

KARAKTERISASI GENETIK IKAN TEMBAKANG
(*Helostoma temminckii* Cuvier, 1829)
DARI SUNGAI OGAN, BANYUASIN, SUMATERA SELATAN
BERDASARKAN GEN MITOKONDRIA 16S

Gregorius Altius Pratama
13/346940/BI/9004

INTISARI

Sebagai negara kepulauan, Indonesia memiliki biodiversitas ikan yang tinggi, salah satunya adalah ikan Tembakang (*Helostoma temminckii*) yang banyak diminati oleh masyarakat. Akan tetapi penelitian mengenai biologi khususnya karakterisasi genetik ikan tembakang belum banyak dilakukan. Oleh karena itu penelitian ini bertujuan untuk mengetahui karakterisasi genetik ikan Tembakang (*Helostoma temminckii* Cuvier, 1829) dari Sungai Ogan, Banyuasin, Sumatera Selatan berdasarkan gen mitokondria 16S. Pada penelitian ini digunakan dua sampel ikan Tembakang dari lokasi penelitian. Selain itu, tiga sekuen gen mitokondria 16S milik *Helostoma temminckii* dengan *accession number* AY763696, KX816037, dan NC_022728 diambil dari *GenBank* dan digunakan sebagai pembanding. Kedua sampel ikan tersebut diamplifikasi menggunakan primer 16Sar sebagai primer *forward* dan primer 16Sbr sebagai primer *reverse*. Hasil elektroforesis produk amplifikasi PCR menunjukkan bahwa panjang fragmen *partial* gen mitokondria 16S pada sampel ikan tembakang pertama sebesar 621 bp sedangkan pada sampel kedua sebesar 620 bp. Analisis menggunakan program *online* BLASTN menunjukkan kedua sampel memiliki similaritas dengan spesies *Helostoma temminckii* sebesar 99%. Hasil analisis jarak genetik dengan model Kimura-2-parameter menunjukkan bahwa kedua sampel ikan Tembakang memiliki jarak genetik terdekat dengan *Helostoma temminckii* (KX816037) sebesar 0%. Analisis filogeni dengan pendekatan *Neighbor-Joining* dan *Maximum Likelihood* menunjukkan kedua sampel ikan Tembakang masuk ke dalam *clade* yang sama dengan *Helostoma temminckii* dengan *accession number* NC_022728 dan KX816037. Analisis variasi genetik menunjukkan adanya tiga *haplotype* dari kelima sekuen gen mitokondria 16S yang dianalisis. Hasil penelitian juga menunjukkan terdapat 4 *variable sites* dengan 1 *parsimony site*. Nilai keragaman haplotype (Hd) adalah $0,700 \pm 0,218$ dan nilai keragaman nukleotida (π) adalah $0,003 \pm 0,001$.

Kata kunci : ikan Tembakang, Sungai Ogan, karakterisasi genetik, 16S mt-DNA

GENETIC CHARACTERIZATION OF KISSING GOURAMI
(*Helostoma temminckii* Cuvier, 1829)
FROM OGAN RIVER, BANYUASIN, SOUTH SUMATERA
BASED ON 16S MITOCHONDRIAL GENE

Gregorius Altius Pratama
13/346940/BI/9004

ABSTRACT

Indonesia, which is considered as an archipelago country, has the highest fish diversity, including kissing gourami (*Helostoma temminckii*). The fish species is commonly consumed due to its delicious taste. However, biological studies about the fish species, especially its genetic characterization, are limited. Therefore, the aim of this study was to determine the genetic characterization of kissing gourami (*Helostoma temminckii*) from Ogan River, Banyuasin, South Sumatera based on 16S mitochondrial gene. This study analyzed 16S mt-DNA of two samples of kissing gourami collected from Ogan River and compared to *Helostoma temminckii* 16S mt-DNA sequence data with accession number AY763696, KX816037, and NC_022728 from *GenBank*. The two fish samples were amplified using 16Sar primer as a forward primer and 16Sbr as a reverse primer. Electrophoresis result showed that the partial fragment length of 16S mt-DNA from the first sample (T1) was 621 bp and the second sample (T2) was 620 bp. Similarity analysis using online BLASTN indicated that the two kissing gourami samples (T1 and T2) have 99% similarity to *Helostoma temminckii* from *GenBank*. Genetic distance analysis with a Kimura-2-parameter method showed that the two fish samples have the closest genetic distance (0%) with *Helostoma temminckii* (KX816037). Phylogenetic analysis using Neighbor-Joining and Maximum Likelihood methods indicated that the two fish samples were in the same clade with *Helostoma temminckii* (NC_022728 and KX816037). Genetic variation analysis from five sequence data of kissing gourami revealed that there were three haplotypes with four variable sites and one parsimony site. In addition, the haplotype diversity (Hd) was $0,700 \pm 0,218$ and the nucleotide diversity (π) was $0,003 \pm 0,001$.

Keywords: kissing gourami, Ogan River, genetic characterization, 16S mt-DNA