

Keragaman populasi ikan gabus, *Channa striata* (Bloch, 1793) dari Bekasi, Jawa Barat dan Barito Kuala, Kalimantan Selatan menggunakan gen *Cytochrome B*

[Population diversity of striped snakehead, *Channa striata* (Bloch, 1793) from Bekasi, West Java and Barito Kuala, South Kalimantan using *Cytochrome B* gene]

Gita Kusuma Rahayu¹, Dedy Duryadi Solihin^{2*}, Nurlisa A. Butet³

¹Program Magister, Sekolah Pascasarjana IPB
Kampus IPB Dramaga, Jalan Agatis 16680

²Departemen Biologi, FMIPA IPB

³Departemen Manajemen Sumberdaya Perairan, FPIK IPB

*Korespondensi: rahayu.gitakusuma@gmail.com, dduryadi@yahoo.com, n.butet@gmail.com

Diterima: 17 Agustus 2020; Disetujui: 12 Januari 2021

Abstrak

Channa striata atau ikan gabus haruan adalah salah spesies dari famili Channidae yang tersebar luas mulai dari India, Cina bagian selatan hingga Asia Tenggara termasuk Indonesia. Hewan ini dikenal sebagai jenis ikan air tawar yang bernilai ekonomis karena rasa dan manfaat kesehatannya. Permintaan yang tinggi akan spesies ini mendorong upaya peningkatan produksinya salah satunya dari segi pengawasan genetiknya. Penelitian ini menggunakan sekuen utuh gen *Cytochrome b* (*cyt b*) pada DNA mitokondria untuk menentukan variasi genetik populasi liar *C. striata*. Sampel *C. striata* (n=31) Indonesia asal dua lokasi berbeda berhasil diamplifikasi dan dianalisis menggunakan MEGA ver 7.0. Sekuen utuh gen *cyt b* sepanjang 1140 bp yang didapat menunjukkan adanya 2 haplotipe dengan 1137 bp situs konservatif dan 3 bp situs bervariasi (0,26%). Haplotipe yang tumpang tindih ditemukan pada sampel asal Bekasi, dan hanya ada satu haplotipe pada sampel asal Kalimantan Selatan. Analisis genetik interspesies dengan spesies dari *Genebank* menunjukkan sampel *C. striata* memiliki kedekatan genetik dengan *C. striata* (MN057164.1) asal Kalimantan-Indonesia dengan jarak genetik 0%. Penelitian ini juga menunjukkan bahwa *C. striata* dengan *C. striata* asal Cina dengan rata-rata jarak genetik 9,2%. Gen *cyt b* utuh mampu menjelaskan kekerabatan filogenetik dan memberikan informasi keragaman populasi *C. striata* asal Indonesia.

Kata penting: *Channa*, populasi, genetik, *cyt b*

Abstract

Channa striata or striped snakehead is one of species from family Channidae that widely distributed from India, Southern China to Southeast Asia including Indonesia. It is a commercially important freshwater fish because of its taste and health benefits. High demand of this species trigger many efforts to increase its production, one of them is genetic monitoring. This study used complete *Cytochrome b* gene sequence of mtDNA for determining genetic variation in wild population of *C. striata*. *C. striata* samples (n=31) from two different locations in Indonesia were amplified and analyzed using MEGA ver 7.0. Sequences of 1140 bp complete *cyt b* gene revealed the presence of 2 haplotypes with 1137 bp conserved sites and 3 bp variable sites (0,26%). Overlapping haplotype was observed in samples from Bekasi, however there were only one haplotype in samples from South Borneo. Interspecies genetic were analysed with species from *Genebank* and showed that *C. striata* from Indonesia has close genetic relationships with *C. striata* from Borneo-Indonesia (MN057164.1) with genetic distance 0%. This study also revealed that *C. striata* from Indonesia were phylogenetically distinct with *C. striata* from China with 9,2%K2P genetic distance. Complete *cyt b* gene has been proven for assessing phylogenetic relationships and population diversity of *C. striata* in Indonesia.

Keywords: *Channa striata*, complete *cyt b*, population diversity

Pendahuluan

Ikan gabus atau *Channa striata* (nama umum: *striped snakehead*; *chevron snakehead*) merupakan salah satu sumber protein dan bernilai ekonomi penting di beberapa negara terutama di Asia Tenggara, seperti Thailand dan Malaysia. Secara ekonomis di Indonesia, *C. striata* merupakan komoditas penting yang bernilai tinggi dengan kisaran harga Rp 30.000 hingga Rp 60.000/kg (Bijaksana 2010; Gustiano *et al.* 2019). Menurut Gustiano *et al.* (2019), harga ikan gabus di tingkat pembudidaya adalah Rp 50.000 hingga Rp 80.000/kg. Selain itu, ikan ini banyak digunakan sebagai bahan dasar ikan asin, kerupuk, dan pempek (Muslim 2007; Gustiano *et al.* 2019). *C. striata* juga bermanfaat dalam bidang medis sebagai antimikrob, anti-inflamasi, dan pereda nyeri (Michelle *et al.* 2004, Shafri & Manan 2012) karena tingginya kandungan albumin yang dimilikinya.

