

FILOGENETIK GENUS CHANNA (*ACTINOPTERYGII*; *CHANNIDAE*) DI INDONESIA BERDASARKAN GEN CYTHOCHROME C OXIDASE SUBUNIT I (COI)

PHYLOGENETIC OF GENUS CHANNA (*ACTINOPTERYGII*; *CHANNIDAE*) IN INDONESIA BASED ON CYTHOCHROME C OXIDASE SUBUNIT I (COI) GENE

Farhan Afif Saputra¹, Amelia¹, Natasha Putri¹, Fajri Purnama¹, Fitri Sil Valen^{1*}

¹Aquaculture Departement, Faculty of Agriculture Fisheries and Biology, University of Bangka Belitung,
Kampus terpadu UBB, Balunijuk, Bangka Belitung 33127

*email: fitrisilvalen@ubb.ac.id

Abstrak

Artikel ini bertujuan untuk menjelaskan dan menggambarkan filogenetik genus *Channa* di Indonesia menggunakan gen COI (*Chytocrome C Oxydase Sub unit I*). Sekuens dari sembilan spesies *Channa* yang tersebar di Indonesia dan terdata di NCBI Genbank, yaitu *Channa limbata*, *Channa bankanensis*, *Channa lucius*, *Channa maruloides*, *Channa melasoma*, *Channa micropeltes*, *Channa pleurophthalma*, *Channa gachua*, dan *Channa striata* digunakan sebagai metadata untuk dianalisis filogenetik dan jarak genetik antar spesiesnya. Jarak genetik terdekat yaitu pada *Channa pleurophthalma* dengan *Channa striata* yaitu 0.000 yang artinya tidak ada perbedaan nukleotida diantara keduanya sehingga secara urutan basa nukleotida, kedua spesies tersebut dapat dikatakan identikal atau memiliki kemiripan. Kedua spesies tersebut juga memiliki komposisi nukleutida yang sama dengan presentase timin sebanyak 26,98%, sitosin sebanyak 29,80%, adenin sebanyak 25,16% dan guanin sebanyak 18,04%. Komposisi nukleotida sendiri menjadi indikasi variasi genetik. Jika komposisi kedua spesies sama artinya tidak terdapat variasi genetik dari kedua spesies tersebut.

Kata Kunci: *filogenetik, DNA Barcoding, Channa, percinoformes*

Abstract

This article aims to explain and describe the phylogenetics of the genus *Channa* in Indonesia using the COI (*Chytocrome C Oxydase Sub unit I*) gene. Sequences of nine *Channa* species spread across Indonesia and recorded at NCBI Genbank, namely *Channa limbata*, *Channa bankanensis*, *Channa lucius*, *Channa maruloides*, *Channa melasoma*, *Channa micropeltes*, *Channa pleurophthalma*, *Channa gachua*, and *Channa striata* were used as metadata for phylogenetic analysis and genetic distance between species. The closest genetic distance is *Channa pleurophthalma* and *Channa striata*, which is 0.000, which means that there are no nucleotide differences between the two so that in terms of the sequence of nucleotide bases, the two species can be said to be identical or have similarities. The two species also have the same nucleotide composition with the percentage of 26.98% thymine, 29.80% cytosine, 25.16% adenine and 18.04% guanine. The nucleotide composition itself is an indication of genetic variation. If the composition of the two species is the same, it means that there is no genetic variation from the two species.

Keywords: *phylogenetic, DNA Barcoding, Channa, percinoformes*

PENDAHULUAN

Channa merupakan genus dalam keluarga *Channidae* (Raymond *et al.*, 2018) dengan wilayah sebaran hampir diseluruh Asia (Kottelat, 2013). Ikan *Channa* dimanfaatkan untuk konsumsi, ikan hias maupun untuk alasan kesehatan seperti pemanfaatan Albumin yang ada pada *Channa* untuk meningkatkan kandungan albumin manusia (Pratama *et al.*, 2020).

