

SKRIPSI

IDENTIFIKASI, KERAGAMAN GENETIK DAN EVOLUSI IKAN GABUS (*Channa striata* Bloch, 1793) DI WILAYAH WALLACEA DENGAN IKAN GABUS DI WILAYAH GEOGRAFIS LAINNYA

Disusun dan diajukan oleh :

MEIMULYA
L021 17 1304



PROGRAM STUDI MANAJEMEN SUMBER DAYA PERAIRAN
DEPARTEMEN PERIKANAN
FAKULTAS ILMU KELAUTAN DAN PERIKANAN
UNIVERSITAS HASANUDDIN
MAKASSAR
2022

**IDENTIFIKASI, KERAGAMAN GENETIK DAN EVOLUSI IKAN
GABUS (*Channa striata* Bloch, 1793) DI WILAYAH WALLACEA
DENGAN IKAN GABUS DI WILAYAH GEOGRAFIS LAINNYA**

**MEIMULYA
L021 17 1304**

SKRIPSI

Sebagai salah satu syarat untuk memperoleh gelar sarjana pada Fakultas Ilmu
Kelautan dan Perikanan



**PROGRAM STUDI MANAJEMEN SUMBER DAYA PERAIRAN
DEPARTEMEN PERIKANAN
FAKULTAS ILMU KELAUTAN DAN PERIKANAN
UNIVERSITAS HASANUDDIN
MAKASSAR
2022**

LEMBAR PENGESAHAN

IDENTIFIKASI, KERAGAMAN GENETIK DAN EVOLUSI IKAN GABUS (*Channa striata* Bloch, 1793) DI WILAYAH WALLACEA DENGAN IKAN GABUS DI WILAYAH GEOGRAFIS LAINNYA

Disusun dan diajukan oleh :

**MEIMULYA
L021 17 1304**

Telah dipertahankan di hadapan Panitia Ujian yang dibentuk dalam rangka Penyelesaian Studi Program Sarjana Program Studi Manajemen Sumber Daya Perairan Fakultas Ilmu Kelautan dan Perikanan Universitas Hasanuddin Pada tanggal 27 Desember 2021 dan dinyatakan telah memenuhi syarat kelulusan

Menyetujui,

Pembimbing Utama



Dr. Irmawati, S.Pi, M.Si
NIP. 19700516 199603 2 002

Pembimbing Anggota



Dr. Asmi Citra Malina, S.Pi, M.Agr
NIP. 19721228200604 2 001

**Ketua Program Studi
Manajemen Sumber Daya Perairan**



Dr. Ir. Nadiarti, M.Sc
NIP. 19680106 199103 001

PERNYATAAN KEASLIAN

Yang bertanda tangan di bawah ini:

Nama : Meimulya
NIM : L021 17 1304
Program Studi : Manajemen Sumber Daya Perairan
Jenjang : S1

Menyatakan dengan ini bahwa karya tulis saya berjudul

Identifikasi, keragaman genetik dan evolusi ikan gabus (*Channa striata* Bloch, 1793) di wilayah Wallacea dengan ikan gabus di wilayah geografis lainnya

Adalah karya tulis saya sendiri dan bukan merupakan pengambilan alihan tulisan orang lain bahwa skripsi yang saya tulis ini benar benar merupakan hasil karya saya sendiri.

Apabila di kemudian hari terbukti atau dapat dibuktikan bahwa sebagian atau keseluruhan skripsi ini hasil karya orang lain, maka saya bersedia menerima sanksi atas perbuatan tersebut.

Makassar, 21 Januari 2022

Yang menyatakan



Meimulya

PERNYATAAN AUTHORSHIP

Saya yang bertanda tangan di bawah ini:

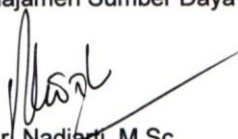
Nama : Meimulya
NIM : L021 17 1304
Program Studi: Manajemen Sumber Daya Perairan
Fakultas : Ilmu Kelautan dan Perikanan

Menyatakan bahwa publikasi sebagian atau keseluruhan isi skripsi pada jurnal atau forum ilmiah lain harus seizin dan menyertakan tim pembimbing sebagai author dan Universitas Hasanuddin sebagai institusinya. Apabila dalam waktu sekurang-kurangnya dua semester (satu tahun sejak pengesahan skripsi) saya tidak melakukan publikasi dari sebagian atau keseluruhan skripsi ini, maka pembimbing sebagai salah seorang dari penulis berhak mempublikasikannya pada jurnal ilmiah yang ditentukan kemudian, sepanjang nama mahasiswa tetap diikutkan.

Makassar, 21 Januari 2022

Mengetahui,

Ketua Program Studi
Manajemen Sumber Daya Perairan


Dr. Ir. Nadiarti, M.Sc
NIP. 196801061991032001

Penulis,


Meimulya
L021 17 1304

ABSTRAK

Meimulya. L021171304. "Identifikasi, keragaman genetik dan evolusi ikan gabus (*Channa striata* Bloch, 1793) di wilayah Wallacea dengan ikan gabus di wilayah geografis lainnya" dibimbing oleh **Irmawati** sebagai Pembimbing Utama dan **Asmi Citra Malina** sebagai Pembimbing Anggota.