Nilai ekonomis *C. striata* yang tinggi menjadikannya spesies potensial untuk budidaya. Upaya domestikasi dan budidaya *C. striata* di Kalimantan sudah mulai sejak tahun 2007-2012 (Listyanto dan Andriyanto 2009; Kusmini *et al.* 2015). Menurut data statistik Kementerian Kelautan dan Perikanan (KKP), hasil tangkap nasional spesies ini pada tahun 2018 adalah 97.792,25 ton (<https://statistik.kkp.go.id/home.php>). Siaran PERS KKP Nomor: SP.16/ SJ.4/IX/2020 menyebutkan produksi ikan gabus di Mandiangin, Kalimantan Selatan di tahun 2015 mencapai 6.490 ton

meningkat menjadi 21.987 ton di tahun 2019. Tingginya angka hasil tangkap dan kenaikan produksi ikan gabus mengindikasikan terjadi eksploitasi spesies *C. striata* dan dikhawatirkan akan terjadi penurunan populasinya di alam. Berdasarkan hal tersebut, maka peluang besar terbuka lebar untuk peningkatan budidayanya. Informasi struktur genetik diharapkan menjadi salah satu aspek yang dapat membantu upaya budidaya jangka panjang spesies ini.

Ikan gabus merupakan jenis ikan air tawar dari famili Channidae yang distribusinya meliputi China, India, Sri Lanka, Thailand, Malaysia, Indonesia, dan Filipina (FAO 2010; Courtenay & Williams 2004). Courtenay & Williams (2004) menyebutkan bahwa *C. striata* memiliki distribusi wilayah asal atau *native range* yang sangat luas, yaitu mencakup Asia Selatan, China bagian selatan hingga ke Asia Tenggara. Pendapat lain menurut Schuster (1950) dan Welcomme (1981), keberadaan *C. striata* di Indonesia merupakan hasil introduksi yang diyakini berasal dari China.

Persebaran *C. striata* di Indonesia meliputi wilayah Sumatera, Kalimantan, dan Jawa. Pada masing-masing wilayah persebarannya, *C. striata* ditemukan pada habitat beragam seperti rawa, sungai banjiran, dan danau (Makmur 2004) yang masing-masing habitat tersebut memiliki karakter dan kondisi yang sangat berbeda. Hal tersebut menunjukkan bahwa *C. striata* adalah spesies dengan tingkat adaptasi yang sangat tinggi.

Kemampuan *C. striata* beradaptasi di sebaran geografik yang luas dan habitat yang beragam memungkinkan terjadinya perubahan di tingkat genetik sebagai penyesuaian secara intrinsik dari bagian strategi adaptatifnya. Teori populasi genetik menyebutkan bahwa adaptasi terhadap lingkungan yang baru melibatkan serangkaian perubahan genetik (Orr 2005). Fragmentasi habitat menunjukkan pengaruhnya terhadap seleksi alam dan adanya perubahan komposisi genetik adaptif (Fraser *et al.* 2014). Kecepatan evolusi yang tinggi dan pewarisan maternal membuat DNA mitokondria menjadi sistem genetik yang bermanfaat untuk mempelajari aliran gen, zona hibrid, struktur populasi dan berbagai pertanyaan yang berkaitan dengan perubahan di tingkat populasi (Avisé 1994; Habib *et al.* 2011). Gen cytochrome b (*cyt b*) adalah salah satu gen pengkode komponen protein membran integral dari kompleks *cytochrome bc1* yang mengkatalis transfer redoks elektron dari ubiquinone ke *cytochrome c* dalam rantai transfer elektron (Trumpower 1990). Efisiensi rantai transfer elektron berperan penting dalam metabolisme energi aerobik, sehingga beberapa penelitian menduga bahwa modifikasi fungsional dari *cyt b* terlibat dalam adaptasi fisiologi pada temperatur lingkungan yang berbeda (Gershoni *et al.* 2009). *Cyt b* banyak digunakan untuk meneliti hubungan spesies dari genus atau famili yang sama (Kocher *et al.* 1989; Solihin 1994; Ozawa *et al.* 1997). *Cyt b* memiliki ukuran sekitar 1140 bp (Schmitz *et*

al. 2002) atau dalam kisaran 1130 hingga 1149 bp (Tobe *et al.* 2009).

Berdasarkan dari banyak penelitian yang telah dilakukan sebelumnya, memberikan dugaan bahwa mutasi yang terjadi pada gen *cyt b* memiliki implikasi fungsional pada spesies yang memiliki kebutuhan metabolik unik seperti kebutuhan diet rendah energi, ukuran tubuh yang besar, adaptasi terhadap kebutuhan oksigen yang ekstrim, dan adaptasi di dataran tinggi (McClellan & McCracken 2001; Fink *et al.* 2004; McClellan *et al.* 2005; da Fonseca *et al.* 2008; Foote *et al.* 2011). Penggunaan marka gen *cyt b* telah digunakan pada beberapa ordo ikan seperti Perciformes (Brown & Stapien 2008), Clupeiformes (Lecomte *et al.* 2004), Salmoniformes (Oelink *et al.* 2007; Bouza *et al.* 2008) dan Anguilliformes (Daemen *et al.* 2001).

Spesies dari famili Channidae dikenal sebagai spesies dengan keragaman tinggi dan seringkali disebut sebagai spesies kriptik sehingga perlu pendekatan genetik untuk hasil identifikasi yang akurat. Beberapa studi genetik tersebut antara lain, Li *et al.* (2006) menganalisis 20 spesies dari famili Channidae menggunakan beberapa gen mitokondria, Benzinger (2008) mengidentifikasi tujuh spesies dari genus *Channa* menggunakan marka COI dan 16S rRNA, Habib *et al.* (2011) mengevaluasi keragaman genetik *Channa marulius*, Jiang *et al.* (2016) mengidentifikasi genom mitokondria utuh *Channa micropeltes* asli Indonesia, Rahim *et al.* (2012) dan Baisvar (2018) menganalisis keragaman spesies *Channa striata* menggunakan gen *cyt b*.

