©Journal of Aquatropica Asia
p-issn: 2407-3601
Volume 10, Nomor 1, Tahun 2025
Jurusan Akuakultur, Universitas Bangka Belitung

ANALISIS KEKERABATAN GENETIK IKAN GABUS (*Channa striata*) DI SUNGAI TARUS, KABUPATEN KUPANG BERDASARKAN GEN COI

*GENETIC RELATIONSHIP ANALYSIS OF SNAKEHEAD FISH (*Channa Striata*) IN THE TARUS RIVER, KUPANG REGENCY BASED ON THE COI GENE*

Nyai Salamah Sawaludin[1,♣], Yulianus Linggi[2], Suleman[3]
[1]Mahasiswa Program Studi Budidaya Perairan, Fakultas Peternakan Kelautan dan Perikanan, Universitas Nusa Cendana, Kupang, Indonesia
[2]Program Studi Budidaya Perairan, Fakultas Peternakan Kelautan dan Perikanan, Universitas Nusa Cendana, Kupang, Indonesia
[3]Program Studi Budidaya Perairan, Fakultas Peternakan Kelautan dan Perikanan, Universitas Nusa Cendana, Kupang, Indonesia

email korespondensi : ♣*nyaisalamah460@gmail.com*

Abstrak

Penelitian ini menganalisis genetik ikan gabus (*Channa striata*) dari Kabupaten Kupang dan beberapa wilayah di Indonesia berdasarkan gen *Cytochrome C Oxidase Subunit I* (COI). Identifikasi molekuler dilakukan menggunakan metode DNA *barcoding* untuk memahami hubungan filogenetik antar populasi. Sampel ikan gabus dikumpulkan dari Sungai Tarus, Kabupaten Kupang dan diekstraksi menggunakan metode *chelex 10%*. Amplifikasi DNA dilakukan melalui *Polymerase Chain Reaction* (PCR) dengan primer *Fish F1* dan *Fish R1.* Hasil elektroforesis menunjukan keberhasilan amplifikasi dengan panjang fragmen sekitar 650 bp. Urutan DNA yang diperoleh dibandingkan dengan database GenBank menggunakan metode *BLAST* menunjukan bahwa spesimen yang dianalisis memiliki kemiripan 100% dengan *Channa striata*. Analisis filogenetik dengan metode *Neigbor-Joining* mengungkapkan bahwa populasi ikan gabus di Kabuparen Kupang memiliki hubungan kekerabatan yang erat dengan populasi dari Kalimantan Tengah, Papua dan Sulawesi Selatan, tetapi lebih jauh dengan populasi dari Lampung. Studi ini memberikan wawasan mengenai pola kekerabatan genetik ikan gabus di berbagai wilayah Indonesia. Informasi ini dapat dimanfaatkan untuk mendukung upaya konservasi, pengelolaan sumberdaya perikanan, serta seleksi induk unggul dalam budidaya ikan gabus secara berkelanjutan.

Kata kunci : Channa striata, DNA barcoding, PCR, Gen COI, Filogenetik, Kekerabatan

Abstract

This study analyzed the genetic variation of snakehead fish (Channa striata) from Kupang Regency and several other regions in Indonesia based on the Cytochrome c oxidase subunit I (COI) gene. Molecular identification was carried out using the DNA barcoding method to understand the genetic relationships among populations. Snakehead fish samples were collected from the Tarus River, Kupang Regency, and extracted using the Chelex 10% method. DNA amplification was performed through the Polymerase Chain Reaction (PCR) technique using the FISH F1 and FISH R1 primers. The electrophoresis results confirmed successful amplification, indicated by a DNA band of approximately 650 bp. The resulting DNA sequences were compared with the GenBank database using the BLAST method, showing a 100% similarity with Channa striata. Phylogenetic analysis using the Neighbor-Joining method revealed that the snakehead fish population from Kupang Regency has a close genetic relationship with populations from Central Kalimantan, Papua, and South Sulawesi, but is more distantly related to the population from Lampung. This study provides insights into the genetic structure of Channa striata populations across Indonesia, which can be utilized to support conservation efforts, fisheries resource management, and the selection of superior broodstock for sustainable aquaculture.

Keywords: Channa striata, DNA barcoding, PCR, COI gene, phylogenetics, genetic relationship

PENDAHULUAN

Channa adalah salah satu genus dari famili Channidae yang tersebar luas di berbagai wilayah Asia (Kottelat, 2013; Raymond *et al*., 2018). Jenis ikan ini dimanfaatkan tidak hanya sebagai sumber pangan dan ikan hias, tetapi juga memiliki nilai medis, seperti kandungan albumin dalam tubuhnya yang dapat digunakan untuk membantu meningkatkan kadar albumin pada manusia (Pratama *et al*., 2020).