Pembahasan mengenai filogenetik *Channa* di Asia Tenggara secara spesifik belum pernah dilakukan, untuk itu kami melakukan penelitian mengenai filogenetik *Channa* in *Southeast Asia* dengan menggunakan data-data yang berasal dari genbank melalui mekanisme download sampel berupa urutan nukleotida dari Sitokrom Oksidasigen I (COI) dalam DNA mitokondria

Berdasarkan data pada *Catalog of fishes* ada beberapa spesies *Channa* yang sudah tervalidasi dan tersebar di Indonesia diantaranya *Channa limbata* (Cuvier, 1831) yang juga sebarannya cukup luas yaitu Asia Tenggara (Praveenraj *et al.*, 2018; Kottelat, 2013). Kemudian ada juga spesies *Channa bankanensis* (Bleeker, 1853) yang tersebar di Sumatra dan Borneo hingga Malaysia (Rüber *et al.*, 2019; Kottelat, 2013; Benziger *et al.*, 2011). Selanjutnya ada pula spesies *Channa lucius* (Cuvier, 1831) yang daerah sebarannya cukup lebar yaitu Asia Tenggara (Kottelat, 2013; Tan & Ng, 2005). Spesies ke empat ada *Channa cyanospilos* (Bleeker, 1853) yang sebarannya dari Indonesia hingga Malaysia (Rüber *et al.*, 2019; Kottelat, 2013; Tan & Ng 2005). Selanjutnya terdapat juga *Channa maruloides* (Bleeker, 1851) yang sebarannya dari Indonesia bagian Barat hingga Malaysia (Ng *et al.*, 2019; Adamson & Britz, 2018). Hadir juga *Channa melanoptera* (Bleeker, 1855) yang tersebar di Indonesia (Rüber *et al.*, 2019; Musikasinthorn 2000; Kottelat, 1993). Selanjutnya spesies *Channa melasoma* (Bleeker, 1851) yang juga tersebar di Asia tenggara (Rüber *et al.*, 2019; Grinang & Lim 2004). *Channa micropeltes* (Cuvier, 1831) yang juga sebarannya luas hingga ke Asia tenggara (Kottelat & Widjanarti 2005). Terdapat juga *Channa pleurophthalma* (Bleeker, 1851) (Rüber *et al.*, 2019; Musikasinthorn & Taki, 2001). *Channa gachua* (Hamilton, 1822) dengan distribusi di Asia Tenggara (Shangningam & Kosygin, 2022 ; Susasinghe *et al.*, 2020), dan terakhir ada *Channa striata* (Bloch, 1793) yang juga sebarannya sangat luas termasuk Indonesia dan telah di

Introduksi juga ke berbagai negara (Fu *et al.*, 2021; Perera *et al.*, 2020).

Tidak hanya teridentifikasi dan tervalidasi secara morfologi, beberapa spesies dari genus *Channa* di Indonesia telah teridentifikasi secara molekuler dengan metode DNA Barcoding, yang mana DNA Barcoding tersebut telah disubmit pada database NCBI Genbank. Keberadaan DNA Barcoding pada NCBI genbank dapat dimanfaatkan untuk penelitian lebih lanjut seperti analisis spesies (Valen *et al.*, 2019a) filogenetik (Valen *et al.*, 2022; Valen *et al.*, 2019b) pada suatu genus dan keragaman genetik (Valen *et al.*, 2021). Analisis filogenetik untuk Genus *Channa* sendiri di Indonesia belum dilakukn sehingga pada penelitian ini kami akan melakukan analisis filogenetik untuk melihaat kekerabatan antar spesies pada genus *Channa* yang tersebar di Indonesia dengan memanfaatkan DNA Barcoding yang ada pada Genbank NCBI. Pohon filogenetik ini nantinya dapat mendefinisikan grafik dua dimensi yang mewakili hubungan evolusioner antara suatu organisme dari berbagai organisme lain.