Populasi ikan gabus di beberapa wilayah perairan Wallacea telah menunjukkan kondisi yang memprihatinkan karena tekanan penangkapan dan antropogenik yang tinggi sehingga upaya pengelolaan yang tepat harus dilakukan. Salah satu informasi penting dalam menyusun strategi konservasi dan pengelolaan yang tepat yaitu informasi terkait spesies dan hubungan kekerabatan yang akurat yaitu secara molekuler. Penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi, menganalisis keragaman genetik, dan menelusuri evolusi ikan gabus di wilayah Wallacea dengan ikan gabus di wilayah geografis lainnya. Informasi tersebut bermanfaat untuk memastikan status taksonomi dan kualitas populasi sebagai dasar penentuan strategi konservasi dan pengelolaan yang tepat serta bermanfaat dalam menyusun program *breeding* ikan gabus. Identifikasi ikan gabus dilakukan secara molekuler menggunakan marka DNA mitokondria *Cytochrome Oxidase Subunit I* (mtDNA COI). Rekonstruksi pohon filogeni berdasarkan *Maximum Likelihood* menggunakan model *Kimura 2-parameter* dengan *bootstrap* 1000 ulangan yang dianalisis dengan software MEGA (*Molecular Evolutionary Genetics Analysis*) ver. 10.1.1. Analisis variasi genetik dan evolusi menggunakan program *DnaSP* ver. 6.12.03 dan *Network* ver. 5.0.1.1. Penelitian ini berhasil mengisolasi delapan parsial sekuen gen COI ikan gabus dari empat populasi di wilayah Wallacea dengan panjang sekuen 647 bp dan berhasil mengidentifikasi penanda polimorfik dan memetakan mutasi pada gen COI ikan gabus. Ikan gabus dari Wallacea mengcover 99% - 100% nukleotida gen COI *C. striata* di database *GenBank* dengan homologi >98% dan nilai *e-value* 0,00 yang menunjukkan bahwa ikan gabus pada penelitian ini adalah *Channa striata*. *C. striata* Wallacea terdiri dari tiga haplotipe dengan lima situs polimorfik (*single nucleotide polymorphism*, SNP). Tidak terdeteksi mutasi pada nukleotida COI *C. striata* di kompleks Danau Tempe (DT9, DT10), Sungai Patampanua (PL4, PL8), dan Sungai Bojo (BJ26, BJ27) sehingga *C. striata* di ketiga lokasi tersebut memiliki haplotipe yang sama (H_1), sedangkan pada *C. striata* di drainase tersier Tangkoli (T1, T2) terdeteksi mutasi sehingga memiliki dua haplotipe berbeda. Kedua haplotipe (H_2 dan H_3) di drainase tersier Tangkoli tersebut unik karena berbeda dengan haplotipe *C. striata* di wilayah geografis lainnya. Jarak genetik intraspesifik *C. striata* tergolong rendah (0,0015 – 0,0201) dan jarak genetik interspesifik cukup besar berkisar (0,1267 – 0,2133) yang menunjukkan bahwa laju mutasi di dalam genus *Channa* tergolong besar. Evolusi haplotipe menunjukkan bahwa *C. striata* di Wallacea dengan *C. striata* di Kalimantan, Jawa, dan Bali berasal dari leluhur yang sama dan berbeda dengan *C. striata* di Lampung (Sumatera) yang memiliki leluhur yang berbeda, sedangkan *C. striata* di Filipina dan Vietnam memiliki leluhur yang sama dan berbeda dengan *C. striata* di Wallacea, Lampung (Sumatera), Malaysia, dan China. Pola komposisi nukleotida gen COI *C. striata* sama dengan pola komposisi nukleotida Teleostei, bahkan superclass *Pisces* pada umumnya yaitu T>C>A>G dengan persentase basa G+C (45,60% - 46,21%) lebih kecil dari A+T (53,79% - 54,40%).

Kata kunci: *Channa striata*, *Cytochrome Oxidase Subunit I* (COI), haplotipe, mutasi, polimorfik, SNP

ABSTRACT

Meimulya. L021171304. "Identification, genetic diversity and evolution of snakeheads (*Channa striata* Bloch, 1793) in the Wallacea region compared with other geographic areas" supervised by **Irmawati** as the principle supervisor and **Asmi Citra Malina** as the co-supervisor.

Snakehead populations in some areas of Wallacea have declined due to heavy fishing and other anthropogenic pressures and therefore require appropriate management. Accurate information on species identity and genetic population structure is important as a basis for formulating appropriate conservation and management strategies. This study aimed to identify the snakehead species present, analyze the genetic diversity, and trace the evolutionary relationships of snakehead fish in the Wallacea region with snakeheads in other geographic areas. Ascertaining taxonomic status and population characteristics are important as the basis for determining appropriate conservation and management strategies and will be useful in developing snakehead fish breeding programs. Snakehead identification used the mitochondrial DNA molecular marker Cytochrome Oxidase Subunit I (mtDNA COI). Phylogenetic tree construction used the Maximum Likelihood approach with the Kimura 2-parameter model and 1000 bootstrap replicates implemented in MEGA (Molecular Evolutionary Genetics Analysis) software ver. 10.1.1. Genetic variation and evolution were analyzed in DnaSP ver. 6.12.03 and Network ver. 5.0.1.1. This study successfully isolated eight partial snakehead COI gene sequences from four populations in the Wallacea region with a sequence length of 647 bp, identified polymorphic markers and mapped mutations in the snakehead COI gene. The Wallacean snakehead sequences had 99% - 100% coverage, >98% homology and 0.00 e-value compared with COI nucleotide sequence accessions deposited in the GenBank database from the striped snakehead *Channa striata*, indicating the specimens in this study belonged to this species. Three haplotypes were found in Wallacean *C. striata*, with five polymorphic sites (single nucleotide polymorphisms, SNPs). No mutations were detected in the COI nucleotides of *C. striata* from the Tempe Lake complex (DT9, DT10), Patampanua River (PL4, PL8), and Bojo River (BJ26, BJ27), so that *C. striata* in these three locations had the same haplotype (H_1). Mutations were detected in *C. striata* from the Tangkoli tertiary drainage (T1, T2) which comprised two unique haplotypes (H_2 and H_3) which differ from all *C. striata* haplotypes from other geographic areas. Intraspecific genetic distance within *C. striata* was low (0.0015 – 0.0201) while interspecific genetic distance within *Channa* is quite large (0.1267 – 0.2133), indicating that the mutation rate in the genus is quite high. Haplotype evolutionary analysis showed that *C. striata* in Wallacea shared a common ancestry with *C. striata* from Kalimantan, Java, and Bali which differed from the ancestry of *C. striata* in Lampung (Sumatra), while *C. striata* from the Philippines and Vietnam had both shared and different ancestry with *C. striata* from Wallacea, Lampung (Sumatra), Malaysia, and China. The nucleotide composition of the *C. striata* COI gene followed the same patterns as the Teleostei and the Pisces superclass in general, which is T>C>A>G with a base percentage of G+C (45.60% - 46.21%) lower than that of A+ T (53.79% - 54.40%).

Keywords: *Channa striata*, Cytochrome Oxidase Subunit I (COI), haplotype, mutation, polymorphism, SNP

UCAPAN TERIMA KASIH

Skripsi ini dapat diselesaikan oleh penulis berkat bantuan, dukungan dan doa dari banyak pihak. Oleh karena itu, penulis mengucapkan terima kasih dan penghargaan setinggi-tingginya kepada :

1. Ibu Dr. Irmawati, S.Pi, M.Si dan Ibu Dr. Asmi Citra Malina, S.Pi, M.Agr selaku dosen pembimbing utama yang telah meluangkan waktu membimbing penulis dari awal hingga selesainya skripsi ini.
2. Ibu Dr. Ir. Nadiarti, M.Sc dan Ibu Dr. Ir. Nita Rukminasari, MP selaku dosen penguji atas arahan, saran dan kritikan yang membangun dalam penulisan skripsi ini.
3. Seluruh staf dan pengajar Departemen Perikanan, Fakultas Ilmu Kelautan dan Perikanan khususnya para dosen Program Studi Manajemen Sumberdaya Perairan.
4. Kedua orang tua penulis yang tercinta, Bapak H. M. Akib dan Ibu Hj. Hasibah atas segala doa, dukungan dan semangat yang tak henti-hentinya baik secara moril dan materil dalam penyusunan skripsi ini.
5. Saudara penulis, Hj. Icha, Bripda Mirajuddin, H. Najibuddin dan ponakan penulis Siti Khatima Azahra dan Muh. Khaeril Azwan, serta seluruh keluarga besar tercinta yang selalu memberi semangat dan doa dalam penyusunan skripsi ini.
6. Teman-teman MSP 2017 dan seluruh warga KMP MSP KEMAPI FIKP UNHAS yang selalu memberi dukungan kepada penulis.
7. Tak lupa penulis ucapkan banyak terima kasih kepada Kak Nevi, Kak Widya, Kak Lia, Kak Una, Kak Nisa dan Kak Rifa serta semua pihak yang ikut membantu, memberi semangat dan saran kepada penulis.