Famili Channidae terdiri atas dua genus, yakni *Channa* dan *Parachanna*. Genus *Channa*, yang mencakup 34 spesies, berasal dari kawasan Asia, sedangkan genus *Parachanna*, dengan tiga spesies, berasal dari benua Afrika (Froese & Pauly, 2016). Indonesia sendiri memiliki tingkat keanekaragaman spesies ikan gabus yang cukup tinggi. Menurut Serrao *et al*. (2014), sejumlah spesies ikan gabus yang ditemukan di perairan tawar Indonesia meliputi *C. bankanensis*, *C. cyanospilos*, *C. gachua*, *C. marulioides*, *C. melanoptera*, *C. melasoma*, *C. micropeltes*, *C. lucius*, *C. striata*, serta *C. pleurophthalma*.

Di Indonesia, berbagai penelitian tentang ikan gabus telah banyak dilakukan. Beberapa diantaranya fokus pada pengenalan jenis ikan, populasi di alam liar, serta generasi pertama hasil budidaya, dengan menggunakan gen *Cytochrome Oxidase Subunit I* (COI) sebagai dasar analisis, seperti yang dilakukan di perairan Tasikmalaya (Irmawati *et al*., 2017). Penelitian lainnya juga mengeksplorasi variasi genetik dan sejarah evolusi ikan gabus di wilayah Wallacea, serta membandingkannya dengan populasi dari daerah lain (Irmawati *et al*., 2022). Salah satu cara untuk mengidentifikasi spesies ikan gabus adalah melalui pengamatan bentuk tubuh dan ciri fisik (morfologi), sebagaimana dijelaskan oleh Akbar (2018). Namun, metode ini memiliki kelemahan karena sangat bergantung pada penilaian subjektif, sehingga bisa menyebabkan kesulitan dalam menentukan jenis ikan yang tepat (Mahendra *et al*., 2018). Selain itu, kemiripan bentuk antar spesies sering menyebabkan kesalahan identifikasi (Ioja-Boldura *et al*., 2011).

Oleh karena itu, dibutuhkan cara identifikasi yang lebih tepat dan akurat, salah satunya adalah melalui analisis genetik menggunakan metode *DNA barcoding*.

MATERI DAN METODE

Sampel ikan gabus yang diambil dari sungai Tarus, Kabupaten Kupang, diambil pada 3 titik yaitu, titik pertama pada bagian hulu, titik kedua pada bagian tengah dan titik ketiga pada bagian hilir sungai yang dapat dilihat pada gambar 1. Masing-masing titik diambil 1 sampel ikan gabus. Ikan gabus ditangkap menggunakan alat tangkap tanggok yang ramah lingkungan. Jaringan sampel segera diawetkan menggunakan etanol 95% atau dibekukan pada suhu –20°C seruntuk mencegah degradasi DNA, kemudian untuk analisis molekuler lebih lanjut dikirim ke Laboratorium (Suleman *et al.,* 2024).

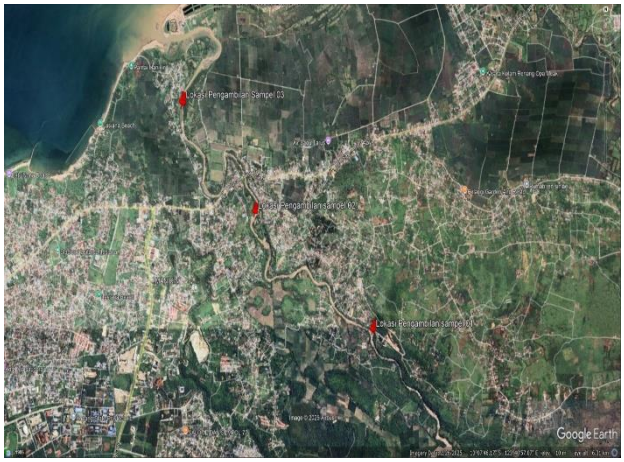
Proses ekstraksi DNA dilakukan menggunakan jaringan sirip pektoral dari ikan yang sebelumnya telah diawetkan dalam *etanol 96%*. Pengambilan jaringan dilakukan menggunakan pinset steril untuk menjaga kebersihan sampel. Sekitar 10 g jaringan diambil lalu diekstraksi guna memperoleh DNA. Proses ekstraksi ini menggunakan metode *Chelex 10%* (Walsh *et al*., 1991).