Meski telah banyak dilakukan penelitian dengan menggunakan gen *cyt b*, ukuran marka yang digunakan umumnya hanya parsial saja (300 – 500 bp) dan belum mewakili keragaman sebenarnya pada gen ini untuk digunakan pada keperluan spesifik adaptasi. Dewasa ini, belum banyak yang mengkaji secara utuh untuk fragmen gen *cyt b* ini. Penelitian ini bertujuan untuk menganalisis keragaman genetik populasi ikan gabus (*C. striata*) pada sebaran geografik berbeda di wilayah Indonesia berdasarkan gen *cyt b* utuh.

Metode

Pengambilan sampel meliputi 2 lokasi, yaitu di Harapan Indah, Bekasi, Jawa Barat terletak pada koordinat 6°10'02.6"S 106°58'16.4"E dan Barito Kuala, Kalimantan Selatan yang terletak pada koordinat 3°09'01.2"S 114°34'48.3"E (Gambar 1). Sebanyak 31 sampel terdiri atas 16 sampel dari Bekasi (Jawa Barat) dan 15 sampel dari Barito Kuala (Kalimantan Selatan). Darah di-

ambil dari masing-masing sample dan disimpan dalam larutan EDTA. Analisis dilakukan di Laboratorium Konservasi Genetik Hewan, Pusat Penelitian Sumberdaya Hayati dan Bioteknologi (PPSHB), Institut Pertanian Bogor.

Ekstraksi DNA menggunakan Dneasy *Blood & Tissue kits* - Qiagen. Kualitas DNA diuji dengan dimigrasikan pada gel agarosa 1,2% dengan menggunakan buffer 1xTBE (40 mM Tris-borate, 1 mM EDTA). Gel agarosa diwarnai dengan ethidium bromide (0,5 g/ml), diamati, dan difoto dibawah sinar UV.

Amplifikasi dan visualisasi fragmen DNA dilakukan melalui *Polymerase Chain Reaction* (PCR) dengan menggunakan bahan kit PCR (GoTaq® Green Master Mix). Primer yang digunakan terdiri dari primer *forward* OgOCB_Glu (5'-AACCAC-CGTTGTTATTCAACTACAA-3') dan primer *reverse* OgOCB_Glu (3'- CCTTCGA-CGTCGGTTTACAAGACCG-5'). Kondisi PCR meliputi tahapan predenaturasi 94°C



Gambar 1 Peta lokasi pengambilan sampel

selama 3 menit, denaturasi 94 °C selama 45 detik, *anealling* atau suhu penempelan 60.7 °C selama 45 detik, elongasi 72 °C selama 1 menit sebanyak 35 siklus; *post* elongasi: ekstensi 72 °C selama 5 menit. Produk PCR dengan pita yang baik dan telah divisualisasi kemudian dikirim ke perusahaan *First Base* Malaysia untuk dilakukan tahapan sekuen-sing.

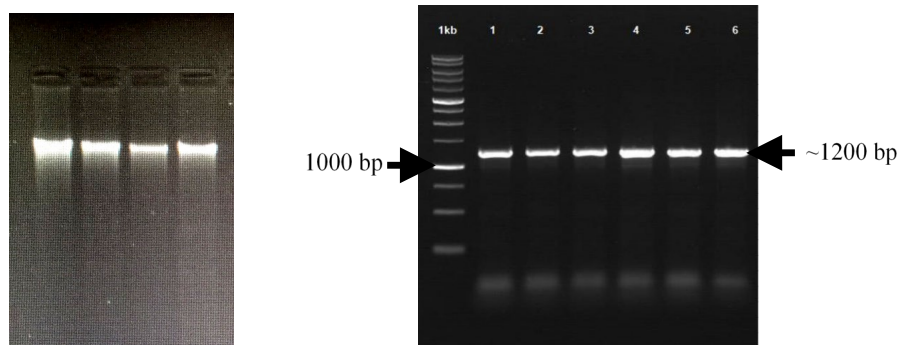
Data hasil sekuen-sing baik *forward* maupun *reverse* disejajarkan (*alignment*) menggunakan software MEGA (*Molecular Evolutionary Genetics Analysis*) versi 7.0 (Kumar *et al.* 2016). Hasil gabungan penyejajaran kemudian dikoreksi dengan primer *forward* maupun primer *reverse*. Sekuen utuh hasil koreksi tersebut disejajarkan kembali antar individu dalam lokasi yang sama dan antar lokasi yang berbeda. Verifikasi hasil sekuen untuk mengetahui identitas jenis masing-masing individu berasal dari masing-masing lokasi dilakukan dengan sekuen standar dari GenBank melalui program *Basic Local Alignment Search Tool-nucleotide* (BLAST-n) di situs *National Center for Biotechnology*

Information (NCBI). Rekonstruksi pohon filogenetik menggunakan metode *Neighbor-joining* dengan *bootstrap* 1000x (Kumar *et al.* 2016). Rata-rata jarak genetik *cyt b* intra-spesies pada seluruh individu diperoleh dengan menggunakan model *Kimura 2-parameter*.

