

INTISARI

Karakterisasi genetik dan sifat unggul spesies sangat penting dalam menentukan arah pengembangan akuakultur. Keragaman genetik ikan gabus (*Channa striata*) pada lima pulau utama di Indonesia yaitu Sumatera, Jawa, Kalimantan, Sulawesi dan Papua dari hasil penangkapan dan budidaya dieksplorasi melalui gen parsial mtDNA CO1. Penelitian ini juga mengkaji kandungan albumin dari semua populasi melalui penyesuaian titik isoelektrik albumin dan menyelaraskan secara komprehensif dengan variasi genotipenya. Sekuens DNA dari dua belas populasi diuji dan mendapatkan sembilan haplotipe unik kemudian dibagi menjadi empat wilayah. Nilai keragaman genetik dari total populasi dikategorikan sedang (Hd: 0,7355) dengan jarak genetik terbesar ditemukan antara populasi Kalimantan dan Sumatera (D: 0,95954). Studi filogeni menunjukkan hubungan genetik yang erat di antara semua populasi ikan gabus Indonesia yang berakar pada nenek moyang yang sama. Akan tetapi, populasi Sumatera membentuk klaster yang berbeda dan berkontribusi besar pada keanekaragaman genetik yang tinggi (Hd: 1,00; π : 0,0024). Uji analisis varians terhadap kandungan albumin ikan gabus dari total populasi menunjukkan terdapat variasi. Uji lanjut dengan Tukey HSD menunjukkan bahwa kandungan albumin ikan gabus dari populasi Sumatera secara signifikan lebih tinggi ($1,907\% \pm 0,11$) dibandingkan dengan semua populasi dari hasil budidaya dan populasi hasil tangkapan dari Rawa Pesisir di Kalimantan Selatan dan Rawa Gambut di Kalimantan Tengah. Analisis lanjut dengan *Independent t-Test* terhadap konsentrasi albumin dari populasi Kalimantan yang berasal dari taksa yang sama pada pohon filogeni, menunjukkan tidak ada perbedaan yang signifikan kandungan albumin ikan gabus hasil penangkapan maupun budidaya. Temuan studi ini sangat penting sebagai acuan untuk memulai program pemuliaan dan pengembangan pengelolaan konservasi.

Kata kunci : albumin, channa, COI, variasi genetik

ABSTRACT

Genetic characterization and eminent traits of species are crucial in determining the direction of aquaculture development. The genetic diversity of striped snakehead (*Channa striata*) across five main islands in Indonesia from aquaculture and wild was explored through its partial mtDNA CO1 gene. Subsequently, this study examined the albumin content from all populations and comprehensively aligned it with the variation of its genotype. Twelve populations were assayed and subdivided into four regions following the generated haplotypes resulting into moderate diversity (Hd: 0.7355) with the highest genetic distance found between the population of Kalimantan and Sumatera (D: 0.95954). Phylogeny studies showed a close genetic relationship among all populations as they share common ancestors. However, the Sumatera population formed a different clade and contributes largely to the high genetic diversity of the examined populations (Hd: 1.00; π : 0.0024). Analysis of variance test on the albumin content of *C. striata* from total population showed that there were variations. Interestingly, Further tests with Tukey HSD showed that the albumin content of *C. striata* from the Sumatera population was significantly higher ($1.907\% \pm 0.11$) than the average of all aquaculture populations, littoral in South Kalimantan, swamp in Central Kalimantan, Sulawesi and Papua. Further analysis with the Independent t-Test of albumin content from the Kalimantan population which is from the same taxa in the phylogeny tree, showed no significant difference between farmed and wild *C. striata*. The findings of this study are fundamental for initiating a selective breeding program and for developing conservation management.

Keywords : albumin, channa, COI, genetic diversity