Kesempurnaan hanyalah milik Allah SWT, oleh karena itu penulis sadar dalam penulisan skripsi ini masih banyak kekurangan dan ketidaksempurnaan yang disebabkan oleh keterbatasan penulis, oleh karena itu penulis mengharapkan kritik dan saran yang destruktif dari pembaca.

Akhir kata, penulis berharap agar penelitian ini dapat bermanfaat serta memberi nilai untuk kepentingan ilmu pengetahuan selanjutnya dan segala amal baik serta jasa dari pihak yang membantu penulis mendapat berkah dan karunia-Nya. Aamiin.

Makassar, 21 Januari 2022

Penulis

Meimulya

BIODATA PENULIS



Penulis dilahirkan di Polewali, Sulawesi Barat pada tanggal 29 Mei 1999. Penulis adalah anak kedua dari tiga bersaudara yang merupakan putri dari pasangan ayahanda H. M. Akib dan ibunda Hj. Hasibah. Tahun 2011 penulis lulus dari SDN 016 Sarampu, Polewali Mandar, pada tahun 2014 penulis lulus dari SMP Negeri 2 Polewali dan pada tahun 2017 penulis menyelesaikan masa SMA di SMA Negeri 1 Polewali. Kemudian pada tahun yang sama penulis melanjutkan kuliah di Universitas Hasanuddin. Penulis diterima pada program studi Manajemen Sumberdaya Perairan, Jurusan Perikanan, Fakultas Ilmu Kelautan dan Perikanan melalui jalur SBMPTN.

Selama menjalani proses perkuliahan, penulis pernah menjadi asisten laboratorium Fisiologi Hewan Air dan kordinator asisten laboratorium Genetika Populasi. Pada bidang organisasi kemahasiswaan, penulis pernah menjabat sebagai Badan Pengurus Harian (BPH) KMP MSP KEMAPI FIKP UNHAS periode 2019 pada departemen keilmuan dan Badan Eksekutif Pusat (BEP) Himpunan Mahasiswa Manajemen Sumberdaya Perairan Indonesia (HIMASUPERINDO).

Penulis menyelesaikan rangkaian tugas akhir yaitu Kuliah Kerja Nyata (KKN) di Desa Tonyaman, Kecamatan Binuang, Kabupaten Polewali Mandar gelombang 104 Tahun 2020. Penulis melakukan penelitian dengan judul "Identifikasi, keragaman genetik dan evolusi ikan gabus (*Channa striata* Bloch, 1793) di wilayah Wallacea dengan ikan gabus di wilayah geografis lainnya".

KATA PENGANTAR

Puji syukur kehadiran Allah SWT yang telah melimpahkan karunia serta hidayah-Nya sehingga penulis dapat menyelesaikan penelitian dengan judul “Identifikasi, keragaman genetik dan evolusi ikan gabus (*Channa striata* Bloch, 1793) di wilayah Wallacea dengan ikan gabus di wilayah geografis lainnya”. Salawat serta salam selalu tercurahkan kepada Nabi Besar Muhammad SAW, yang telah memberikan teladan akal, pikiran dan akhlak bagi umatnya.

Penelitian ini dilakukan sebagai salah satu syarat untuk memperoleh gelar sarjana di fakultas Ilmu Kelautan dan Perikanan Universitas Hasanuddin. Penelitian ini dilaksanakan selama 6 bulan (September 2020 - Maret 2021). Penulis menyadari bahwa dalam tulisan ini terdapat banyak kekurangan. Oleh karena itu, kritik dan saran yang bersifat membangun sangat diharapkan penulis untuk kesempurnaan tulisan-tulisan kedepannya.

Makassar, 21 Januari 2022

Penulis

DAFTAR ISI

	Halaman
HALAMAN PENGESAHAN	iii
PERNYATAAN KEASLIAN	iv
PERNYATAAN AUTHORSHIP	v
ABSTRAK.....	vi
BIODATA PENULIS	viii
UCAPAN TERIMA KASIH	viii
BIODATA PENULIS	ix
KATA PENGANTAR	x
DAFTAR ISI	xi
DAFTAR GAMBAR	xiii
DAFTAR TABEL	xiv
DAFTAR LAMPIRAN	xv
I. PENDAHULUAN	1
A. Latar Belakang.....	1
B. Tujuan dan Manfaat.....	2
II. TINJAUAN PUSTAKA	3
A. Klasifikasi dan Deskripsi Ikan Gabus	3
B. Keanekaragaman Jenis Ikan Gabus	4
C. Distribusi dan Habitat Ikan Gabus	4
D. Nilai Gizi dan Bioprospecting Ikan Gabus	5
E. DNA (<i>Deoxyribo Nucleic Acid</i>).....	6
F. Isolasi/Ekstraksi DNA	7
G. PCR (<i>Polymerase Chain Reaction</i>).....	7
H. DNA Barcoding	8
I. <i>Gen cytochrome oxydase I (COI)</i>	9
III. METODE PENELITIAN	11
A. Waktu dan Tempat.....	11
B. Prosedur Penelitian.....	11
1. Ikan Sampel dan Preparasi Sampel DNA	11
2. Pengukuran Panjang dan Bobot Tubuh Ikan Gabus	12
3. Isolasi/ekstraksi DNA.....	12

4. Amplifikasi DNA	13
5. Elektroforesis	13
6. Sekuensing DNA.....	14
7. Parameter yang Dianalisis.....	14
IV. HASIL	15
A. Perbandingan Ukuran Ikan Gabus di Wilayah Wallacea	15
B. Kualitas DNA Ikan Gabus Hasil PCR	15
C. Identifikasi Molekuler Ikan Gabus (<i>Channa</i> sp Scopoli, 1777)	16
D. Variasi Genetik dan Haplotipe Ikan Gabus (<i>Channa striata</i> Bloch, 1793) ..	17
E. Rekonstruksi Pohon Filogeni dan Jarak Genetik Ikan Gabus (<i>Channa striata</i> Bloch,1793).....	19
IV. PEMBAHASAN.....	21
V. SIMPULAN DAN SARAN.....	25
DAFTAR PUSTAKA.....	26