Hasil

DNA genom total berhasil diekstraksi dari 31 sampel ikan gabus dari 2 lokasi menunjukkan kualitas yang baik, terlihat dari pita hasil elektroforesis yang terang (Gambar 2a). Kisaran kemurnian 260/280 DNA total yang didapatkan adalah berkisar antara 1,845-1,968 dengan konsentrasi DNA sebesar 22.233 ng/μl hingga 41.633 ng/μl. Hasil amplifikasi menggunakan teknik PCR dengan target gen *cyt b* utuh berkisar 1200 bp (Gambar 2b).

Sekuens intraspecies *C. striata* pada gen *cyt b* sepanjang 1140 bp menunjukkan komposisi nukleotida yang terdiri atas 29,7% basa timin (T), 31,2% basa sitosin (C), 25,1% basa adenin (A), dan 14,0% basa guanin (G). Basa



Gambar 2 (a) Hasil elektroforesis ekstraksi DNA *C. striata*; (b) Hasil amplifikasi daerah *cyt b* *C. striata* dengan marker 1 Kb

Tabel 1 Hasil identifikasi gen *cyt b* utuh berdasarkan *Blast n Channa striata* isolate LR1448 *cyt b* gene, Kode Akses MN057164.1 *Origin Kalimantan-Indonesia*.

No.	Sampel	Presentase panjang sekuens selaras	Persentase identitas
1.	GK 1 - 6		
	GK 9 - 14		
	GK 17		
	GK 24		
	GK 26	99%	99,91%
	GB 4 - 6		
	GB 9 - 10		
	GB 12 - 17		
	(n = 26)		
2.	GB 1 - 3		
	GB 7 - 8	99%	99,47%
	(n = 5)		

Keterangan: GK=gabus Kalimantan; GB=gabus bekasi.

purin (AG) memiliki komposisi 39,1% dan basa pirimidin (CT) sebesar 60,9%. Pasangan basa (AT) memiliki persentase komposisi yang lebih tinggi (54,8%) dibanding pasangan basa (GC) (45,2%). Hasil penyejajaran seluruh sampel menunjukkan situs konservatif sebesar 1137 pb (99,74%) dan situs variabel serta parsimoni sebesar 3 pb (0,26%).

Hasil *Blast n* seluruh 31 sampel (Tabel 1) menunjukkan kedekatan tertinggi dengan spesies *Channa striata* yang memiliki kode akses MN057164.1. Persentase kemiripan (*percent identity*) tertinggi yang didapatkan adalah sebesar 99, 91% yaitu pada seluruh sampel asal Kalimantan Selatan dan sebagian sampel asal Bekasi. Data sekuen *GenBank* ini ternyata menggunakan *C. striata* asal Kali-

mantan namun tidak diketahui tepatnya lokasi asal sampel tersebut. Kedua *C. striata* hasil *Blast n* pada tulisan ini selanjutnya akan diberi istilah “interspesies” untuk membandingkan dan membuktikan bahwa sampel yang diuji pada penelitian ini adalah benar spesies *C. striata*

Hasil rekonstruksi pohon filogenetik pada sampel menghasilkan 2 kluster yaitu kluster I dan kluster II (Gambar 4). Kluster I terdiri dari seluruh sampel yang berasal dari Kalimantan Selatan yaitu dengan kode GK1 - GK6, GK9 - GK14, GK17, GK 24, dan GK26 serta sebagian sampel asal Bekasi dengan kode sampel GB4 - GB6, GB9 - GB17.

Tabel 2 Situs nukleotida polimorfik (SNP) Klaster I vs Klaster II

Nama Sampel	Asal Sampel	Situs Nukleotida ke-			Haplotipe
		843	1021	1041	
GK 1 - 6	Kalsel	G	T	T	H1
GK 9 - 14	Kalsel	.	.	.	H1
GK 17	Kalsel	.	.	.	H1
GK 24	Kalsel	.	.	.	H1
GK 26	Kalsel	.	.	.	H1
GB 4 - 6	Kalsel	.	.	.	H1
GB 9 - 10	Kalsel	.	.	.	H1
GB 12 - 17	Kalsel	.	.	.	H1
GB 1 - 3	Bekasi	C	C	C	H2
GB 7 - 8	Bekasi	C	C	C	H2

GK= Gabus Kalimantan, GB= Gabus Bekasi, Kalsel= Kalimantan Selatan
G, T, C = basa nukleotida Guanin, Timin, dan Sitosin

Tabel 3 Jarak genetik interspesies berdasarkan *cyt b* utuh

Interspesies	Klaster (vs)	Jarak Genetik
<i>C. striata</i> MN057164.1	Klaster I	0%
	Klaster II	0,30%
<i>C. striata</i> MN205549.1	Klaster I	9,10%
	Klaster II	9,30%

Keterangan: penggunaan istilah interspesies untuk *C. striata* hasil BLAST-n di *Genebank*

Klaster II terdiri dari sebagian sampel yang berasal dari Bekasi dengan kode sampel GB1 - GB3, dan GB7 - GB8.