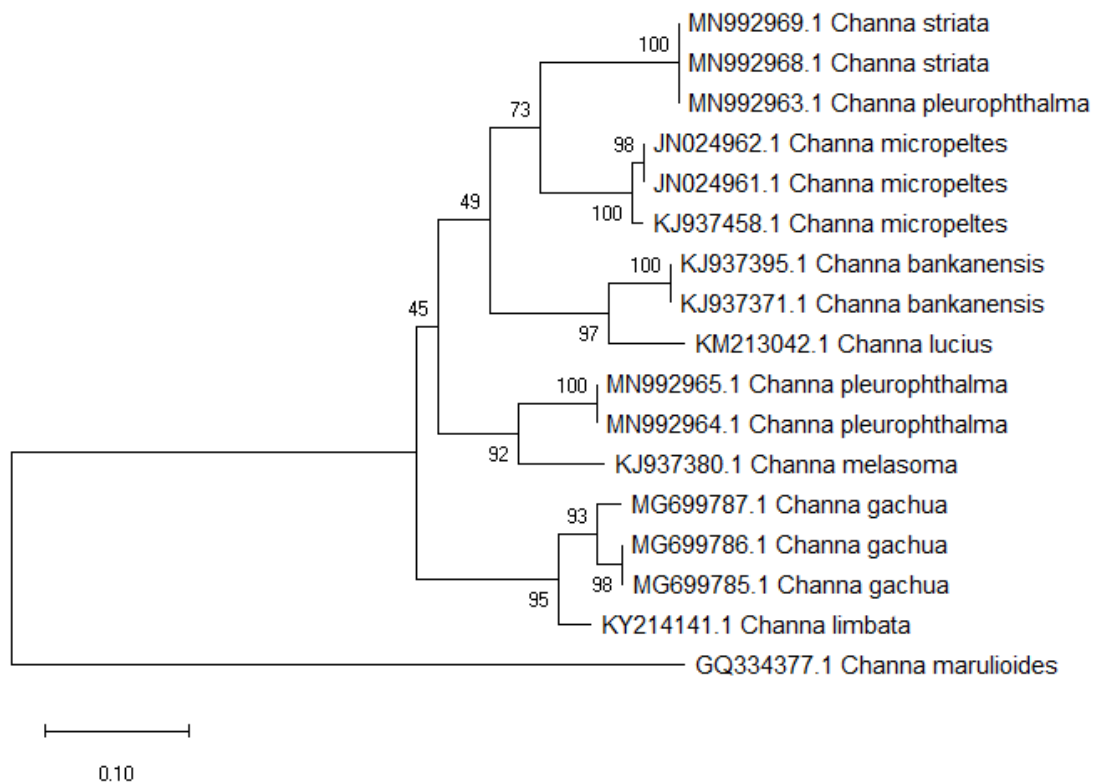
MATERI DAN METODE PENELITIAN

Sekuen Gen Cytochrome C OxydaseSubunit I (COI) *Channa* di download dari NCBI genbank dengan format penyimpanan FASTA (Tabel 1) (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/nucleotide/>). Sebanyak 17 sekuen yang di download dari genbank yang terdiri dari dua sekuen *Channa Striata* (Syaifudin *et al.*, 2020), tiga sekuen *Channa gachua* (Hutama *et al.*, 2017), tiga sekuen *Channa pleurophthalma* (Syaifudin *et al.*, 2020), satu sekuen *Channa limbata* (Jayasimhan, 2016), dua sekuen *Channa bankanensis* (Serao *et al.*, 2014), satu sekuen *Channa lucius* (Wibowo, 2014), satu sekuen *Channa maruloides* (Jamsari *et al.*, 2009) sekuen *Channa micropeltes* (April *et al.*, 2011).

Semua sampel yang terdownload dianalisis pada Software MEGA X (Kumar *et al.*, 2018) dengan tahapan pertama yaitu pensejajaran sekuen dengan menggunakan Clustal W, kemudian pembuatan pohon filogenetik dengan menggunakan metode Maximum Likelihood serta menggunakan model Tamura-Nei model Neighbor-Joining (Tamura & Nei, 1993). melalui uji bootstrap dengan 1.000 ulangan, lalu menghitung jarak evolusi dengan menggunakan metode 2-parameter Kimura dan terakhir kami juga menganalisis nukleotida tiap spesies.

Tabel 1. Sekuen DNA berurutan Spesies *Channa* dari genbank.

Spesies	Lokasi	Nomor Akses	Author
<i>Channa Striata</i>	Sumatera Selatan	MN992968.1	Syaifudin et al., 2020
<i>Channa Striata</i>	Sumatera Selatan	MN992969.1	Syaifudin et al., 2020
<i>Channa Gacua</i>	Jawa Tengah	MG699785.1	Hutama et al., 2017
<i>Channa Gacua</i>	Jawa Tengah	MG699786.1	Hutama et al., 2017
<i>Channa Gacua</i>	Jawa Tengah	MG699787.1	Hutama et al., 2017
<i>Channa pleurophthalma</i>	Sumatera Selatan	MN992965.1	Syaifudin et al., 2020
<i>Channa pleurophthalma</i>	Sumatera Selatan	MN992964.1	Syaifudin et al., 2020
<i>Channa pleurophthalma</i>	Sumatera Selatan	MN992963.1	Syaifudin et al., 2020
<i>Channa limbata</i>	Indonesia	KY214141	Jayasimhan, 2016
<i>Channa bankanensis</i>	-	KJ937395.1	Serrao et al., 2014
<i>Channa bangkanensi</i>	-	KJ937371.1	Serrao et al., 2014
<i>Channa lucius</i>	Sumatera Selatan	KM213042.1	Wibowo, 2014
<i>Channa maruloides</i>	-	GQ334377.1	Jamsari et al., 2009
<i>Channa melasoma</i>	-	KJ937380	Serrao et al., 2014
<i>Channa micropeltes</i>	-	JN024962	April et al., 2011
<i>Channa micropeltes</i>	-	JN024961	April et al., 2011



Gambar 1. Pohon Filogenetik genus *Channa* yang ada di Indonesia.