DAFTAR GAMBAR

Nomor	Halaman
1. Ikan gabus (<i>Channa</i> sp Scopoli, 1777)	3
2. Peta distribusi ikan gabus (<i>Channa</i> sp Scopoli, 1777)	5
3. Posisi gen COI di dalam DNA mitokondria ikan	10
4. Peta lokasi pengambilan sampel ikan gabus (<i>Channa striata</i> Bloch, 1793)	11
5. Median dan sebaran panjang dan bobot tubuh ikan gabus.....	15
6. Pita DNA ikan gabus hasil PCR menggunakan primer <i>FishF2</i> dan <i>FishR2</i>	16
7. Evolusi haplotipe mtDNA COI antara <i>Channa striata</i> di kawasan Wallacea dengan <i>C. striata</i> di beberapa wilayah geografis lain dan spesies <i>congeneric</i> genus <i>Channa</i> dari database <i>GenBank</i> NCBI	19
8. Pohon filogeni spesimen ikan gabus (<i>Channa striata</i> Bloch, 1793) dengan beberapa spesies <i>congeneric</i> genus <i>Channa</i> dari database <i>GenBank</i> NCBI ...	19

DAFTAR TABEL

Nomor	Halaman
1. Ukuran sampel ikan gabus dari kompleks Danau Tempe, Sungai Patampanua, Sungai Bojo dan drainase tersier Tangkoli.....	15
2. Persentase kemiripan, <i>query cover</i> , <i>e-value</i> antara nukleotida ikan sampel penelitian dengan sekuen nukleotida <i>Channa striata</i> yang terdeposit di <i>GenBank</i> NCBI	16
3. Variasi genetik <i>Channa striata</i> di dalam group Wallacea (kompleks Danau Tempe, Sungai Patampanua, Sungai Bojo, drainase tersier Tangkoli) dan antar group (<i>C. striata</i> Wallacea dengan <i>C. striata</i> dari kawasan geografis lain).....	17
4. Variasi basa nukleotida, komposisi GC dan AT (%) serta komposisi GC (%) di setiap posisi kodon gen COI <i>Channa striata</i>	18
5. Variasi nukleotida intraspesifik dan interspesifik (bawah) dan jarak genetik (atas) antara <i>C. striata</i> di Kawasan Wallacea dengan <i>C. striata</i> dari wilayah geografis lain dan spesies <i>congeneric</i> genus <i>Channa</i> (<i>C. pardalis</i> , <i>C. andrao</i> , <i>C. gachua</i> , <i>C. bleheri</i>)	20

DAFTAR LAMPIRAN

Nomor	Halaman
1. Alat yang digunakan pada pengukuran panjang dan bobot tubuh ikan gabus...	33
2. Alat yang digunakan dalam analisis molekuler.....	33
3. Hasil alignment <i>C. striata</i> sampel dengan <i>C. striata</i> pada NCBI	34

I. PENDAHULUAN

A. Latar Belakang

Ikan gabus, *snakehead fish* merupakan ikan air tawar ekonomis penting di Asia Tenggara karena memiliki *market demand* yang besar (Kumar et al., 2021). Harga jual ikan gabus di Sulawesi Selatan mencapai IDR 100.000 per kilogram atau US\$ 6,8. Ikan ini banyak digemari karena memiliki daging yang putih, rasa yang enak serta kandungan nutrisi yang tinggi (Paripatananont, 2002; Dayal et al., 2013). Ikan gabus banyak di manfaatkan dalam dunia kesehatan sebagai bahan baku produk *nutraceutical* (Shafri & Manan, 2012). Ekstrak ikan gabus dijadikan sebagai makanan tambahan yang dapat meningkatkan kadar albumin dan mempercepat proses penyembuhan luka pada kasus pasca operasi (Nugroho, 2013). Saat ini, ikan gabus menjadi salah satu spesies yang banyak dibudidayakan di Asia Tenggara (Phan et al., 2021) India (Chakrabarty & Das, 2006; Kumari et al., 2018) dan Bangladesh (Alam et al., 2020). Akan tetapi, budidaya ikan gabus terkendala oleh ketersediaan benih yang terbatas, buruknya *recovery* dan *recruitment* ikan-ikan muda (juvenil) ke stok/populasi alamnya serta rendahnya *survival rate* pada kegiatan pembenihan (Kumari et al., 2018).

Populasi ikan gabus kian memprihatinkan karena efek gabungan dari perubahan iklim dan cekaman antropogenik yang terjadi seperti eksploitasi berlebih dan degradasi habitat (Arthington et al., 2016; Irmawati et al., 2019). Kegiatan eksploitasi ikan gabus yang semakin intensif, mengarah ke penangkapan merusak akibat penggunaan alat tangkap yang tidak selektif dan tidak ramah lingkungan sehingga menyebabkan kualitas dan kuantitas stok ikan gabus kian menurun tajam (Harianti, 2013). Di sisi lain, sistem air tawar yang merupakan habitat ikan gabus merupakan sistem yang terfragmentasi dan cenderung mendapat cekaman antropogenik yang tinggi sehingga menyebabkan isolasi reproduksi, tereduksinya keragaman genetik, serta penurunan ukuran populasi efektif yang dapat merubah struktur populasi (Pavlova et al., 2017).

Kompleks Danau Tempe, Sungai Bojo, dan drainase tersier Tangkoli merupakan ekosistem dengan cekaman antropogenik yang tinggi karena kegiatan penangkapan yang berlebih, laju sedimentasi yang tinggi dan aktivitas pertanian, perkebunan serta pemukiman yang padat di *catchment area* mengakibatkan terjadinya degradasi habitat (Harianti, 2013). Penelitian Irmawati et al. (2019) di Sungai Bojo menemukan Ikan gabus yang *ovotestis* dan matang gonad lebih awal yang diduga karena *antropogenic factors*.

Salah satu usaha menuju pemanfaatan dan pengelolaan sumberdaya perikanan ikan gabus berkelanjutan adalah tersedianya informasi terkait identifikasi spesies yang

akurat dan hubungan kekerabatan. Identifikasi spesies sangat penting karena terkait dengan kemampuan adaptasi terhadap lingkungan yang berfluktuasi, reproduksi, dan invasi yang berbeda tiap spesies ikan (Funk et al., 2012). Identifikasi jenis yang akurat dan gambaran hubungan kekerabatan sangat dibutuhkan dalam pengelolaan sumber daya hayati perairan dan program pemuliabiakan ikan (Irmawati et al., 2017).