Hasil analisis polimorfisme nukleotida dihubungkan dengan rekonstruksi pohon filogenetik menunjukkan terdapatnya tiga situs nukleotida (*Single Nucleotide Polymorphism*) yang memisahkan antara Klaster I dan Klaster II serta menghasilkan dua haplotipe berbeda pada masing-masing klaster (H1 dan H2). Situs nukleotida yang memisahkan dua klaster besar terdiri dari situs ke- 843, 1021,

dan 1041. Ketiga situs nukleotida dapat dilihat pada Tabel 2. Substitusi basa nukleotida transisi lebih banyak terjadi dibandingkan dengan substitusi transversasi. Pada 3 SNP yang memisahkan dua klaster terdapat dua substitusi transisi dan satu transversasi. Nilai laju ratio transisi/transversasi yang didapat adalah $R = 2,00$.

Pada rekonstruksi pohon filogenetik dilakukan dengan menambahkan deretan basa nukleotida gen *cyt b* spesies *gen bank C. striata* MN057164.1 dan sebagai *out group*

MN205549.1 untuk melihat kekerabatan interspesies dari spesies dengan standar sekuen dari *GenBank*. Hasil rekonstruksi pohon filogenetik menunjukkan *C. striata* (kode akses: MN057164.1) dalam Klaster I berdekatan dengan sebagian sampel asal Bekasi dan seluruh sampel Kalimantan Selatan. Namun demikian *C. striata* (kode akses: MN205549.1) terpisah jauh dari dua klaster besar (Gambar 3).

Berdasarkan hasil perhitungan jarak genetik antara dua klaster (Klaster I dan Klaster II) sebesar 0,003 atau 0,3%. Perhitungan jarak genetik interspesies menunjukkan bahwa kekerabatan terdekat *C. striata* (kode akses: MN057164.1, *Origin Borneo*) memiliki kekerabatan terdekat dengan sebagian sampel asal Bekasi dan seluruh sampel asal Kalimantan Selatan (Klaster 1) dengan jarak genetik sebesar 0,00 atau 0%. Jarak genetik terjauh ditunjukkan oleh *C. striata* (kode akses: MN205549.1) terhadap semua data *cyt b C. striata* yang dibandingkan yaitu dengan rata-rata jarak genetik 9,2% (Tabel 3) sehingga menempatkannya menjadi *outgroup*.

Pembahasan

Memahami struktur genetik dari suatu spesies memberikan informasi untuk peningkatan konservasi dan strategi pengelolaan sumberdaya populasi ikan terutama spesies yang terancam dan yang bernilai ekonomis tinggi. Informasi genetik suatu populasi dapat menjadi tolak balik program budidaya yang lestari melalui program pemuliaan (Gustiano

et al. 2013). Hasil yang didapatkan dari analisis sekuen *cyt b* 1140 bp pada penelitian ini menunjukkan keragaman genetik yang rendah antara populasi ikan gabus Bekasi dan Kalimantan. Sekuens nukleotida *cyt b C. striata* yang didapat kaya akan A+T (54,8%), yang hampir serupa dengan banyak spesies ikan lainnya (Johns & Avise 1998).

Bekasi dan Kalimantan Selatan terpisah secara geografis, namun rendahnya keragaman genetik didapatkan pada penelitian ini menimbulkan beberapa dugaan yang mengakibatkan hal ini terjadi. Salah satu dugaan adalah akibat transportasi perdagangan antar-pulau di Indonesia. Transportasi laut bagi Indonesia sebagai negara maritim dan kepulauan memiliki peran dalam pembangunan nasional (Perdana & Soemardjito 2016). Hal tersebut tidak menutup kemungkinan adanya perdagangan ikan gabus sebagai ikan yang bernilai ekonomis dan disukai masyarakat. Jika melihat sebaran haplotipe, diduga perpindahan yang terjadi adalah ikan gabus asal Kalimantan Selatan berpindah ke Bekasi (Jawa).

Menurut Avise (1994), spesies yang berasal dari tetua tunggal dapat menghasilkan haplotipe spesifik karena DNA mitokondria yang diwariskan dari garis ibu. Selain itu, tidak adanya keragaman ekologi yang dapat menstimulasi adaptasi secara lokal (Jama-luddin *et al.* 2011). Sebagai spesies dengan *low migratory behaviour* atau memiliki pergerakan yang terbatas (Chondar 1999), hal ini memperkuat dugaan awal bahwa adanya tetua yang berbeda dalam satu populasi.

Perubahan permukaan laut di waktu geologis telah banyak diteliti sebagai acuan untuk memahami sebaran organisme akuatik maupun terestrial (Darlington 1957). Haplotipe *C. striata* yang tumpang tindih pada penelitian ini yaitu antara populasi di Bekasi (Jawa Barat) dan Kalimantan Selatan yang mana jika dilihat secara geografis merupakan dua pulau yang berbeda serta terpisah lautan. Hal ini diduga erat kaitannya dengan fluktuasi permukaan air laut di masa Pleistosen. Masa glasiasi Pleistosen terjadi pada kisaran 250.000 tahun yang lalu (Voris 2000). Masa Pleistosen menemui beberapa skenario glasiasi dan deglasiasi yang menyebabkan naik turunnya permukaan laut sehingga secara berkala mengubah massa daratan yang terpapar (Song *et al.* 2013; Irwanto 2019).

Selain adanya paparan dataran dan aliran sungai di masa LGM yang menyatukan pulau Kalimantan dan Jawa, kapasitas migrasi spesies, konektivitas perairan, dan kemungkinan faktor antropogenik juga bisa menjadi komponen untuk mempelajari struktur genetik suatu spesies (Song *et al.* 2013). Meskipun *C. striata* memiliki perilaku *low migratory*, beberapa penelitian sebelumnya melaporkan bahwa spesies ini memiliki kapasitas migrasi jarak jauh (>500 km) (Adamson *et al.* 2010; Tan *et al.* 2012).