HASIL

Pohon Filogenetik

Rekonstruksi pohon filogenetik dari genus *Channa* dapat dilihat pada Gambar 1. Diantara kesembilan (9) spesies *Channa* yang tersebar di Indonesia, jarak terjauh dengan membentuk *clade* atau cabang tersendiri terjadi pada *Channa maruloides*. Spesies *Channa gachua* dengan *channa limbata* juga berada pada satu cabang yang sama. Kemudian *Channa pleurophthalma* dengan *Channa melasoma* juga berasal pada *clade* atau cabang yang sama dengan nenek moyang yang sama. Selanjutnya *Channa lucius* dengan

Channa bankanensis berada pada satu cabang yang sama. *Channa striata* dan *Channa pleurophthalma* berada pada satu *clade* dan cabang yang sama dan berada pada satu garis lurus.

Jarak Genetik

Sebanyak sembilan (9) spesies dari genus *Channa* yang di download dari genbank (*Channa Striata*, *Channa gachua*, *Channa pleurophthalma*, *Channa limbata*, *Channa bankanensis*, *Channa lucius*, *Channa maruloides* dan *Channa micropeltes*) yang memiliki jarak genetik yang

beragam. Jarak genetik terendah terjadi pada genus *Channa* yang tersebar di Indonesia yaitu 0.000 terjadi pada spesies *Channa Striata* X *Channa pleurophthalma*. Jarak genetik tertinggi terjadi pada spesies *Channa maruloides* X *Channa striata*/*Channa pleurophthalma* yaitu 1.038

diikuti oleh *Channa maruloides* X *Channa lucius* sebesar 1.005. Kemudian terdapat juga *Channa lucius* X *Channa bankanensis* dengan jarak genetik 0.99. perhitungan jarak genetik selengkapnya dapat dilihat pada Tabel 2.

Tabel 2. Jarak Genetik

	1	2	3	4	5	6	7	8	9
1 MN992969.1_ <i>Channa striata</i>									
2 MG699787.1_ <i>Channa gachua</i>	0,215								
3 MN992963.1_ <i>Channa pleurophthalma</i>	0,000	0,215							
4 KY214141.1_ <i>Channa limbata</i>	0,232	0,068	0,232						
5 KJ937371.1_ <i>Channa bankanensis</i>	0,229	0,240	0,229	0,236					
6 KM213042.1_ <i>Channa lucius</i>	0,238	0,273	0,238	0,267	0,099				
7 GQ334377.1_ <i>Channa maruloides</i>	1,038	0,984	1,038	0,943	0,953	1,005			
8 KJ937380.1_ <i>Channa melasoma</i>	0,209	0,251	0,209	0,246	0,226	0,252	0,971		
9 JN024962.1_ <i>Channa micropeltes</i>	0,164	0,259	0,164	0,241	0,206	0,199	1,008	0,20	

Komposisi Nukleotida

Presentase komposisi nukleotida sendiri di kalkulasi dengan menggunakan Software MEGA X (Kumar *et al.*, 2018). Hasil analisis nukleotida pada sekuen *Channa* cukup beragam antar spesies nya (Tabel 3) dimana *Channa Gachua* memiliki presentase T (30,06%), C (28,68%), A (23,31%) dan G (18,04). *Channa limbata* memiliki presentase T (28,20), C (29,96%), A (23,35%) dan G (18,26). *Channa bankanensis* memiliki presentase T (27,14%), C (30,42%), A (24,46%) dan G (17,94). *Channa lucius* memiliki presentase

T (29,67%), C (27,92%), A (24,26%) dan G (18,12). *Channa maruloides* mempunyai presentase T (26,35%), C (28,53%), A (27,17%) dan G (17,93). *Channa melasoma* memiliki presentase T (26,84%), C (30,98%), A (23,00%) dan G (19,27). *Channa micropeltes* mempunyai presentase T (26,13%), C (31,45%), A (24,01%) dan G (18,38). *Channa striata* dan *Channa pleurophthalma* memiliki persentase nukleotida gen COI yaitu T (26,98%), C (29,80%), A (25,16%) dan G (18,04).

