

SKRIPSI

**IDENTIFIKASI FILOGENETIK *STRIPED SNAKEHEAD*
MENGUNAKAN GEN *CYTOCHROME OXIDASE I (COI)* SUNGAI
TAMUKU KABUPATEN LUWU UTARA**

Disusun dan diajukan oleh:

FAJRIATI SYAHRUL

L021181023



**PROGRAM STUDI MANAJEMEN SUMBERDAYA PERAIRAN
DEPARTEMEN PERIKANAN
FAKULTAS ILMU KELAUTAN DAN PERIKANAN
UNIVERSITAS HASANUDDIN
MAKASSAR
2023**

**IDENTIFIKASI FILOGENETIK *STRIPED SNAKEHEAD* MENGGUNAKAN
GEN *CYTOCHROME OXIDASE I (COI)* SUNGAI TAMUKU KABUPATEN
LUWU UTARA**

FAJRIATI SYAHRUL

L021181023

SKRIPSI

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



**PROGRAM STUDI MANAJEMEN SUMBERDAYA PERAIRAN
DEPARTEMEN PERIKANAN
FAKULTAS ILMU KELAUTAN DAN PERIKANAN
UNIVERSITAS HASANUDDIN
MAKASSAR
2023**

LEMBAR PENGESAHAN

**IDENTIFIKASI FILOGENETIK *STRIPED SNAKEHEAD*
MENGUNAKAN GEN *CYTOCHROME OXIDASE I (COI)* SUNGAI TAMUKU
KABUPATEN LUWU UTARA**

Disusun dan diajukan oleh

**FAJRIATI SYAHRUL
L021181023**

Telah dipertahankan dihadapan panitia ujian yang dibentuk dalam rangka
Penyelesaian Studi Program Sarjana Program Studi Manajemen Sumberdaya
Perairan Fakultas Ilmu Kelautan dan Perikanan Universitas Hasanuddin


Pada tanggal 21 November 2023


dan dinyatakan telah memenuhi syarat kelulusan

Menyetujui,

Pembimbing Utama,

Pembimbing Pendamping,


Dr. Irmawati, S.Pi., M.Si.
NIP. 19700516 199603 2002


Asmi Citra Malina, S.Pi., M.Agr., Ph.D.
NIP. 19721228 200604 2001

Mengetahui,

Ketua program studi,
Manajemen Sumberdaya Perairan
Universitas Hasanuddin


Dr. Sri Wahyuni Rahim, S.T., M.Si.
NIP. 19750915 200312 2 002

PERNYATAAN KEASLIAN

Yang bertanda tangan di bawah ini:

Nama : Fajriati Syahrul
NIM : L021 18 1023
Program Studi : Manajemen Sumber Daya Perairan
Jenjang : S1

Menyatakan dengan ini bahwa karya tulisan saya berjudul :

“Identifikasi Filogenetik *Striped snakehead* Menggunakan Gen *Cytochrome Oxidase I (COI)* Sungai Tamuku Kabupaten Luwu Utara”

Adalah karya tulisan 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 November 2023

yang Menyatakan



Fajriati Syahrul

PERNYATAAN AUTHORSHIP

Saya yang bertanda tangan di bawah ini:

Nama : Fajriati Syahrul
NIM : L021 18 1023
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 November 2023

Mengetahui,
Ketua Program Studi



Dr. Sri Wahyuni Rahim, S.T., M.Si.
NIP. 19750915 200312 2 002

Penulis



Fajriati Syahrul
L021 18 1023

ABSTRAK

Fajriati Syahrul, L021181023 “Identifikasi Filogenetik *Striped snakehead* Menggunakan Gen *Cytochrome Oxidase I* (COI) Sungai Tamuku Kabupaten Luwu Utara” dibimbing oleh **Irmawati** sebagai pembimbing utama dan **Asmi Citra Malina** sebagai pembimbing pendamping.