Seluruh gen *cyt b* sampel *C. striata* asal Indonesia disejajarkan dengan gen *cyt b C. striata* hasil *Blast n* (kode akses: MN057164.1) (Rüber *et al.* 2020) dan *C. striata* asal Hainan, China (kode akses: MN205549.1) (Zhou *et al.* 2019).

Berdasarkan hasil perhitungan jarak genetik dan rekonstruksi pohon filogeni, spesies *C. striata* dari *Genebank* (asal Kalimantan-Indonesia) memiliki kedekatan 100% dengan sampel *C. striata* di Klaster I karena jarak genetiknya adalah 0%. Anomali terjadi pada *C. striata* asal Hainan (kode akses: MN205549.1), yaitu menunjukkan jarak genetik yang cukup jauh dari *C. striata* asal Indonesia (rata-rata jarak genetik 9,2% dengan 91 SNP). Hal ini menyebabkan *C. striata* asal Hainan keluar dari dua klaster besar dan menjadikannya *outgroup*. Jika dilihat secara geografis, Hainan merupakan sebuah pulau yang terpisah sehingga hal ini diduga menyebabkan spesies *C. striata* di Hainan telah mengalami kolonisasi dan bermutasi secara spasial.

Perbedaan jarak genetik yang cukup jauh mengindikasikan bahwa *C. striata* asal Hainan merupakan subspecies atau bahkan spesies yang berbeda dengan *C. striata* asal Indonesia. Berdasarkan penelitian sebelumnya, variasi genetik dalam satu spesies yang sama pada gen *cyt b* adalah kurang dari 3 persen (<3%) (Su *et al.* 1999; Bradley & Baker 2001; Hsieh *et al.* 2001). Berdasarkan hasil yang diperoleh dari penelitian ini, gen *cyt b* utuh berhasil digunakan untuk mempelajari variasi intra dan interpopulasi pada spesies *C. striata* di wilayah Indonesia. Adanya 2 Haplotipe pada kedua populasi *C. striata* yang menunjukkan sekuen gen *cyt b* utuh membuktikan kemampuannya untuk mengelompokkan populasi *C. striata* Indonesia.

Simpulan

1. Hasil analisis gen cytochrome *b* utuh pada ikan gabus (*Channa striata*) dari dua sebaran geografik berbeda di Indonesia menunjukkan keragaman inter dan intra-populasi dengan 2 Haplotipe (H1 dan H2) serta menunjukkan adanya nukleotida spesifik lokasi. Nilai keragaman genetik yang rendah dari kedua populasi (0,3%), menimbulkan keraguan akan keaslian sampel asal Bekasi dan dugaan adanya introduksi dari Kalimantan akibat perdagangan.
2. Sampel *C. striata* asal Indonesia dan *C. striata* (MN057164.1) memiliki nilai jarak genetik 0% sehingga mengkonfirmasi kesesuaian sekuens gen *cyt b* *C. striata* asal Kalimantan.
3. Rata-rata jarak genetik yang cukup jauh antara *C. striata* asal Indonesia dengan *C. striata* asal Hainan, Cina (9,2%) mengindikasikan bahwa keduanya merupakan spesies yang berbeda.
4. Penelitian lanjutan dan pengambilan sampel dari lokasi berbeda dibutuhkan untuk melengkapi informasi genetik (gen *cyt b* utuh) *C. striata* Indonesia yang ada di Jawa, Kalimantan dan Sumatera.

Persantunan

Penulis berterimakasih pada teman-teman Laboratorium Konservasi Genetik, PPSHB, IPB atas bantuannya dalam proses penelitian ini.

Daftar pustaka

- Adamson EAS, Hurwood DA, Mather PB, 2010. A reappraisal of the evolution of Asian snakehead fishes (Pisces, Channidae) using molecular data from multiple genes and fossil calibration. *Molecular Phylogenetic and Evolution*, 56(2): 707–717.
- Avise JC. 1994. *Molecular Markers, Natural History and Evolution*. Chapman and Hall. New York.
- Baisvar VS, Kumar R, Singh M, Singh AK, Chauhan UK, Mishra AK, Kushwaha B. 2018. Genetic diversity analyses for population structuring in *Channa striata* using mitochondrial and microsatellite DNA regions with implication to their conservation in Indian waters. *Meta Gene*, 16: 28-38.
- Benzinger PSA. 2008. Genetic divergence in *Channa* species. Disertasi. Manonmanian Sundaranar Univ. India. Shodhganga.inflibnet. ac.in/handle/10603/65750
- Bijaksana U. 2010. Kajian fisiologi reproduksi ikan gabus, *Channa striata* Blkr. di dalam wadah dan perairan rawa sebagai upaya domestikasi. *Disertasi*. Sekolah Pascasarjana. Institut Pertanian Bogor.
- Bouza C, Vilas R, Castro J, Martinez P. 2008. Mitochondrial haplotype variability of brown trout populations from north-western Iberian Peninsula, a secondary contact area between lineages. *Conservation Genetics*, 9: 917–920.
- Bradley RD, Baker RJ. 2001. A test of the genetic species concept: cytochrome-b sequences and mammals. *Journal of Mammalogy*, 82(4): 960–973.
- Brown J, Stapien CA. 2008. Ancient divisions, recent expansions: phylogeography and population genetics of the round Gobi *Appollonia melanostoma*. *Molecular Ecology*, 17(11): 2598–2615