Amplifikasi gen mitokondria dengan lokus COI dilakukan sesuai dengan protokol yang ditetapkan oleh BIONESIA (Valen *et al.,* 2024). Menggunakan primer universal FISH F1 (5'-TCA ACC AAC CAC AAA GAC ATT GGC AC-3') dan FISH R1 (5'-TAG ACT TCT GGG TGG CCA AAG AAT CA-3') seperti yang dikembangkan oleh Ward *et al*. (2005). Reaksi PCR dilakukan dalam total volume 26 µL, yang terdiri dari: 2 µL DNA hasil ekstraksi sebagai templat, masing-masing 1,25 µL primer dengan konsentrasi 10 mM, 9 µL air bebas nuklease (ddH2O), dan 12,5 µL *master mix* siap pakai (*Ready mix*). Hasil PCR kemudian dijalankan menggunakan gel agarosa 1% yang telah dicampur dengan *SB buffer* serta pewarna DNA *GelRed*® (*Nucleic Acid Gel Stain*) untuk membantu visualisasi berdasarkan penelitian (Robin *et al.,* 2023). Proses pemisahan DNA dilakukan melalui elektroforesis dengan tegangan 140 *volt* dan arus sebesar 200 *ampere* selama kurang lebih 35 menit.

HASIL

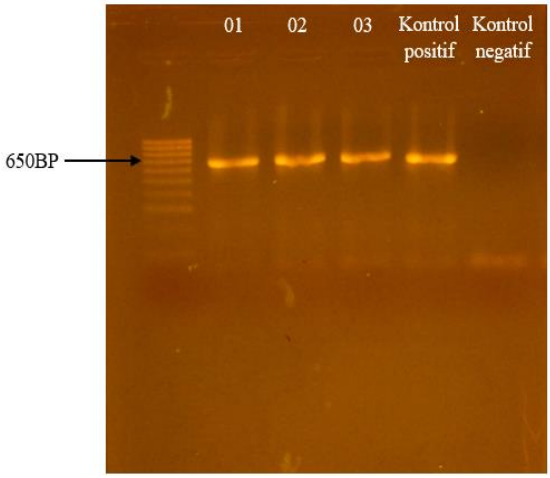
Hasil Ekstraksi dan Amplifikasi DNA

Berdasarkan hasil visualisasi elektroforesis yang ditampilkan pada gambar 2, pita DNA dari sampel ikan gabus 01, 02, dan 03, serta kontrol positif, tampak jelas dan terang, dengan ukuran fragmen sekitar 650 bp jika dibandingkan dengan penanda DNA (DNA *marker*) pada gel agarosa. Sementara itu, kontrol negatif tidak menunjukkan adanya pita, yang menandakan tidak adanya amplifikasi. Keberadaan kontrol positif dalam reaksi PCR bertujuan untuk memastikan bahwa semua reagen berfungsi secara optimal, sedangkan kontrol negatif digunakan untuk mendeteksi kemungkinan adanya kontaminasi dalam reaksi PCR.



Gambar 1. Titik koordinat pengambilan sampel

Proses ekstraksi DNA dilakukan menggunakan larutan *Chelex* 10%, kemudian dilanjutkan dengan teknik PCR untuk amplifikasi, menggunakan gen COI sebagai penanda molekuler. Primer yang digunakan dalam amplifikasi DNA ikan gabus adalah *FISH F1* dan *FISH R1*. Amplifikasi gen COI menghasilkan fragmen DNA yang terlihat jelas pada gel agarosa sebagaimana ditampilkan pada Gambar 2.



Gambar 2. Hasil visualisasi elektroforesis (01 adalah sampel ikan gabus hulu, 02 adalah sampel ikan gabus tengah, 03 adalah sampel ikan gabus hilir, 650bp adalah pasang DNA yang memiliki panjang basa 650 bp adalah DNA marker atau penanda).

Hasil *Sequencing* DNA

Tahapan sekuensing dilakukan menggunakan metode Sanger dengan menggunakan primer yang sama seperti pada proses PCR, yaitu FISH F1 dan FISH R1. Proses ini bertujuan untuk membaca urutan basa nukleotida dari masing-masing sampel. Hasil Urutan DNA yang diperoleh kemudian dimasukkan ke dalam perangkat lunak MEGA XI untuk dilakukan proses penyelarasan (*alignment*). Selanjutnya, data yang telah diselaraskan dianalisis menggunakan BLAST untuk membandingkan urutan tersebut dengan database GenBank, sehingga dapat diketahui tingkat kemiripan dan identitas spesies berdasarkan kesesuaian urutan nukleotidanya.