Identifikasi spesies dapat dilakukan secara morfologi maupun molekuler, namun identifikasi morfologi saat ini sulit dilakukan karena banyaknya kemiripan antar spesies dan ciri khas yang penting untuk diagnosa menghilang sebagai akibat dari adaptasi terhadap lingkungan (Prehadi et al., 2015), sehingga identifikasi spesies saat ini banyak dilakukan secara molekuler. Salah satu teknik identifikasi molekuler yang banyak digunakan adalah teknik DNA *barcoding*. DNA *barcoding* menggunakan gen *Cytochrome Oxidase Subunit I* (COI) sebagai gen target karena gen ini berevolusi cepat untuk mengidentifikasi spesies secara akurat dan memiliki laju mutasi asam amino yang rendah (Lynch & Jarrell, 1993). Identifikasi dan analisis variasi genetik yang menggunakan gen *Cytochrome Oxidase Subunit I* (COI) sebagai label spesies untuk identifikasi molekuler telah membuka perspektif baru dalam mengoleksi sumberdaya genom dari berbagai spesies (Hebert et al., 2004; Hebert & Gregory, 2005; Smith et al., 2005; Steinke et al., 2005; Hubert et al., 2012).

Di Indonesia penelitian tentang identifikasi spesies ikan gabus secara molekuler menggunakan gen COI telah dilakukan di beberapa lokasi yaitu Bogor (Widyastuti, 2016), Danau Towuti (Irmawati et al., 2017) dan Danau Sentani (Kombong & Arisuryanti, 2019). Namun penelitian sejenis belum pernah dilakukan di kompleks Danau Tempe, Sungai Patampanua, Sungai Bojo dan drainase tersier Tangkoli yang merupakan wilayah Wallacea. Berdasarkan hal tersebut maka penelitian ini dilakukan untuk mengidentifikasi, menganalisis keragaman genetik dan menelusuri pola evolusi ikan gabus di lokasi tersebut dengan wilayah geografis lainnya. Hasil penelitian diharapkan bermanfaat untuk mengetahui kualitas populasi dan mengontrol laju evolusi ikan gabus sebagai upaya dalam menyusun strategi konservasi dan pengelolaan yang tepat.

B. Tujuan dan Manfaat

a. Tujuan Penelitian

Penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi dan mengarakterisasi spesies ikan gabus dari beberapa lokasi di wilayah Wallacea serta menganalisis keragaman sekuen gen COI ikan gabus di wilayah tersebut dan pola evolusinya dengan ikan gabus di wilayah geografis lainnya.

b. Manfaat Penelitian

Manfaat dari penelitian ini yaitu untuk memastikan status taksonomi, kualitas populasi dan pola evolusi ikan gabus dalam rangka menyusun strategi konservasi dan pengelolaan yang tepat serta mendeteksi sumber-sumber induk untuk program *breeding* ikan gabus sebagai solusi untuk mengatasi kelangkaan benih.

II. TINJAUAN PUSTAKA

A. Klasifikasi dan Deskripsi Ikan Gabus

Pada beberapa daerah di Indonesia ikan gabus dikenal dengan beberapa nama seperti Bale bolong, Bale-bale, Bale salo, Kanjilo (Sulawesi), Kutuk (Jawa), Kocolan (Betawi), Licingan (Banjarmasin), Bogo (Sunda), Kabos (Minahasa), Haruan (Melayu). Ikan gabus termasuk dalam famili Channidae, secara lengkap taksonominya adalah sebagai berikut:

Filum : Chordata
kelas : Actinopterygii
Subkelas : Neopterygii
Ordo : Perciformes
Subordo : Channoidei
Famili : Channidae
Genus : *Channa*
Spesies : *Channa striata* (Bloch, 1793)



Gambar 1. Ikan Gabus (*Channa striata*) (Meimulya, 2020)

Ikan gabus memiliki ciri-ciri morfologi yaitu seluruh tubuh serta kepala ditutupi sisik sikloid dan stenoid. Bentuk tubuh bulat dibagian depan dan pipih tegak di bagian belakang, semakin ke belakang akan semakin pipih (*compressed*), sehingga disebut ikan berkepala ular atau *snake head* (Makmur et al., 2003). Bukaan mulut ikan gabus tergolong lebar, memiliki 4 - 7 gigi pada bagian rahang bawah. Bagian belakang gigi terdapat gigi *villiform* yang melebar hingga 6 baris pada bagian belakang rahang. Sisik dibagian atas kepala berukuran besar, melingkar, berhimpitan, dan sisik kepala

dibagian depan selaku pusatnya, 9 baris sisik ada diantara bagian *preoperculum* dan batas posterior dari lingkaran yang terdiri dari 18 - 20 sisik predorsal, 50 - 57 sisik dibagian lateral yang biasa disebut sisik orbit. Makanan alamiah ikan gabus berupa ikan-ikan kecil, kodok, insekta, cacing, kecebong dan krustasea (Amilhat & Lorenzen, 2005).

B. Keanekaragaman Jenis Ikan Gabus

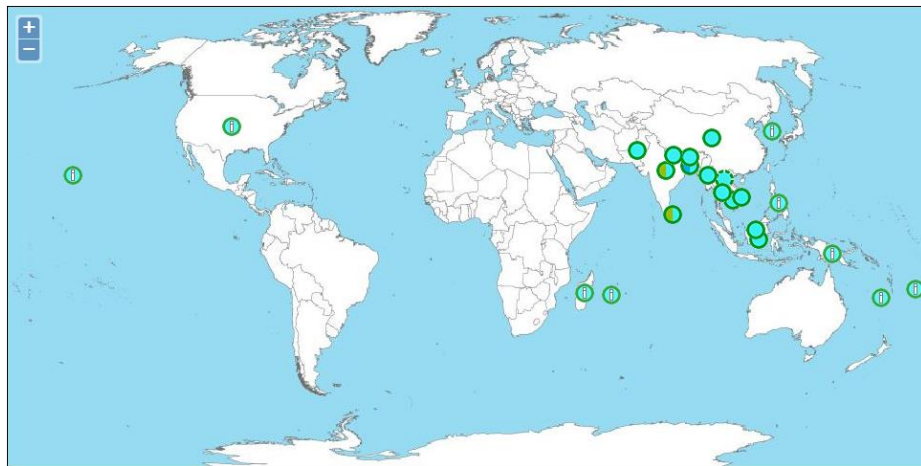
Saat ini terdapat sekitar 50 spesies ikan gabus yang valid dalam tiga marga (*Aenigmachanna*, *Channa* dan *Parachanna*) termasuk dalam famili Channidae (Britz et al., 2019). Dalam kurun waktu satu dekade, ditemukan sebanyak sembilan spesies *snakehead* baru ditemukan, yaitu *Channa melanostigma*, *Channa andrao*, *Channa aurantipectoralis*, *Channa pardalis*, *Channa stiktos*, *Channa quinquefasciata*, *Channa bipuli*, *Channa Lipor*, *Channa Brunnea*. Sebanyak 15 spesies ikan gabus dari marga *Channa* yaitu *C. amphibeus*, *C. andrao*, *C. aurantimaculat*, *C. barca*, *C. bipuli*, *C. bleheri*, *C. gachua*, *C. marulius*, *C. melanostigma*, *C. pardalis*, *C. pomanensis*, *C. punctata*, *C. quinquefasciata*, *C. stewartii* dan *C. striata* dilaporkan dari India Timur Laut Brahmaputra (Dey et al., 2019)