- Chondar SL. 1999. *Biology of Finfish and Shellfish*. Howrah: SCSC Publishers (India).
- Courtenay WR, Williams JD. 2004. *Snakeheads (Pisces, Channidae)— A Biological Synopsis and Risk Assessment*. U.S. Geological Survey Circular 1251. Florida
- da Fonseca RR, Johnson WE, O'Brien SJ, Ramos MJ. 2008. The adaptive evolution of the mammalian mitochondrial genome. *BMC Genomics*, 9: 119.
- Daemen E, Cross T, Ollevier F, Volckaert FAM. 2001. Analysis of genetic structure of European eel (*Anguilla anguilla*) using microsatellite DNA and mtDNA markers. *Marine Biology*, 139(4): 755–764.
- Darlington PJ. 1957. *Zoogeography: The Geographical Distribution of Animals*. John Wiley & Sons, Inc. New York.
- [FAO] *Fisheries and Aquaculture Organization*. 2010. *Channa striata* (Bloch 1973). [terhubung berkala]. <http://www.fao.org/> [diunduh 08 Oktober 2019].
- Fink S, Excoffier L, Heckel G. 2004. Mitochondrial gene diversity in the common vole *Microtus arvalis* shaped by historical divergence and local adaptations. *Molecular Ecology*, 13(11): 3501-3514.
- Foot AD, Morin PA, Durban JW, Pitman RL. 2011. Positive selection on the killer whale mitogenome. *Biology Letters*, 7(1): 116-118.
- Fraser DJ, Debes PV, Bernatchez L, Hutchings JA. 2014. Population size, habitat fragmentation, and the nature of adaptive variation in a stream fish. *Proceedings of the Royal Society B*, 281(1790): 20140370.
- Gershoni M, Templeton AR, Mishmar D. 2009. Mitochondrial bioenergetics as a major motive force of speciation. *BioEssays*, 31(6): 642–650.
- Gustiano R, Ath-thar MHF, Kusmini II. 2019. *Diversiti, Biologi Reproduksi, dan Manajemen Induk Ikan Gabus*. PT Penerbit IPB Press. Bogor.
- Gustiano R, Oktaviani T, Soelistyowati DT, Kusmini II, Wahyutomo, Huwoyon GH. 2013. Analisis ragam genotip RAPD dan fenotip truss morfometrik pada tiga populasi ikan gabus [*Channa striata* (Bloch, 1793)]. *Berita Biologi*, 12 (3): 325-333.
- Habib M, Lakra WS, Mohindra V, Khare P, Barman AS, Singh A, Lal KK, Punia P, Khan AA. 2011. Evaluation of cytochrome b mtDNA sequences in genetic diversity studies of *Channa marulius* (Channidae: Perciformes). *Molecular Biology Reports*, 38(2): 841–846.
- Hsieh H, Chiang H, Tsai L, Lai S, Huang N, Linacre A, Lee JC. 2001. Cytochrome b gene for species identification of the conservation animals. *Forensic Science International*, 122(1): 7-18.
- Irwanto D. 2019. *Sundaland : Tracing The Cradle of Civilizations*. [terhubung berkala]. <http://self.gutenberg.org/> [diunduh 17 Juli 2020].
- Jamaluddin JAF, Pau TM, Siti-Azizah MN. 2011. Genetic structure of the snakehead murrel, *Channa striata* (Channidae) based on the cytochrome c oxidase subunit I gene: influence of historical and geomorphological factors. *Genetics and Molecular Biology*, 34(1): 152-160.
- Jiang S, Zhang K, Ruan Z, Xu J, You X, Shi Q. 2016. The complete mitochondrial genome of Indonesian snakehead, *Channa micropeltes* (Channiformes, Channidae). *Mitochondrial DNA Part B*, 1: 556–557.
- Johns GC, Avise JC. 1998. A comparative summary of genetic distances in the vertebrates from the mitochondrial cytochrome b gene. *Molecular Biology and Evolution*, 15(11): 1481-1490.
- Kocher TD, Thomas WK, Meyer A, Edwards SV, Paabo S, Villablanca FX dan Wilson