Berdasarkan hasil pencocokan menggunakan *BLAST* (Tabel 1), ketiga sampel dengan ID BIOSUB 285.001, BIOSUB 285.002, dan BIOSUB 285.003 menunjukkan nilai *query cover* sebesar 99% dan persentase kemiripan (*percent identity*) mencapai 100%. Hal ini menunjukkan bahwa ikan gabus yang dikoleksi dari wilayah Kabupaten Kupang merupakan spesies yang sama dengan *Channa striata* yang telah terdaftar dalam basis data *NCBI*. Untuk analisis filogenetik, digunakan data sekuens pembanding dari GenBank yang mencakup 9 urutan *Channa striata* yang berasal dari berbagai wilayah di Indonesia, seperti Kalimantan Tengah, Bali, Jawa Tengah, Jawa Barat (Hubert *et al*., 2016), Papua, Yogyakarta, Sulawesi Selatan (Sari *et al*., 2023), serta Kalimantan Barat dan Lampung (Serao *et al*., 2014). Selain itu, digunakan pula sekuens *Channa aurantimaculata* sebagai outgroup, yang berasal dari dua negara yaitu India dan Amerika Serikat (*North Carolina*).

Analisis Kekerabatan

Struktur kekerabatan antar populasi *Channa striata* direpresentasikan melalui pohon filogenetik yang ditampilkan pada Gambar 3. Analisis menunjukkan bahwa sampel yang berasal dari Sungai Tarus, Kabupaten Kupang, memiliki hubungan kekerabatan yang dekat dengan populasi *Channa striata* dari sejumlah wilayah lain, termasuk Kalimantan Tengah, Kalimantan Barat, Jawa Tengah, Jawa Barat, Papua, Sulawesi Selatan, Bali, Yogyakarta, serta

sampel lokal Kupang 01, 02, dan 03. Sebaliknya, populasi yang berasal dari Lampung menunjukkan hubungan yang lebih jauh, sebagaimana terlihat dari posisi percabangannya yang terpisah dalam pohon filogenetik.

Berdasarkan pengujian nilai bootstrap dengan 1.000 ulangan, diketahui bahwa cabang yang mencakup populasi dari Kalimantan Tengah, Kalimantan Barat, Jawa Tengah, Jawa Barat, Papua, Sulawesi Selatan, dan sampel dari Kupang 01, 02, dan 03, memperoleh nilai bootstrap sebesar 50, dan dikelompokkan dalam *in-group* yang sama. Sementara itu, kelompok dari Bali dan Yogyakarta membentuk cabang tersendiri dengan dukungan bootstrap sebesar 56. Adapun populasi dari Lampung memiliki nilai bootstrap yang tinggi yaitu 93, namun terletak pada cabang yang berbeda, yang menandakan jarak kekerabatan genetik yang lebih jauh dari kelompok lainnya.

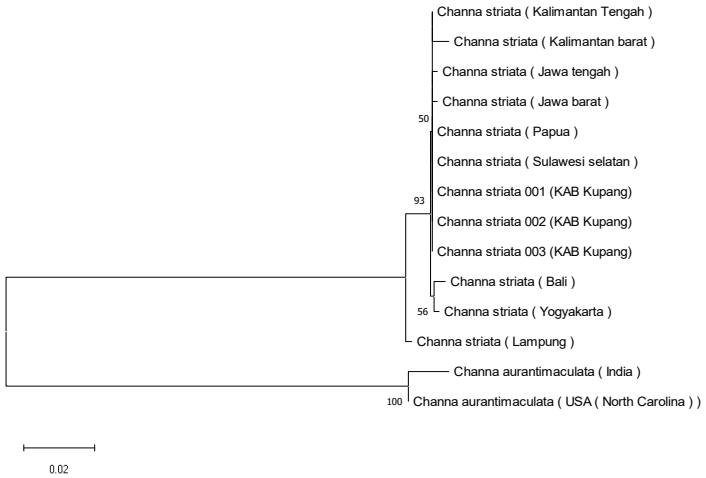
Jarak Genetik

Analisis jarak genetik antar populasi *Channa striata* menunjukkan bahwa nilai perbedaan genetik antar individu berkisar antara 0,000 hingga 0,23, mencerminkan adanya variasi genetik dalam satu spesies di berbagai lokasi geografis. Tiga sampel dari Kupang (sampel 01, 02, dan 03) memiliki jarak genetik 0,000 di antara mereka, yang mengindikasikan tidak adanya perbedaan genetik dan menunjukkan bahwa ketiganya berasal dari populasi yang sama atau sangat homogen secara genetik.

Selain itu, ketiga sampel dari Kupang juga memiliki nilai jarak genetik yang sangat rendah (≤ 0,05) terhadap populasi dari Kalimantan Tengah, Papua, dan Sulawesi Selatan, yang berarti mereka termasuk dalam kelompok kekerabatan yang sangat dekat. Nilai ini mencerminkan adanya aliran gen antara populasi Kupang dan ketiga wilayah tersebut.

Sementara itu, jarak genetik antara sampel Kupang dengan populasi dari Jawa Tengah, Jawa Barat, Yogyakarta, Bali, dan Kalimantan Barat berada pada kategori jarak sedang (0,05–0,15), yang menunjukkan masih adanya hubungan kekerabatan, meskipun tidak seerat dengan kelompok sebelumnya.