Striped snakehead (*Channa striata*) adalah ikan ekonomis penting di Sulawesi Selatan. Salah satu informasi penting *Cytochrome oxidase I* (COI) atau DNA *barcode* telah banyak mendapat perhatian dan banyak digunakan oleh ahli ekologi dalam mengidentifikasi satu spesies dari suatu spesimen. Penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi dan mengkarakterisasi ikan gabus spesies (*Channa striata*) serta menganalisis haplotype, rekonstruksi filogenetik dan jarak genetik ikan gabus menggunakan DNA *barcoding* di Sungai Tamuku Kabupaten Luwu Utara. Hasil penelitian ini diharapkan dapat menjadi *database* ikan gabus dimasa yang akan datang. *C. striata* liar dari Sungai Tamuku Kabupaten Luwu utara dianalisis menggunakan gen COI mitokondria untuk identifikasi dan analisis keragaman genetik. Identifikasi dilakukan secara molekuler menggunakan marka DNA mitokondria *Cytochrome Oxidase Subunit I* (*mtDNA COI*). Menggunakan primer *FishF2* dan *FishR2*. 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 menggunakan program *DnaSP* ver. 6.12.03. Penelitian ini berhasil mengisolasi parsial sekuen gen COI sepanjang 687 bp tujuh spesimen ikan gabus parsial sekuen gen COI tersebut mengcover 94 – 99% basa nukleotida *C. striata* yang terdeposit di *GeneBank* dengan persentase similaritas >98%. Genotipe dengan persen similaritas $\geq 98\%$ menegaskan bahwa ikan gabus pada penelitian ini adalah *C. striata*. Terdapat 684 bp (99.56%) situs yang terkonversi, dua situs *polimorfik*, dua situs *indel (insersi-delesi)*, dua situs *parsimony*, dan tidak terdapat situs *singleton*. Genotipe ikan gabus di Sungai Tamuku Luwu Utara membentuk enam *haplotype*. Gen *mt-COI* ikan gabus pada penelitian ini cenderung menggunakan AT lebih besar dibandingkan dengan GC, yaitu berkisar 53,28 – 53,58%, sedangkan GC hanya berkisar 46,42 – 46,71%. Persentase GC pada posisi kodon pertama sekitar 45%, kodon kedua sekitar 39% dan kodon ketiga berkisar 50%. Pola komposisi nukleotida gen COI *C. striata* sama dengan pola komposisi nukleotida *Teleostei*, bahkan *superclass Pisces* pada umumnya yaitu T>C>A>G.

Kata kunci: *Channa striata*, DNA, COI, *Haplotype*, *Phylogenetic*

ABSTRACT

Fajriati Syahrul, L021181023 "Phylogenetic Identification of Striped snakehead Using Cytochrome Oxidase I (COI) Gene of Tamuku River, North Luwu Regency" was guided by **Irmawati** as the main supervisor and **Asmi Citra Malina** as the companion supervisor.

The striped snakehead (*Channa striata*) is an economically important fish in South Sulawesi. Cytochrome oxidase I (COI) or DNA barcodes have received a lot of attention and are widely used by ecologists in identifying a species from a specimen. This study aims to identify and characterize snakehead fish species (*Channa striata*) and analyze haplotype, phylogenetic reconstruction and genetic distance of snakehead fish using DNA barcoding in the Tamuku River, North Luwu Regency. The results of this study are expected to become a *database* of snakehead fish in the future. Wild *C. striata* from the Tamuku River, northern Luwu County, was analyzed using mitochondrial COI genes for identification and analysis of genetic diversity. Identification was carried out molecularly using mitochondrial DNA markers *Cytochrome Oxidase Subunit I (mtDNA COI)*. Using *FishF2* and *FishR2* primers. Reconstruction of phylogeny tree based on *Maximum Likelihood* using a *2-parameter Kimura model with bootstrap 1000 repetitions analyzed with* MEGA (Molecular Evolutionary Genetics Analysis) software ver. 10.1.1. Analysis of genetic variation using the *DnaSP* program ver. 6.12.03. This study succeeded in isolating the partial sequence of the COI gene along 687 bp, seven partial snakehead fish specimens, the COI gene sequence covered 94-99% of the nucleotide bases *C. striata* deposited in *GeneBank* with a similarity percentage of >98%. Genotype with percent similarity ≥98% confirmed that snakehead fish in this study was *C. striata*. There were 684 bp (99.56%) converted sites, two *polymorphic sites*, two indel sites (insertion-deletion), two *parsimony sites*, and no singleton sites. The genotype of snakehead fish in North Luwu Tamuku Village forms six *haplotypes*. The *snakehead fish mt-COI* gene in this study tended to use greater AT than GC, which ranged from 53.28 – 53.58%, while GC only ranged from 46.42 – 46.71%. The percentage of GC at the position of the first codon is about 45%, the second codon is about 39% and the third codon is about 50%. The nucleotide composition pattern of the *C. striata COI gene* is the same as the nucleotide composition pattern of *Teleostei*, even the *Pisces superclass* in general, namely T>C>A>G.