- AC. 1989. Dynamics of mitochondrial DNA evolution in animals: Amplification and sequencing with conserved primers. *Proceedings of the National Academy of Science of the United States of America*, 86(16):6196-6200.
- Kumar S, Stecher G, Tamura K. 2016. MEGA7: Molecular evolutionary genetics analysis version 7.0 for bigger datasets. *Molecular Biology and Evolution*, 33(7): 1870-1874.
- Kusmini II, Gustiano R, Prakoso VA, Aththar MHF. 2015. *Budidaya Ikan Gabus*. Penebar Swadaya. Jakarta.
- Lecomte F, Grant WS, Dodson JJ, Rodriguez-Sanchez, Bowen BW. 2004. Living with uncertainty: genetic imprints of climate shifts in east Pacific anchovy (*Engraulis mordax*) and sardine (*Sardinops sagax*). *Molecular Ecology*. 13(8): 2169-2182.
- Li X, Musikasinthorn P, Kumazawa Y. 2006. Molecular phylogenetic analyses of snakeheads (Perciformes: Channidae) using mitochondrial DNA sequences. *Ichthyological Research*, 53(2): 148–159.
- Listyanto N, Andriyanto S. 2009. Ikan gabus (*Channa striata*) manfaat pengembangan dan alternatif teknik budi dayanya. *Media Akuakultur*, 4(1): 18–25.
- Makmur S. 2004. Pertumbuhan ikan gabus (*Channa striata* Bloch) di daerah banjiran Talang Fatima DAS Sumatera Selatan. *Jurnal Penelitian Pendidikan Indonesia Edisi Sumber Daya dan Penangkapan*, 10 (6):1-6.
- McClellan DA, McCracken KG. 2001. Estimating the influence of selection on the variable amino acid sites of the cytochrome b protein functional domains. *Molecular Biology and Evolution*, 18(6): 917-925.
- McClellan DA, Palfreyman EJ, Smith MJ, Moss JL, Christensen RG, Sailsbery JK. 2005. Physicochemical evolution and molecular adaptation of the Cetacean and Artiodactyl cytochrome b proteins. *Molecular Biology and Evolution*, 27(3): 437-455.
- Michelle NYT, Shanti G, Loqman MY. 2004. Effect of orally administered *C. striatus* extract against experimentally induced osteoarthritis in rabbits. *The International Journal of Applied Research in Veterinary Medicine*, 2(3):171–175.
- Muslim. 2007. Potensi, peluang dan tantangan budidaya ikan gabus (*Channa striata*) di propinsi Sumatera Selatan. *Prosiding Forum Perairan Umum Indonesia IV(1):7-11*. Badan Riset Kelautan dan Perikanan Tangkap: Palembang.
- Oelinik AG, Skurikhina LA, Byrkov VA. 2007. Divergence of *Salvelinus* sp from north eastern Asia based on mitochondrial DNA. *Ecology of Freshwaterfish*, 16(1): 87-98.
- Orr HA. 2005. The genetic theory of adaptation: A brief history. *Nature Reviews Genetic*, 6(2):119–127.
- Ozawa T, Hayashi S, Mikhelson VM. 1997. Phylogenetic position of mammoth and Steller's Sea Cow within Tethytheria demonstrated by mitochondrial DNA sequences. *Journal of Molecular Evolution*, 44(4): 406-413.
- Perdana YR, Soemardjito J. 2016. Analisis asal tujuan komoditi utama antar wilayah Pulau Jawa, Kalimantan, dan Nusa Tenggara Timur. *Jurnal Penelitian Transportasi Multimoda*, 14(1): 1-10.
- Rahim MHA, Ismail P, Alias R, Muhammad N, Jais AMM. 2012. PCR-RFLP analysis of mitochondrial DNA cytochrome b gene among Haruan (*Channa striatus*) in Malaysia. *Gene*, 494: 1-10.
- Rüber L, Tan HH, Britz R. 2020. Snakehead (Teleostei: Channidae) diversity and the eastern Himalaya biodiversity hotspot. *Journal of Zoological Systematics Evolutionary Research*, 58 (1):356-386.
- Schmitz J, Ohme M, Zischler H. 2002. The complete mitochondrial sequence of *Tarsius bancanus*: evidence for an

- extensive nucleotide compositional plasticity of primate mitochondrial DNA. *Molecular Biology and Evolution*, 19(4): 544–553.
- Shafri MAM, Manan MJA. 2012. Therapeutic potential of the haruan (*Channa striatus*): from food to medicinal uses. *Malaysian Journal of Nutrition*, 18(1):125–136.
- Solihin DD. 1994. Peran DNA mitokondria (mtDNA) dalam studi keragaman genetik dan biologi populasi pada hewan. *Hayati*, 1(1):1-4.
- Song LM, Munian K, Rashid ZA, Bhassu S. 2013. Characterisation of Asian Snakehead Murrel *Channa striata* (Channidae) in Malaysia: An insight into molecular data and morphological approach. *The Scientific World Journal*, 2013 (917506): 1-16.
- Su SB, Wang Y, Lan H, Wang W, Zhang Y. 1999. Phylogenetic study of complete cytochrome b genes in Musk Deer (Genus *Moschus*) using museum. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 12(3):241–249.
- Tan MP, Jamsari AFJ, Azizah MNS. 2012. Phylogeographic pattern of the striped snakehead, *Channa striata* in Sunda-land: ancient river connectivity, geographical and anthropogenic signatures. *PLoS One*, 7(12): e52089.
- Tobe SS, Kitchener A, Linacre A. 2009. Cytochrome b or cytochrome c oxidase subunit I for mammalian species identification-an answer to the debate. *Forensic Science International: Genetic Supplement*, 2: 306-307.
- Trumpower BL. 1990. The protonmotive Q cycle. Energy transduction by coupling of proton translocation to electron transfer by the cytochrome bc1 complex. *Journal of Biological Chemistry*, 265(20): 11409-11412.
- Voris HK. 2000. Maps of Pleistocene sea levels in Southeast Asia: shorelines, river systems and time durations. *Journal of Biogeography*, 27(5): 1153–1167.
- Welcomme RL.1981. Register of international transfer of inland fish species. *FAO Fisheries and Aquaculture Technical Paper*, 213: 120 p.
- Zhou J, Deng Y, Zhou G. 2019. The mitochondrial genome of striped snakehead *Channa striata* (Perciformes: Channidae) and phylogenetic analysis. *Mitochondrial DNA Part B*, 4(2): 3110-3111.