Populasi *Channa striata* dari Lampung menunjukkan nilai jarak genetik tertinggi dibandingkan sampel lain, dengan nilai mendekati 0,23. Hal ini menunjukkan bahwa populasi dari Lampung memiliki perbedaan genetik yang cukup besar dan mungkin telah mengalami isolasi geografis atau proses diferensiasi genetik yang lebih lama dari kelompok lainnya. Posisi Lampung yang terpisah juga tercermin dalam hasil analisis filogenetik, di mana cabangnya berdiri sendiri dan tidak tergabung dalam in-group utama**.**



Gambar 3. Rekonstruksi pohon filogenetik *Channa striata* dengan data pembanding dari GenBank

Tabel 1. Hasil BLAST ikan gabus dari NCBI

Id Sampel	*Scientific Name*	*Query Cover*	*Percen Identiti*	*Acc Number*
BIOSUB 285.001	*Channa striata*	99%	100.00%	MF496960.1
BIOSUB 285.002	*Channa striata*	99%	100.00%	MF496960.1
BIOSUB 285.003	*Channa striata*	99%	100.00%	MF496960.1

Tabel 2. Data pembanding ikan gabus dari NCBI

No	Nama Spesies	Kode Spesimen	Lokasi	*Accesion number*	*Percent identity*	*Query cover*
1	*Channa striata*	LR05555	Kalimantan Tengah	MF496960.1	99.54%	100%
2	*Channa striata*	BIF2768	Bali	KU692423.1	99.54%	100%
3	*Channa striata*	PAPUA12	Papua	OQ405388.1	99.54%	99%
4	*Channa striata*	BIF1307	Jawa tengah	KU692421.1	99.39%	100%
5	*Channa striata*	CHAN003	Kalimantan barat	KJ937425.1	99.07%	99%
6	*Channa striata*	SULAWESI11	Sulawesi selatan	OQ405385.1	99.54%	99%
7	*Channa striata*	JAVA21	Yogyakarta	OQ405367.1	99.54%	99%
8	*Channa striata*	NRS011	Lampung	KJ937421.1	98.62%	100%
9	*Channa striata*	BIF0671	Jawa barat	KU692418.1	99.39%	100%
10	*Channa aurantimaculata*	CARE CA2	India	EU342194.1	100.00%	100%
11	*Channa aurantimaculata*	NRS028	USA (Nort carolina)	KJ937387.1	99.82%	100%

Tabel 3. Hasil jarak genetik intraspesies dari beberapa spesies ikan gabus

Spesies	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
Channa striata 001 Hulu													
Channa striata 002 Tengah	0,00000												
Channa striata 003 Hilir	0,00000	0,00000											
Channa striata (Kalimantan Tengah)	0,00000	0,00000	0,00000										
Channa striata (Bali)	0,00463	0,00463	0,00463	0,00464									
Channa striata (Papua)	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00466								
Channa striata (Jawa tengah)	0,00154	0,00154	0,00154	0,00154	0,00619	0,00155							
Channa striata (Kalimantan barat)	0,00466	0,00466	0,00466	0,00466	0,00937	0,00469	0,00623						
Channa striata (Lampung)	0,00927	0,00927	0,00927	0,00928	0,01398	0,00934	0,01084	0,01407					
Channa striata (Jawa barat)	0,00154	0,00154	0,00154	0,00154	0,00619	0,00155	0,00309	0,00623	0,01084				
Channa striata (Sulawesi selatan)	0,00000	0,00000	0,00000	0,00000	0,00466	0,00000	0,00155	0,00469	0,00934	0,00155			
Channa striata (Yogyakarta)	0,00309	0,00309	0,00309	0,00309	0,00466	0,00358	0,00466	0,00785	0,00936	0,00466	0,00358		
Channa aurantimaculata (India)	0,24599	0,24599	0,24599	0,24599	0,25141	0,24599	0,24835	0,25141	0,24135	0,24835	0,24599	0,24905	
Channa aurantimaculata (USA)	0,22495	0,22495	0,22495	0,22541	0,22945	0,22473	0,22693	0,23125	0,21856	0,22693	0,22473	0,22726	0,00179

PEMBAHASAN

Ektraksi dan amplifikasi PCR

Proses ekstraksi DNA dari sampel dilakukan menggunakan larutan *Chelex 10%.* Sekitar sepuluh gram jaringan digunakan dalam proses isolasi DNA, yang dilakukan menggunakan metode ekstraksi *Chelex 10%* sebagaimana dijelaskan oleh Walsh *et al*., (1991). Kemudian dilanjutkan dengan teknik PCR pada gen COI sebagai penanda molekuler. Dalam tahap amplifikasi DNA ikan gabus, digunakan primer maju bernama *FISH F1*. Primer ini bersifat universal dan sering diaplikasikan pada kelompok ikan karena mampu mendeteksi perbedaan antar spesies yang secara filogenetik berkerabat dekat. Selain itu, primer ini dikenal memiliki akurasi tinggi serta kecepatan evolusi DNA yang baik (Rahayu *et al*., 2019).