Tabel 3. Komposisi Nukleotida

Sampel	T(U)	C	A	G
MN992969.1 <i>Channa striata</i>	26,98	29,80	25,16	18,04
MG699787.1 <i>Channa gachua</i>	30,06	28,68	23,31	17,94
MN992963.1 <i>Channa pleurophthalma</i>	26,98	29,80	25,16	18,04
KY214141.1 <i>Channa limbata</i>	28,20	29,96	23,55	18,26
KJ937371.1 <i>Channa bankanensis</i>	27,14	30,42	24,49	17,94
KM213042.1 <i>Channa lucius</i>	29,67	27,92	24,26	18,12
GQ334377.1 <i>Channa maruloides</i>	26,35	28,53	27,17	17,93
KJ937380.1 <i>Channa melasoma</i>	26,84	30,98	23,00	19,17
JN024962.1 <i>Channa micropeltes</i>	26,13	31,45	24,01	18,38

DISKUSI

Pohon Filogenetik

Channa striata dan *Channa pleurophthalma* berada pada satu *clade* dan cabang yang sama dengan satu garis lurus yang artinya tidak ada perbedaan urutan nukleotida diantara mereka. Berdasarkan urutan gen COI atau DNA Barcoding-

nya antara *Channa striata* dan *Channa pleurophthalma* merupakan satu spesies.

Diantara kesembilan (9) spesies *Channa* yang tersebar di Indonesia, jarak terjauh dengan membentuk *clade* atau cabang tersendiri terjadi pada *Channa maruloides*. Spesies *Channa gachua* dengan *channa limbata* juga berada pada satu

cabang yang sama namun tidak teridentifikasi dalam satu spesies hanya saja berasal dari nenek moyang yang sama karena berdasarkan jarak genetik dan kemiripan urutan basa DNA antara kedua spesies tersebut lebih dari 3%, menurut Heber *et al.*, (2003), perbedaan urutan basa nukleotida melebihi 3 % dapat dikatakan bahwa kedua spesies bukanlah spesies yang sama atau tidak identik. Jarak genetik kedua spesies 0.068 .

Kemudian *Channa pleurophthalma* dengan *Channa melasoma* juga berasal pada clade atau cabang yang sama dengan nenek moyang yang sama. Selanjutnya *Channa lucius* dengan *Channa bankanensis* berada pada satu cabang yang sama. Berdasarkan sebarannya, *Channa bankanensis* sendiri yang tersebar di Sumatra dan Borneo hingga Malaysia (Rüber *et al.*, 2019; Kottelat, 2013; Benziger *et al.*, 2011), untuk *Channa lucius* daerah sebarannya cukup lebar yaitu Asia Tenggara (Tan & Ng , 2005; Kottelat, 2013). Terakhir ada *Channa Channa maruloides* yang membentuk *clade* sendiri. Karena berdasarkan jarak genetik antara *Channa micropeltes* dengan spesies lainya memang cukup jauh, *Channa maruloides* X *Channa striata*/*Channa pleurophthalma* yaitu 1.038 diikuti oleh *Channa maruloides* X *Channa lucius* sebesar 1.005. jarak yang jauh ini membuat *Channa maruloides* membentuk *clade* sendiri pada pohon evolusi/pohon filogenetik.

Jarak Genetik

Jarak evolusi atau jarak genetik antarspesies dalam genus *Channa* yang tersebar di Indonesia dikalkulasikan dengan menggunakan metode 2-parameter Kimura pada Sotware Mega X (Kumar *et al.*, 2018). Jarak genetik terdekat terjadi pada spesies *Channa pleurophthalma* x *Channa striata* yaitu 0.000 yang artinya tidak ada perbedaan urutan basa DNA antara kedua spesies tersebut. Menurut Hebert *et al.*, (2003) perbedaan DNA di atas 3% dinyatakan spesies tersebut berbeda namun angka perbedaan dibawah 3 persen maka kemungkinan spesies tersebut sama atau identik atau dapat dikatakan satu spesies. *Channa pleurophthalma* sendiri ditemukan oleh Bleeker pada tahun 1851 dan *Channa striata* ditemukan oleh Bloch pada tahun 1793. Kedua spesies ini terlihat berbeda secara morfologi namun secara urutan DNA Barcoding kedua spesies ini sangat mirip dan identik. Jarak genetik ini juga mempresentasikan perbedaan genetik diantara sekuen. Dimana semakin besar jarak genetik artinya semakin besar perbedaan genetik diantara spesies, dan sebaliknya. Sehingga berdasarkan gen COI, dapat disimpulkan bahwa *Channa pleurophthalma* dan *Channa striata* tidak memiliki perbedaan genetik karena jarak genetik diantara kedua spesies

tersebut adalah 0.000 atau dapat diartikan tidak ada perbedaan genetik dari kedua spesies.

