

**KARAKTERISASI GENETIK IKAN GABUS
(*Channa striata* (Bloch, 1793)) DARI SUNGAI ARUT,
KOTAWARINGIN BARAT, KALIMANTAN TENGAH
BERDASARKAN GEN MITOKONDRIA 16S**

**Shentarya Fitriani
17/411742/BI/09882**

INTISARI

Indonesia merupakan negara kepulauan beriklim tropis yang kaya akan jenis-jenis ikan baik ikan yang hidup di perairan laut, tawar, maupun payau. Indonesia memiliki sekitar 3.476 spesies ikan laut dan 1.248 spesies ikan air tawar. Salah satu ikan air tawar asli Indonesia yang banyak dijumpai di Indonesia adalah ikan gabus. Ikan gabus merupakan salah satu ikan air tawar yang persebarannya terdapat hampir di seluruh pulau besar di Indonesia seperti Sumatra, Jawa, Sulawesi, Kalimantan, hingga Papua. Namun demikian, penelitian karakterisasi genetik ikan gabus di Indonesia masih terbatas. Oleh karena itu, penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi dan menganalisis karakter genetik ikan gabus (*Channa striata* (Bloch, 1973)) yang berasal dari Sungai Arut, Kotawaringin Barat, Kalimantan Tengah dengan penanda molekuler gen mitokondria 16S. Penelitian ini menggunakan metode PCR dengan primer universal 16Sar dan 16Sbr. Adapun tahap yang dilakukan pada penelitian ini yaitu pengambilan sampel, isolasi DNA, amplifikasi DNA, purifikasi DNA, dan sekuensing yang dilanjutkan dengan analisis data dengan *software* GeneStudio, DNASTAR, BLAST, MESQUITE, MEGA, DnaSP dan NETWORK. *Software* tersebut digunakan dalam mengidentifikasi spesies ikan gabus, komposisi nukleotida sekuen gen mitokondria 16S, serta variasi genetik intrapopulasi ikan gabus dari Sungai Arut, Kotawaringin Barat, Kalimantan Tengah. Hasil analisis dengan *nucleotide* BLAST menunjukkan similaritas sekuen gen mitokondria 16S ikan gabus yang diteliti adalah 99.17-99.34% dengan *Channa striata* yang terdata di *GenBank*. Hasil penelitian juga menunjukkan bahwa tidak terdapat variasi genetik intrapopulasi. Namun apabila data sekuen gen mitokondria 16S ikan gabus yang diteliti dianalisis bersama 8 data sekuen gen mitokondria 16S ikan gabus yang terdata di *GenBank* ditemukan adanya variasi genetik intraspesies. Hasil penelitian ini diharapkan dapat digunakan untuk menyusun 16S mitochondrial DNA library dan sebagai referensi untuk usaha-usaha konservasi dan meningkatkan budidaya ikan gabus yang ada di Indonesia.

Kata kunci: ikan gabus, Sungai Arut, gen 16S, karakterisasi genetik

**GENETIC CHARACTERIZATION OF STRIPED SNAKEHEAD
(*Channa striata* (Bloch, 1793)) FROM ARUT RIVER,
WEST KOTAWARINGIN, CENTRAL KALIMANTAN
BASED ON 16S MITOCHONDRIAL GENE**

**Shentarya Fitriani
17/411742/BI/09882**

ABSTRACT

Indonesia has high fish diversity consisted of 3,476 species of sea fish and 1,248 species of freshwater fish. One of the native freshwater fish that is commonly found in Indonesia is striped snakehead. Striped snakehead is one of the freshwater fish that is widespread in most of islands of Indonesia such as Sumatra, Java, Sulawesi, Kalimantan, and Papua. However, research on the genetic characterization of striped snakehead in Indonesia is still limited. Therefore, this study aimed to identify and analyze the genetic character of striped snakehead (*Channa striata* (Bloch, 1973)) collected from Arut River, West Kotawaringin, Central Kalimantan based on 16S mitochondrial gene as a molecular marker. This study used a PCR method with universal primers 16Sar and 16Sbr. The stages carried out in this study were sampling, DNA isolation, DNA amplification, DNA purification, and sequencing followed by data analysis with GeneStudio, DNASTAR, BLAST, MESQUITE, MEGA, DNASP and NETWORK software. The softwares were used to identify striped snakehead species, the composition of 16S mitochondrial nucleotide sequence gene, as well as the intrapopulation genetic variation of striped snakehead from the Arut River, West Kotawaringin, Central Kalimantan. The result of the analysis with nucleotide BLAST revealed the similarity of 16S mitochondrial gene of striped snakehead investigated in this study was 99.17-99.34% with *Channa striata* recorded in GenBank. The result also showed no intrapopulation genetic variation the fish investigated in study. However, there was intraspecies genetic variation while the 16S mitochondrial gene sequence data of striped snakehead examined in this study was analyzed with 8 sequence data of 16S mitochondrial gene of striped snakehead recorded in GenBank. The results of this study are expected to be used to assembly 16S mitochondrial DNA library and gain genetic information which can be implemented for conservation and breeding program of striped snakehead in Indonesia.

Keywords : striped snakehead, Arut River, 16S gene, genetic characterization