Kualitas DNA hasil amplifikasi PCR dapat dievaluasi melalui pola pita yang muncul pada proses elektroforesis, dengan mengamati ketajaman dan intensitas pita tersebut (Farmawati *et al*., 2015). Variasi ketebalan pita yang terlihat pada setiap sampel menunjukkan perbedaan jumlah gen yang berhasil diamplifikasi (Peloa *et al*., 2015). Ukuran *base pair* pada sampel ikan gabus berkisar pada 650 (bp).

Sequencing

Sekuensing gen COI pada populasi *Channa striata* dari Sungai Tarus, Kabupaten Kupang menunjukkan tingkat kemiripan sebesar 100% dengan data sekuens yang terdapat di GenBank (MF496960.1), yang berasal dari Kalimantan Tengah. Hal ini mengindikasikan bahwa individu yang dianalisis merupakan spesies yang sama dengan *Channa striata* dari wilayah tersebut (Hofstetter *et al*., 2019). Sekuens dengan kemiripan sebesar 90% menunjukkan potensi hubungan antarspesies, sementara sekuens dengan kemiripan 96-99% atau 100% menunjukkan hubungan yang sangat erat antara individu tersebut.

Menurut Bagus *et al*. (2019), *BLAST* merupakan alat yang tidak hanya digunakan untuk identifikasi spesies, tetapi juga untuk mengetahui tingkat kemiripan sekuens antar individu atau populasi. Tingkat kemiripan sebesar ≥99% seperti yang ditemukan dalam penelitian ini, mengindikasikan adanya hubungan genetik yang erat antar populasi, sebagaimana juga dijelaskan oleh Aisyah *et al*. (2020) bahwa semakin tinggi persentase identitas sekuens, maka semakin dekat hubungan kekerabatan genetiknya.

Adapun hasil *BLAST* dari sampel Kupang menunjukkan *query cover* 99% dan *percent identity* 100% terhadap spesimen dari Kalimantan Tengah, serta nilai identitas sebesar 99,54% terhadap spesimen dari Papua dan Sulawesi Selatan, dan 98,62% terhadap populasi dari Lampung. Nilai-nilai ini merefleksikan tingkat kekerabatan genetik antar populasi, di

mana semakin rendah kemiripan sekuens, maka semakin jauh jarak kekerabatannya.

Data pembanding dari GenBank pada bagian nukleotida dimanfaatkan untuk menganalisis hubungan kekerabatan antar spesies. Enam sekuens DNA *Channa striata* yang berasal dari berbagai daerah di Indonesia—yakni Kalimantan Tengah, Bali, Sumatera Selatan, Papua, Jawa Tengah, dan Kalimantan Barat—digolongkan ke dalam kelompok in-group. Sebagai pembanding luar (*out-group*), digunakan sekuens *Channa aurantimaculata* yang berasal dari dua negara, yaitu India dan Amerika Serikat (*North Carolina*). Ikan gabus sendiri dikenal memiliki persebaran geografis yang luas, mencakup kawasan asalnya seperti Asia Selatan, bagian selatan Tiongkok, serta wilayah Asia Tenggara (Welcomme, 1981).

Analisis Kekerabatan

Tujuan dari analisis filogenetik adalah untuk memahami hubungan kekerabatan antar populasi atau spesies melalui visualisasi dalam bentuk pohon filogenetik yang tersusun dari percabangan-percabangan (Irawan, 2013). Pohon tersebut merupakan representasi dari dugaan pola evolusi yang terjadi antara berbagai kelompok organisme. Setelah urutan DNA dari sampel disejajarkan, proses rekonstruksi pohon filogenetik dilakukan guna menggambarkan tingkat perbedaan genetik antar spesies, dengan panjang cabang yang mencerminkan jarak evolusioner (Achmad *et al*., 2019). Hasil dari rekonstruksi tersebut memperlihatkan bahwa pola percabangan pohon sesuai dengan hasil analisis *BLAST*, di mana semakin tinggi tingkat kesamaan urutan nukleotida, maka semakin dekat pula posisi spesies dalam struktur pohon tersebut (Aisyah *et al*., 2020).

Analisis kekerabatan menggunakan metode *Neighbor-Joining*, populasi *Channa striata* dari Kupang tergolong dalam satu klaster (*in-group*) bersama populasi dari Kalimantan Tengah, Papua, Sulawesi Selatan, Kalimantan Barat, Jawa Tengah, dan Jawa Barat, yang diperkuat oleh nilai bootstrap ≥50. Sementara itu, populasi dari Lampung menunjukkan hubungan kekerabatan genetik yang lebih jauh, terlihat dari posisi percabangan filogenetik yang terpisah dan nilai identitas yang lebih rendah (98,62%).