Selanjutnya jarak genetik yang tinggi terjadi antara *Channa striata* x *Channa maruloides* dan *Channa pleurophthalma* x *Channa maruloides* yaitu 1.038. diikuti dengan *Channa lucius* X *Channa maruloides* sebesar 1.005. Kemudian jarak genetik sedang terjadi antara *Channa bankanensis* X *Channa limbata* sebesar 0.299 kemudian ada juga *Channa limbata* X *Channa pleurophthalma* sebesar 0.232.

Menurut Nei, (1972) jarak genetik 0.010-0.099 termasuk dalam kategori rendah, 0.1-0.99 termasuk kedalam kategori sedang dan jarak genetik 1.00-2.00 termasuk ke dalam kategori tinggi. Berdasarkan distribusi geografinya *Channa maruloides* sendiri tersebar di Indonesia bagian Barat hingga Malaysia (Ng *et al.*, 2019; Adamson & Britz, 2018) sedangkan *Channa striata* sebarannya lebih luas yaitu Asia Tenggara: yaitu Pakistan, India and Sri Lanka, Yunnan/China, Thailand, Malaysia, Borneo dan Indonesia bahkan telah di Introduksikan juga ke berbagai negara (Fu *et al.*, 2021; Perera *et al.*, 2020; Dey *et al.*, 2019; Wilkinson & Tan, 2018; Fricke *et al.*, 2018). Berdasarkan kemampuan sebarannya, tekanan lingkungan yang terjadi diantara mereka juga akan berbeda dan memungkinkan terjadinya perbedaaan genetik sebagai bentuk adaptasi.

Komposisi Nukleotida

Nukleotida sendiri adalah monomer asam nukleat yang berfungsi sebagai gudang informasi genetik. Nukleotida memiliki tiga karakteristik komponen yaitu basa nitrogen heterosiklik, gula pentosa dan gugus fosfat. Ada empat basa nitrogen yang merupakan unit pembentuk DNA yaitu adenin (A), guanin (G), sitosin (C) dan timin (T).

Dari ke-tujuh spesies diantaranya *Channa gachua*, *Channa limbata*, *Channa bankanensis*, *Channa lucius*, *Channa maruloides*, *Channa melasoma*, *Channa micropeltes* memiliki terdistribusi presentase basa nukleotida nya beragam atau berbeda. Perbedaan komposisi nukleotida pada spesies-spesies tersebut memperlihatkan adanya indikasi variasi genetik. ikan-ikan dengan variasi genetik yang tinggi disebabkan oleh tekanan lingkungan yang berbeda.

Hal yang berbeda ditunjukkan oleh spesies *Channa striata* dan *Channa pleurophthalma* dimana mereka memiliki persentase nukleotida gen COI yaitu T (26,98%), C (29,80%), A (25,16%) dan G (18,04). Kemiripan presentase nukleotida antara *Channa striata* dan *Channa pleurophthalma* mengindikasikan bahwa kedua spesies tersebut tidak memiliki variasi genetik. Artinya berdasarkan gen COI, kedua spesies memiliki kemiripan urutan Basa Nukleotida dan

identikal. Adapun kedekatan dari kedua spesies tersebut secara genetik perlu dikaji lebih mendalam melalui analisis morfologi dan genetik dengan menggunakan gen yang lebih komplit untuk mendapatkan hasil analisis terbaik.

KESIMPULAN

Terdapat sembilan spesies yang memiliki sekuen gen COI pada NCBI Genbank diantaranya *Channa* yang tersebar di Indonesia dan terdata di NCBI Genbank, yaitu *Channa limbata*, *Channa bankanensis*, *Channa lucius*, *Channa maruloides*, *Channa melasoma*, *Channa micropeltes*, *Channa pleurophthalma*, *Channa gachua*, dan *Channa striata*. Kemudian dari kesembilan spesies tersebut dibentuk pohon filogenetik, jarak genetik dan menganalisis komposisi nukleutidanya. Berdasarkan hasil rekontruksi filogenetik, jarak genetik *Channa striata* dan *Channa pleurophthalma* berada pada satu *clade* dan cabang yang sama dengan satu garis lurus yang artinya tidak ada perbedaan urutan nuklotida diantara genus *Channa* dan komposisi nukleutida diantara merekapun sama. Berdasarkan hasil analisis tersebut disarankan untuk peneliti selanjutnya melakukan kajian mendalam terkait *Channa striata* dan *Channa pleurophthalma* baik secara genetik (DNA Barcoding) dengan menggunakan gen yang lebih komplit (*complete mitochondrial*) maupun analisis morfologi untuk memastikan kevalid-an spesies sehingga dapat menyempurnakan penelitian yang kami lakukan saat ini