Keanekaragaman jenis ikan gabus cukup tinggi di Indonesia. Muchlisin et al. (2013) mengidentifikasi dua jenis ikan gabus yang berasal dari Danau Laut Tawar Aceh, yaitu ikan gabus jenis *Channa gachua* dan *Channa striata*. Lebih jauh Serrao et al. (2014) melaporkan bahwa ikan gabus yang tersebar di perairan tawar Indonesia adalah ikan gabus dari jenis *C. bankanensis*, *C. cyanospilos*, *C. gachua*, *C. maruloides*, *C. melanoptera*, *C. melasoma*, *C. micropeltes*, *C. lucius*, *C. striata* serta *C. pleurophthalma*. Dahruddin et al. (2016) melaporkan bahwa ikan gabus yang teridentifikasi di Danau Rawa Pening Jawa Tengah, Cigede Tasikmalaya dan Tukad Unda Bali merupakan jenis *Channa striata* serta ikan gabus jenis *Channa pleurophthalma* teridentifikasi di perairan Banjarmasin Kalimantan Selatan.

C. Distribusi dan Habitat Ikan Gabus

Ikan gabus merupakan ikan air tawar yang dapat ditemukan di perairan sungai, danau, rawa, perairan dangkal dengan kedalaman 40 cm, bahkan perairan dengan konsentrasi oksigen yang rendah. Ikan gabus mendiami habitat perairan yang gelap, berlumpur, berarus tenang serta wilayah bebatuan sebagai tempat untuk bersembunyi jika terdapat predator. Ikan gabus mampu hidup di perairan dengan kondisi pH asam, oksigen terlarut yang relatif rendah, dan CO² yang tinggi (Said, 2008). Ikan gabus

dikenal sebagai spesies invasif, yang berasal dari famili Channidae, ikan ini memiliki kemampuan bernafas langsung dari udara dengan menggunakan organ labirin sehingga ikan gabus dapat tetap hidup pada kondisi lingkungan kekurangan air dengan cara mengubur diri di dalam lumpur dan hidup dengan memanfaatkan lemak yang tersimpan di dalam tubuhnya. Ikan gabus juga mampu bergerak dalam jarak yang jauh saat musim kemarau untuk mencari sumber air (Yulisman et al., 2012).



Gambar 2. Peta distribusi Ikan Gabus (Fishbase)

Ikan gabus tersebar dari Afrika hingga Asia. Di Asia spesies ini tersebar dari Afghanistan, Pakistan bagian barat, Nepal bagian selatan, India, Bangladesh, Srilangka, Myanmar, Indo-China, Cina, Jepang, Taiwan, Philipina, Malaysia, Singapura, dan Indonesia bagian barat. Di Indonesia ikan gabus tersebar hampir di seluruh wilayah perairan umum daratan. Ikan gabus di Indonesia merupakan ikan asli di wilayah perairan umum daratan di paparan Sunda (Sumatera, Jawa, dan Kalimantan) sedangkan ikan gabus yang terdapat di wilayah perairan umum daratan Wallacea (Sulawesi, Sunda Kecil, Maluku) dan Paparan Sahul (Papua) merupakan ikan introduksi dan ikan konsumsi penting (Listyanto & Andriyanto, 2009).

D. Nilai Gizi dan *Bioprospecting* Ikan Gabus

Selain untuk konsumsi, ikan gabus juga banyak dimanfaatkan di bidang kesehatan. Saat ini, diketahui bahwa daging ikan gabus mengandung protein sebesar 70% dan albumin sebesar 21%. Kadar protein yang dimiliki ikan gabus kering dapat dihitung dari setiap gram bagian yang dapat dimakan (BDD) dari ikan tersebut. Setiap 100 gram BDD ikan gabus kering mengandung protein sebesar 58 gram, yang berarti lebih tinggi kadar proteinnya dari pada jenis ikan lainnya, serta dalam 100 gram ikan gabus terkandung energi 74 kkal, lemak 1,7 gram, kalsium 62 mg, phosphor 176 mg, besi 0,9 mg (Ulandari et al., 2011). Kegunaan daging ikan gabus tersebut di bidang

kesehatan dapat membantu mempercepat proses penyembuhan luka, ketahanan tubuh, anti nyeri, anti jamur dan anti bakteri. Selain itu, ekstrak ikan gabus juga digunakan sebagai pengganti serum albumin yang biasanya digunakan untuk penyembuhan luka operasi (Guci et al., 2014)

Analisis proteomik pada jaringan otot ikan gabus menunjukkan bahwa kelompok protein utama yang dikandung oleh daging ikan gabus adalah protein enzim yang sebagian besar merupakan protein sarkoplasmid yang bertanggung jawab terhadap aktifitas glikolisis dan hidrolisis ATP dengan demikian enzim tersebut berperan dalam produksi energi dan proses metabolisme. Selain itu terdapat juga kelompok protein struktural atau protein *myofibril*. Berdasarkan tingginya kedua kelompok protein tersebut, maka daging ikan gabus digolongkan ke dalam daging putih (Zuraini et al., 2006).

Ikan gabus memiliki karakteristik farmakologi yang ditunjukkan dengan tingginya kandungan asam amino glisin, lisin, arginin, serta kandungan asam lemak arakidonat, palmitit dan dekosahexanoik (DHA). Asam amino dan asam lemak pada ikan gabus tersebut berperan dalam formasi beberapa jenis molekul bioaktif (Zuraini et al., 2006). Telur ikan gabus memperlihatkan karakteristik properti antioksidan yang lebih tinggi dibandingkan dengan ikan kakap. Kelarutan protein ikan gabus lebih tinggi yaitu mencapai 90% jika dibandingkan dengan ikan *carp* India yang hanya mencapai 50% pada pH alkali (Galla et al., 2012). Kulit ikan gabus juga mengandung gelatin yang kualitasnya lebih baik dari gelatin komersial yang diekstrak dari kulit sapi (*bovine skin*) bahkan memiliki kualitas yang lebih baik dari pada gelatin yang diekstrak dari ikan subtropis (See et al., 2010). Berdasarkan karakteristik protein, asam amino, asam lemak, mineral serta berbagai properti yang dimiliki ikan gabus sangat bermanfaat baik untuk industri pangan maupun industri farmasi.

