oleh karena itu, tujuan penelitian ini adalah mengidentifikasi karakterisasi genetik ikan gabus (*C. striata*) dari Sungai Ogan, Banyuasin, Sumatra Selatan berdasarkan sekuen gen mitokondria 16S. Pada penelitian ini digunakan empat sampel ikan gabus (GBO-01, GBO-02, GBO-03 dan GBO-04) yang dikoleksi dari Sungai Ogan, Banyuasin, Sumatra Selatan. Selain itu, delapan data sekuen gen mitokondria 16S *C. striata* dari *GenBank database* (accession number KX177965, KU986899, KT358477, KT358478, HM117222, HM117223, KC200558, KC200559) digunakan sebagai data pembanding. Metode yang digunakan pada penelitian ini adalah metode PCR dengan primer 16Sar dan 16Sbr. Hasil penelitian menunjukkan bahwa keempat sampel ikan gabus dari Sungai Ogan, Banyuasin, Sumatra Selatan memiliki similaritas 98 % sampai dengan 99 % dengan spesies *C. striata* dari basis data *Genbank*. Jarak genetik intrapopulasi sampel GBO 01–04 adalah 0,00 %. Variasi genetik intrapopulasi *C. striata* menunjukkan haplotipe sejumlah 1 dan tidak terdapat polimorfisme yang menunjukkan tidak ada variasi genetik antar *C. striata* yang diteliti. Jarak genetik intraspesies antara *C. striata* dari Sungai Ogan dengan data pembanding dari *Genbank* yaitu 0,00 % sampai dengan 1,70 % dengan rata-rata jarak genetik sebesar 0,69 %. Variasi genetik intraspesies *C. striata* terdapat 5 haplotipe dan 10 *variable sites* dengan 8 *parsimony informative* dan 2 *singleton variable sites*. Nilai *haplotype diversity* adalah $0,818 \pm 0,070$ dan nilai *nucleotide diversity* sebesar $0,00776 \pm 0,00148$. Analisis *Median Joining Network* menggunakan PopART memperlihatkan sampel *C. striata* dari Sungai Ogan membentuk haplotipe yang terpisah dan tidak overlapping dengan haplotipe lainnya. Hal tersebut dapat dijadikan sebagai penanda molekular ikan gabus dari Sungai Ogan, Banyuasin, Sumatra Selatan.

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

**GENETIC CHARACTERITATION OF STRIPPED SNAKEHEAD
(*Channa striata* Bloch, (1793)) FROM OGAN RIVER, BANYUASIN,
SOUTH SUMATRA BASED ON 16S MITOCHONDRIAL GENE**

**Putri Agiestina
16/393186/BI/09606**

ABSTRACT

Striped snakehead (*Channa striata* Bloch, (1793)) is a freshwater fish commonly consumed by Indonesian. Overfishing and habitat fragmentation due to pollution, illegal logging, and land conversion conduce a decline in this fish population in its habitat. Therefore, a policy is needed for conservation of the fish species and its habitat and increase in the fish production through breeding program. Providing genetic data information can play an important role for conservation and breeding program of the fish species. Therefore, the aim of this research was to identify the genetic characterization of striped snakehead collected from Ogan River, Banyuasin, South Sumatra based on 16S mitochondrial DNA gene. In this study four samples of striped snakehead (GBO-01, GBO-02, GBO-03, and GBO-04) were collected from Ogan River, Banyuasin, South Sumatra. In addition eight sequence samples of striped snakehead (*C. striata*) from *GenBank database* (accession number KX177965, KU986899, KT358477, KT358478, HM117222, HM117223, KC200558, KC200559) were used as a comparison purpose. The method used in this study was a PCR method with universal primers, 16Sar and 16Sbr. The results showed that the four samples of striped snakehead from the Ogan River, Banyuasin, South Sumatra has a 98 % to 99 % similarity with the *C. striata* in *GenBank database*. Analysis of intrapopulation genetic distance between GBO 01–04 was 0.00 %. Genetic variation of *C. striata* intrapopulation from the Ogan River revealed 1 haplotype and there is no polymorphism which indicated no genetic variation between *C. striata* from the Ogan River in this study. Intraspecies genetic distance between *C. striata* from the Ogan River with samples from *Genbank* was 0,00 % to 1,70 % and the average of genetic distance was 0.69 %. In addition, the results exhibited 5 haplotypes and 10 variable sites with 8 parsimony informative and 2 singleton variable sites. The haplotype diversity and nucleotide diversity were 0.818 ± 0.070 and 0.00776 ± 0.00148 respectively. Median Joining Networking using PopART revealed a specific haplotype of the fish samples from Ogan River which no overlap between one and others. This can be used as a molecular marker of striped snakehead from the Ogan River, Banyuasin, South Sumatra.

Keywords: *Channa striata*, striped snakehead, 16S gene, genetic characterization, Ogan River.