UCAPAN TERIMAKASIH

Terimakasih kepada Universitas Bangka Belitung yang sudah memfasilitasi penelitian ini terutama ruang belajar untuk menganalisis hasil penelitian. Terimakasih kepada Rina Apriyanti, Alya Maisan Safitri dan Siti Puan Nu Intan yang telah membantu dalam analisis filogenetik.

DAFTAR PUSTAKA

- Adamson EAS, Britz, R . 2018. The snakehead fish *Channa aurolineata* is a valid species (Teleostei: Channidae) distinct from *Channa marulius*. *Zootaxa* 4514 (4): 542-552
- April J, Mayden RL, Hanner RH, Bernatchez L. 2011. Genetic calibration of species diversity among North America's freshwater fishes. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 108 (26):10602-10607
- Benziger A, Philip S, Raghavan R, Anvar Ali PH, Sukumaran M, Tharian JC. 2011. Unraveling a 146 years old taxonomic puzzle: validation of Malabar snakehead, species-status and its relevance for channid systematics and evolution. *PLoS ONE* 6 (6): 1-12
- Bloch, ME . 1793. *Naturgeschichte der ausländischen Fische*. Berlin. v. 7: i-xiv + 1-144, Pls. 325-360. [
- Cuvier G, Valenciennes A. 1831. *Histoire naturelle des poissons*. Paris. v. 7: i-xxix + 1-531, Pls. 170-208.
- Dey A, Nur R, Chowdhury BR, Sarkar D, Kosygin R, Barat S. 2019. A new ornamental species of snakehead fish (Teleostei: Channidae) from River Torsa of West Bengal, India. *International Journal of Pure and Applied Biosciences* 6(6) : 497-503
- Fricke R, Mahafina J, Behivoke F, Jaonalison H, Léopold M, Ponton D. 2018. Annotated checklist of the fishes of Madagascar, southwestern Indian Ocean, with 158 new records. *FishTaxa* 3 (1): 1-432
- Fu GQ, Qin T, Chen XY, Lei CY, Li G H. 2021. Composition and species diversity of fishes in Xishuangbanna reach of Lancang River. *Acta Ecologica Sinica* 41 (24): 9557-9573
- Grinang J. Lim KKP. 2004. Fishes. Sarawak Bau Limestone Biodiversity. *The Sarawak Museum Journal Special Issue* 6: 285-298
- Hamilton F. 1822. An account of the fishes found in the river Ganges and its branches. Edinburgh & London. i-vii + 1-405, Pls. 1-39
- Hebert PDN, Cywinska A, Ball SL, DeWaard JR. 2003. Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences* 270 (1512): 313-321.
- Hutama A, Dahrudin H, Busson F, Sauri S, Keith P, Hadiaty RK, Hanner R, Suryobroto B, Hubert. 2017. Identifying spatially concordant evolutionary significant units across multiple species through DNA barcodes: Application to the conservation genetics of the freshwater fishes of Java and Bali. *Glob Ecol Conserv* 12: 170-187.
- Jayasimhan P. 2016. *Channa royi* a new species of snakehead (Channidae) from Andaman Islands with redescription of *Channa limbata*. *Unpublished*.
- Kottelat M. Widjanarti E. 2005. The fishes of Danau Sentarum National Park and the Kapuas Lakes area, Kalimantan Barat, Indonesia. *Raffles Bulletin of Zoology Suppl* 13: 139-173
- Kottelat M. 2013. The fishes of the inland waters of southeast Asia: a catalogue and core bibliography of the fishes known to occur in freshwaters, mangroves and estuaries. *Raffles Bulletin of Zoology Supplement* 27: 1-663
- Kumar S, Stecher G., Li M., Knyaz C., and Tamura K. 2018. MEGA X: Molecular Evolutionary Genetics Analysis across computing platforms. *Molecular Biology and Evolution* 35:1547-1549