E. DNA (*Deoxyribo Nucleic Acid*)

DNA (*Deoxyribo Nucleic Acid*) merupakan asam nukleat berbentuk heliks ganda yang mengandung komponen gula deoksiribosa, asam fosfat serta memiliki empat basa nitrogen yang berpasangan, yaitu guanin dalam satu pasang untai dengan sitosin serta adenin dalam satu pasang untai timin. DNA adalah urutan nukleotida yang menyimpan informasi genetik yang diwarisi oleh organisme dari induknya, sehingga dapat membedakan organisme tertentu terhadap organisme yang lain. Informasi genetik tersebut tersusun dalam bentuk kodon yang berupa tiga pasang basa nukleotida dan menentukan bentuk, struktur, maupun fisiologi suatu jasad (Alberts et al., 2008).

Struktur DNA berupa utas ganda tersusun oleh dua rantai polinukleotida yang berpilin. DNA umumnya terdiri atas rantai yang saling berpilin sehingga menjadi *double helix*. Kedua rantai mempunyai orientasi yang berlawanan (antiparalel). Kedua rantai tersebut berikatan dengan adanya ikatan hidrogen antara adenin (A) dengan timin (T), dan antara guanin (G) dengan sitosin (C). Pada struktur DNA gula deoksiribosa dan fosfat berada dibagian luar molekul sedangkan basa purin dan pirimidin terletak dibagian dalam untaian (Kurnia, 2010).

DNA merupakan senyawa yang sangat penting karena DNA membawa informasi biologis yang menentukan struktur protein, sehingga dapat dikatakan bahwa DNA merupakan molekul utama untuk kehidupan. DNA memiliki dua lekukan yaitu lekukan besar (*major groove*) dan lekukan kecil (*minor groove*). Kedua lekukan ini berperan sebagai tempat molekul protein tertentu (Nurhayati & Darmawati, 2017). DNA terdiri atas bagian yang mengkode genetik (ekson), bagian yang tidak mengkode genetik (intron) dan bagian yang mengatur regulasi genetik. Karena fungsinya yang membawa informasi genetik, DNA sangat berguna dalam identifikasi penyakit infeksius, kanker, kelainan genetik, bahkan forensik (Malik et al., 2012).

F. Isolasi/Ekstraksi DNA

Isolasi/ekstraksi DNA merupakan suatu teknik yang digunakan untuk memperoleh DNA murni dengan cara memisahkan DNA dari partikel-partikel lainnya seperti lipid, protein, polisakarida, dan zat lainnya secara mekanik maupun secara kimiawi. Secara mekanik pemecahan dinding sel dapat dilakukan dengan cara pemblenderan atau penggerusan sedangkan secara kimiawi dapat dilakukan dengan penambahan buffer lisis untuk mengeluarkan inti sel yang berisi DNA dan mencegah kerusakan DNA (Faatih, 2009).

Isolasi DNA digunakan untuk kegiatan atau analisis berbasis molekuler dan rekayasa genetika seperti *editing* genom, transformasi dan PCR. Banyak metode isolasi yang dapat digunakan, tetapi pada dasarnya tahapan dari isolasi DNA pada semua bahan dan metode sama, yakni lisis sel atau jaringan yang efektif, denaturasi kompleks nukleoprotein, dan inaktivasi *nuclease*. Untuk isolasi DNA hewan sebaiknya menggunakan sampel yang masih segar karena jaringan hewan membusuk dengan cepat dan menyebabkan kerusakan pada jaringan dalam waktu singkat. Untuk melakukan isolasi DNA hewan dengan menggunakan sampel segar sangat sulit karena harus diawetkan dan disimpan dalam *freezer* (Hariyadi et al., 2018). Hasil isolasi DNA selanjutnya diamplifikasi dengan metode PCR.

G. PCR (*Polymerase Chain Reaction*)

PCR merupakan suatu metode enzimatik dalam bidang biologi molekuler yang bertujuan melipatgandakan secara eksponensial suatu sekuen nukleotida tertentu dengan jumlah kelipatan ribuan hingga jutaan salinan secara *in vitro* dari berbagai sumber (hewan, tumbuhan, bakteri, dan virus). *Polymerase chain reaction* merupakan metode yang selektif, dan cepat dalam menggandakan DNA target yang diinginkan sehingga dari satu pasang molekul DNA dapat diperbanyak menjadi jutaan kali lipat setelah 30 - 40 siklus PCR. Teknologi ini juga dikenal dengan tingkat sensitivitas yang cukup tinggi dengan adanya kontaminasi dalam jumlah yang sangat sedikit sekalipun bisa mengakibatkan terjadinya kesalahan dengan menghasilkan produk amplifikasi yang tidak diharapkan (Budiarto, 2015).

Proses amplifikasi secara enzimatik untuk menggandakan fragmen DNA spesifik dengan teknologi PCR dilakukan secara *in vitro* dengan memakai sepasang primer untai tunggal pendek (primer *forward* dan *reverse*). Primer yang digunakan memiliki ukuran 18 - 24 basa. Primer yang diberikan pada konsentrasi tinggi dapat menyebabkan penempelan pada sekuen DNA yang salah sehingga hasil PCR yang didapatkan tidak seperti yang diharapkan. Jika primer dengan konsentrasi yang rendah, proses PCR tidak dapat berjalan secara efektif, karena hasil amplifikasi yang diperoleh akan sangat sedikit. Komponen-komponen yang diperlukan untuk PCR yaitu fragmen DNA yang akan diamplifikasi (DNA cetakan), sepasang primer oligonukleotida, enzim DNA polymerase yang tahan panas, empat macam nukleotida (dATP, dGTP, dCTP, dan dTTP), serta buffer reaksi yang mengandung $MgCl_2$ (Berg et al., 2007).

Siklus PCR dibagi menjadi 3 tahap yaitu pemisahan utas DNA pada suhu tinggi (denaturasi), penempelan primer, dan pemanjangan primer menjadi utas baru DNA oleh enzim DNA polymerase. Reaksi pelipatgandaan suatu fragmen DNA dimulai dengan melakukan denaturasi DNA template (cetakan) sehingga rantai DNA yang berantai ganda (*double stranded*) akan terpisah menjadi rantai tunggal (*single stranded*). Denaturasi DNA dilakukan pada suhu 94 - 95°C selama satu sampai dua menit, kemudian suhu diturunkan disekitar 55°C (tergantung komposisi G-C pada primer) sehingga primer akan 'menempel' (*annealing*) pada DNA cetakan. Penempelan yang paling baik dapat ditentukan dengan melakukan optimasi (Chen & Janes, 2002). Proses pemanjangan secara umum terjadi pada suhu 72°C dalam waktu yang disesuaikan dengan panjang atau pendeknya ukuran DNA yang diharapkan sebagai produk amplifikasi. Umumnya, waktu yang digunakan untuk ekstensi DNA pada PCR yaitu 2 - 3 menit. Suhu *annealing* merupakan langkah yang kritis pada proses amplifikasi. Jika suhu *annealing* terlalu rendah akan menghasilkan amplifikasi yang tidak

spesifik dan jika temperatur terlalu tinggi maka tidak terjadi amplifikasi. Amplikon, atau hasil amplifikasi DNA dengan PCR dapat dilihat setelah melalui teknik elektroforesis. DNA amplikon diberi pewarna yang akan berfluoresensi ketika dipaparkan pada sinar UV level medium dengan panjang gelombang 300 nm dari UV transilluminator (Watson et al., 2004).