Panjang cabang dalam pohon filogenetik merefleksikan jumlah perubahan genetik yang terjadi selama periode waktu tertentu, sehingga dapat digunakan untuk mengukur jarak evolusioner antar titik. Wulandari *et al*. (2019) menyatakan bahwa analisis filogenetik memiliki peran penting dalam kajian evolusi karena memberikan pemahaman tentang pola kekerabatan serta hubungan evolusioner antar organisme. Pohon filogenetik juga digunakan sebagai dasar untuk membangun hipotesis mengenai relasi evolusi antar kelompok makhluk hidup. Setelah urutan DNA dari sampel disejajarkan, pohon filogenetik dibangun dengan cabang-cabang yang menggambarkan tingkat perbedaan evolusioner (Achmad *et al*., 2019).

Jarak Genetik

Istilah "jarak genetik" merujuk pada ukuran perbedaan genetik antar individu dalam suatu populasi, yang dihitung berdasarkan frekuensi alel. Ketika nilai jarak genetik antar individu rendah, hal ini mencerminkan tingkat homogenitas yang tinggi dalam populasi tersebut. Menurut Jatmiko *et al*. (2018), jarak genetik mencerminkan variasi genom, baik di antara populasi yang berbeda (*interpopulasi*), dalam satu populasi (*intrapopulasi*), maupun antar spesies. Umumnya, populasi ikan gabus yang memiliki konektivitas geografis akan menunjukkan nilai jarak genetik yang lebih besar dibandingkan dengan populasi yang terpisah secara geografis. Faktor-faktor seperti kondisi lingkungan, faktor ekologis, ukuran populasi, metode reproduksi, serta tekanan seleksi alam turut berperan dalam membentuk struktur genetik suatu populasi (Sulistyawati & Widyaatmiko, 2017).

Wright (1978) mengklasifikasikan jarak genetik ke dalam beberapa tingkatan, yaitu: nilai antara 0-0,05 termasuk dalam kategori rendah, 0,0-0,15 dianggap sedang, 0,15-0,25 tergolong tinggi, dan nilai di atas 0,25 menunjukkan jarak genetik yang sangat tinggi. Secara umum, hasil penelitian ini mengindikasikan bahwa rendahnya jarak genetik pada ikan gabus menandakan bahwa individu-individu tersebut berasal dari satu populasi yang sama. Achmad *et al.* (2019) juga mengemukakan bahwa individu ikan yang memiliki kekerabatan dekat akan menunjukkan nilai jarak genetik yang sangat kecil. Temuan ini diperkuat oleh pernyataan Twindiko *et al*. (2013), yang menyebutkan bahwa populasi yang memiliki kemiripan morfologi dan struktur genetik cenderung menunjukkan tingkat kesamaan yang tinggi pula.

KESIMPULAN

Penelitian ini berhasil menganalisis kekerabatan genetik ikan gabus (*Channa striata*) dari Sungai Tarus, Kabupaten Kupang menggunakan penanda molekuler gen COI. Proses ekstraksi DNA menggunakan metode Chelex 10% dan amplifikasi melalui PCR menghasilkan pita DNA berukuran sekitar 650 bp, yang kemudian disekuensing dan

dibandingkan dengan database GenBank melalui *BLAST*. Hasil *BLAST* menunjukkan bahwa sekuens dari Kupang memiliki kemiripan 100% (*percent identity*) dan *query cover* 99% terhadap spesimen dari Kalimantan Tengah, serta kemiripan ≥99,54% dengan populasi dari Papua dan Sulawesi Selatan, menandakan tingkat kekerabatan genetik yang sangat erat.

Berdasarkan analisis filogenetik menggunakan metode *Neighbor-Joining*, populasi *Channa striata* dari Kupang tergolong dalam satu klaster (*in-group*) bersama populasi dari Kalimantan Tengah, Papua, Sulawesi Selatan, Kalimantan Barat, Jawa Tengah, dan Jawa Barat, yang diperkuat oleh nilai bootstrap ≥50. Sementara itu, populasi dari Lampung menunjukkan hubungan kekerabatan genetik yang lebih jauh, terlihat dari posisi percabangan filogenetik yang terpisah dan nilai identitas yang lebih rendah (98,62%).

UCAPAN TERIMA KASIH

Terima kasih disampaikan kepada Laboratorium Biodiversitas Indonesia (BIONESIA) Denpasar atas fasilitas dan bantuan teknis dalam proses analisis molekuler dan rekan-rekan yang mendukung selama proses penelitian.