- Musikasinthorn P, Taki Y. 2001. *Channa siamensis* (Günther, 1861), a junior synonym of *Channa lucius* (Cuvier "in" Cuvier and Valenciennes, 1831). *Ichthyological Research* 48 (3): 319-324
- Musikasinthorn P. 2000. *Channa aurantimaculata*, a new channid fish from Assam (Brahmaputra River basin), India, with designation of a neotype for *C. amphibeus* (McClelland, 1845). *Ichthyological Research* 47 (1): 27-37
- Ng KKC., Kim TY, Ahmad A, Md. Khaironizam Z. 2019. Provisional checklist of freshwater fish diversity and distribution in Perak, Malaysia, and some latest taxonomic concerns. *Zootaxa* 4567 (3): 515-545
- Perera WPN, Perera SJ, Walpita CN, Kodithuwakku S, Perera LV, Gunawardane A. 2020. Snakeheads of Sri Lanka: A taxonomic and biogeographic review. *The Journal of Agricultural Sciences - Sri Lanka* 15 (3): 411-425
- Pratama WW, Nursyam H, Hariati AM, Islamy RA, Hasan V. 2020. Proximate analysis, amino acid profile and albumin concentration of various weights of Giant Snakehead (*Channa micropeltes*) from Kapuas Hulu, West Kalimantan, Indonesia. *Biodiversitas*. 21 (3); 1196-2000
- Praveenraj J, Knight JDM, Kiruba-Sankar R, Halalludin B, Raymond JJA, Thakur VR. 2018. *Channa royi* (Teleostei: Channidae): a new species of snakehead from Andaman Islands, India. *Indian Journal of Fisheries* 64 (4): 1-14
- Rüber L, Tan HH, Britz R. 2019. Snakehead (Teleostei: Channidae) diversity and the eastern Himalaya biodiversity hotspot. *Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research = Zeitschrift für zoologische Systematik und Evolutionsforschung* 58 (1): 356-386
- Serrao NR, Steinke D, Hanner RH. 2014. Calibrating snakehead diversity with DNA barcodes: expanding taxonomic coverage to enable identification of potential and established invasive species. *PLoS ONE* 9 (6), E99546
- Shangningam B, Kosygin L. 2022. A new record of *Schistura reticulata* from Myanmar with a note on fish diversity of Yu River. *Records of the Zoological Survey of India* 122 (1): 57-63
- Syaifudin M, Wijayanti M, Dwinanti SH, Muslim M, Mahendra M, Marliana. 2020. hort Communication: DNA barcodes and phylogenetic of striped snakehead and ocellated snakehead fish from South Sumatra, Indonesia. *Biodiversitas* 21 (3), 1227-1235
- Tamura K, Nei M. 1993. Estimation of the number of nucleotide substitutions in the control region of mitochondrial DNA in humans and chimpanzees. *Molecular Biology and Evolution* 10:512-526
- Tan HH, Ng, PKL. 2005. The labyrinth fishes (Teleostei: Anabantoidae, Channoidei) of Sumatra, Indonesia. *Raffles Bulletin of Zoology Suppl* 13: 115-138
- Valen FS, Sambah AB, Wicaksono KP, Widodo MS, Soemarno, Hasan V. 2021. Genetic diversity of yellow finned Barb *Mystacoleucus marginatus* (Valenciennes, 1842) (Teleostei, Cyprinidae) in Brantas Basin upstream, Indonesia. *Eco. Env. & Cons* 26 (2); 695-699
- Valen FS, Widodo MS, Islamy RA, Wicaksono KP, Soemarno, Insani L, Hasan V. 2022. Molecular phylogenetic of silver barb *barbonymus gonionotus* (bleeker, 1849) (cypriniformes: cyprinidae) in Java, Indonesia. *IOP Conf. Series: Earth and Environmental Science* 1036: 012011
- Valen FS, Widodo MS, Kilawati Y. 2019a. Molecular Identification and Genetic Characteristics of Genus *Mystacoleucus* Based on Gene Cytochrome Oxidase C Subunit I (COI) in Sengguruh Dam. *The Journal of Experimental Life Science* 9 (1): 40-46
- Valen FS, Widodo MS, Kilawati Y, Islamy RA. 2019b. Phylogenetic Relationships of *Mystacoleucus marginatus* (Valenciennes 1842) based on Cytochrome Oxidase C Subunit I (COI) Gene. *Research Journal of Life Science* 6 (1): 19-28
- Wibowo A. 2014. Identifying Sumatran peat swamp fish larvae through DNA barcoding, evidence of complete life history pattern. *Unpublished*.
- Wilkinson CL, Tan HH. 2018. Fishes of the Brantian drainage, Sabah, Malaysia, with description of a new *Rasbora* species (Teleostei: Cyprinidae). *Raffles Bulletin of Zoology* 66: 595-609