H. DNA *Barcoding*

DNA *barcoding* merupakan suatu teknik identifikasi suatu organisme menggunakan sekuen DNA untuk mempercepat dan mempermudah proses identifikasi. DNA *barcoding* digunakan untuk mengidentifikasi suatu organisme mulai pada tingkat spesies hingga subspecies yang dilakukan secara akurat terhadap berbagai spesies yang sulit untuk dibedakan secara morfologi (Rahayu & Jannah, 2019). DNA *barcoding* mampu memberikan hasil secara cepat dan akurat yang dijadikan sebagai salah satu alternatif pelengkap Gen yang sering digunakan dalam teknik DNA *barcoding* biasanya memakai gen-gen *conserve* pada mitokondria seperti *Cytochrome Oxidase Subunit I* (COI) dan *Cytochrome b* (Cyt.b). *Cytohchrome oxidase subunit I* (COI) pada DNA mitokondria sering dipakai sebagai gen target dikarenakan gen ini berevolusi cepat untuk mengidentifikasi spesies (Lahaye et al., 2008).

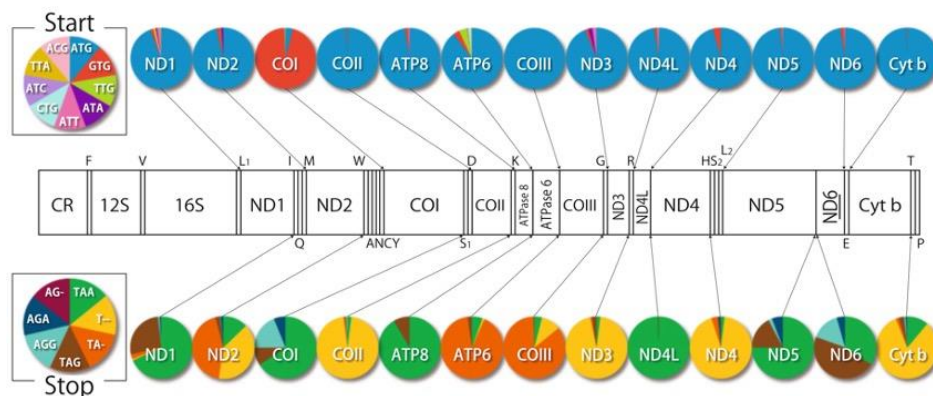
DNA *barcoding* dilakukan dengan menggunakan fragmen sekuen nukleotida. DNA *barcoding* berdasarkan parsial sekuen gen COI merupakan salah satu metode yang banyak digunakan untuk mengidentifikasi spesies ikan. DNA *barcoding* menggunakan sekitar 650 pasang basa dari segmen gen *cytochrome oxidase subunit I* (COI) mitokondria sebagai marka/penanda. Berdasarkan teknik DNA *barcoding*, dapat diketahui asal-usul suatu sumber daya dan dapat dilakukan validasi terhadap asal dari sumber daya tersebut, sehingga suatu daerah dapat melakukan klaim kepemilikan dari komoditas yang diproduksinya (Hebert et al., 2003).

I. Gen *Cytochrome Oxidase Subunit I* (COI)

Gen *Cytochrome Oxidase Subunit I* (COI) merupakan bagian dari DNA mitokondria yang sering digunakan untuk *barcoding* spesies maupun subspecies. Menurut Avise et al. (1987) menyatakan bahwa hubungan kekerabatan dapat dianalisis secara filogenik menggunakan DNA mitokondria. *Cytohchrome Oxidase Subunit I* (COI) pada DNA mitokondria dipakai sebagai gen target dikarenakan gen ini berevolusi cepat untuk mengidentifikasi spesies. Gen COI mengalami sangat sedikit delesi dan insersi dalam sekuennya, serta memiliki variasi yang juga sedikit sehingga dapat digunakan sebagai DNA *barcoding* (Hebert et al., 2003).

Gen COI merupakan satu dari dua gen yang mengkode protein yang dapat ditemukan di semua eukariot. Gen *Cytochrome Oxidase Subunit I* (COI) memiliki laju mutasi asam amino yang sangat rendah dengan sekuen DNA yang terkonservasi tinggi di dalam spesies yang sama (Lambert et al., 2005). DNA yang digunakan sebagai *barcode* harus memiliki ukuran yang pendek tetapi memiliki variasi yang tinggi diantar spesies, dan harus bisa mengakomodir 10 - 100 juta spesies. Berdasarkan karakter tersebut, gen COI cukup efisien dan akurat digunakan dalam mengidentifikasi spesies eukariot (Hollingsworth, 2011).

Gen *Cytochrome Oxidase Subunit I* (COI) telah banyak digunakan untuk identifikasi spesies dan berbagai hasil penelitian menunjukkan bahwa COI mengandung cukup variasi sehingga mampu mengidentifikasi secara akurat berbagai macam hewan. Efektifitas COI telah divalidasi untuk bermacam kelompok fauna dan sebagian besar jenis fauna yang diteliti bisa dibedakan menggunakan DNA *barcode*. Efektifitas ini disebabkan oleh variasi intraspesifik yang rendah, tetapi variasi interspesifiknya tinggi terutama pada taksa yang berdekatan. Identifikasi molekuler dengan menggunakan marka COI dapat memberikan informasi kekerabatan antar spesies untuk mengkonstruksi pohon filogeni (Ward et al., 2005).



Gambar 3. Posisi gen COI di dalam DNA mitokondria ikan (Satoh et al., 2016)

Gen COI dapat digunakan dalam merekonstruksi filogenetik pada cabang evolusi tingkat spesies karena susunan asam amino dari protein yang disandi pada gen *Cytochrome Oxidase Subunit I* (COI) sangat jarang mengalami substitusi sehingga gen COI bersifat stabil dan dapat digunakan sebagai penanda, namun basa-basa pada triple kodonnya masih berubah dan bersifat silent yaitu perubahan basah yang tidak merubah jenis asam amino (Lynch & Jarrell, 1993).