DAFTAR PUSTAKA

Achmad, M. J., Djamhur, M., Fabanyo, M. A., dan Akbar, N. 2019. Aplikasi DNA barcoding ikan julungjulung (Hemirhampus sp.) di Perairan Laut Maluku Utara. *Jurnal Iktiologi Indonesia*, *19*(3), 463-473.

Aisyah, S., Hidawati, R., Supratman, O., & Syarif, A. F. 2020. DNA Barcoding Dan Status Konservasi Ikan Hiu (Hemiscylliidae Dan Charcharhinidae) Yang Didaratkan Di Ppn Sungailiat Bangka. *JFMR (Journal of Fisheries and Marine Research)*, 4(3), 316-323.

Akbar N, Aris M. 2018. Genetic population structure of yellowfin tuna (Thunnus albacares) as based data of fish conservation in North Mallucas sea. *Omni Akuatika*, 14(3): 75-85

Ath-thar, M.H.F., Gustiano, R., Kusmini, I.I., Prakoso, V.A., Putri, F.P., 2017. Induksi Hormonal Maturasi Gonad Ikan Gabus (Channa striata). J. *Ris. Akuakultur* 12, 9–20.

Bagus, W. I., I. G. P. Wirawan., dan I. W. Adiartayasa. 2019. Analisis Homologi Fragmen DNA CVPD darik Jeruk Kinkit *Trophasia trifolia* Menggunakan BLAST Protein Dan BLAST Nukleotida. *Jurnal Agroekoteknologi Tropika*, 8 (4), 381-387.

Froese R, Pauly D. 2016. FishBase. World Wide Web Electronic Publication. www.fishbase. org version (10/2016).

Hofstetter, Vale ´ rie, B. Buyck, G. Eyssartier, S. Schnee, K. Gindro. (2019). The unbearable lightness of sequenced-based identification*. Fungal Diversity*. 96:243–284.

Irawan, B. (2013). *Karsinologi Dengan Penjelasan Deskriptif dan Fungsional.* Airlangga University Press. 520 hlm.

Irmawati,Tresnati J, Nadiarti, Fachruddin L, Arma N.R, Haerul A. 2017. Identifikasiikan Gabus, *Channa spp*. (Scopoli 1777) Stok Liar dan Generasi I Hasil Domestikasi Berdasarkan Gen Cytochrome Oxidase Submit I (COI). *Jurnal Iktiologi Indonesia*17(2): 165-173.

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.

Mahendra Y Rahayu S E Ibrohim. 2018. Keanekaragaman Ikan Air Tawar di Sepanjang Aliran Sungai Bureng Kecamatan Gendanglegi, Kabupen Malang. *Jurnal Biologi, Zoologi, Iktiologi, Malang*

Peloa A., S. Wullur, dan C. A. Sinjal. 2015. Amplifikasi *gen cytochrome oxidase subunit I (COI*) dari sampel sirip ikan hiu dengan menggunakan beberapa pasangan primer. *Jurnal Pesisir dan Laut Tropis*. 1(1): 37- 42.

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.

Rahayu, D. A., E. D. Nugroho dan D. Listyorini. 2019. DNA *barcoding* ikan introduksi khas Telaga Sari, Kabupaten Pasuruan. *Biotropika*: *Journal of Tropical Biology*. 7 (2): 51-62.

Robin, R., Valen, F. S., Ramadhanu, D., Nomleni, A., Turnip, G., & Insani, L. 2023. A new distributional record of flying barb, Esomus metallicus (Actinopterygii: Cyprinidae), from Kapalo Banda River, West Sumatra, Indonesia. *International Journal of Aquatic Biology*, 11(1), 59-68.

Serrao NR. Steinke D, Hanner RH. 2014. Calibrating Snakehead Diversity with DNA Bar- codes: Expanding Taxonomic Coverage to Enable Identification of Potential and Esta- blished Invasive Species. *Plos One*, 9(6): 1- 13.

Suleman, Kautsari, N., Hermansyah. 2024. Revealing Cryptic Diversity: DNA Barcoding of Sea Cucumbers from Nusa Tenggara Barat and Nusa Tenggara Timur, Indonesia. *Egyptian Journal of Aquatic Biology & Fisheries*, 1849 – 1861.

Valen, F. S., Hafidz, A. M., Islamy, R. A., Faqih, A. R., Widodo, M. S., & Hasan, V. 2024. Molecular identification of Nemacheilus sp. from Bangka Island, Indonesia Based on the Cytochrome C oxidase Subunit I (COI) Gene. *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science*. Vol. 1392, No. 1, p. 012031. IOP Publishing.

Ward, R.D., Zemlak, T.S., Innes, B., and Last, P. 2005. DNA Barcoding Australia's Fish Species. *Philosophical Transactions of The Royal Society* 360: 1847-1857.