Key words: *Channa striata*, DNA, COI, Haplotype, Phylogenetic

BIODATA PENULIS



Fajriati Syahrul dilahirkan di Makassar, pada tanggal 6 November 1999 dan merupakan anak bungsu dari dua bersaudara dari pasangan Ayahanda Alm. Syahrul Syam dan Ibunda Ratna. Penulis memulai Pendidikan di SDN. Parangtambung 1 Makassar dan lulus pada tahun 2012, kemudian melanjutkan Pendidikan di SMPN 18 Makassar dan lulus pada tahun 2015, kemudian melanjutkan Pendidikan di SMAN 11 Makassar dan lulus pada tahun 2018. Penulis melanjutkan jenjang Pendidikan pada perguruan tinggi negeri melalui jalur SNMPTN dan diterima di Universitas Hasanuddin Fakultas Ilmu Kelautan dan Perikanan, Departemen Perikanan Program Studi Manajemen Sumber Daya Perairan. Selama menjalani proses perkuliahan, penulis pernah menjadi asisten laboratorium Invertebrata Akuatik dan koordinator asisten laboratorium Genetika Populasi. Pada bidang organisasi penulis aktif dalam mengikuti kegiatan unit mahasiswa lingkup universitas dan fakultas, menjadi Badan Pengurus Harian KMP MSP KEMAPI FIKP UNHAS periode 2020. Penulis menyelesaikan rangkaian tugas akhir yaitu Kuliah Kerja Nyata (KKN) Tematik “Peningkatan Peran Mahasiswa KKN UNHAS Dalam Mewujudkan Masyarakat Sehat Ekonomi Bangkit di Masa Pandemi Covid-19 Tahun 2021” Gelombang 106 di Kecamatan Tamalanrea pada tahun 2021. Penulis melakukan penelitian dengan judul “Identifikasi Filogenetik *Striped snakehead* Menggunakan Gen *Cytochrome Oxidase I* (COI) Sungai Tamuku Kabupaten Luwu Utara”

KATA PENGANTAR

Bismillahirrohmanirrohim

Alhamdulillah segala puji bagi Allah atas segala nikmat, rahmat dan karunianya. Shalawat menyertai salam tak lupa penulis haturkan kepada Rasulullah Shallallahu Alaihi Wasallam. Tentu atas berkat rahmat-Nya lah sehingga penulis dapat menyelesaikan pembuatan skripsi **Identifikasi Filogenetik *Striped snakehead* Menggunakan Gen *Cytochrome Oxidase I (COI)* Sungai Tamuku Luwu Utara**. Penulisan skripsi ini merupakan salah satu syarat memperoleh gelar Sarjana Perikanan pada Fakultas Ilmu Kelautan dan Perikanan, Universitas Hasanuddin.

Dalam penyusunan skripsi ini, penulis menyadari tidak terlepas dari bantuan dan dukungan serta doa dari banyak pihak. Oleh karena itu, penulis dengan sepenuh hati mengucapkan banyak terima kasih kepada:

1. Dr. Irmawati, S.Pi, M.Si. sebagai pembimbing utama sekaligus penasehat akademik dan Dr. Asmi Citra Malina, S.Pi, M.Agr selaku pembimbing pendamping yang telah banyak mencurahkan tenaga, pikiran, dan waktunya, yang telah memberikan arahan dan saran dalam proses pembuatan skripsi ini.
2. Prof. Dr. Ir. Joeharnani Tresnati, DEA sebagai dosen penguji dan Dr. Ir. Dewi Yanuarita, M.Si sebagai dosen penguji yang telah meluangkan waktunya untuk memberikan arahan, saran dan masukan.
3. Civitas akademika, Fakultas Ilmu Kelautan dan Perikanan Universitas Hasanuddin
4. Orang tua tercinta Ayahanda Alm. Syahrul Syam dan Ibu Ratna atas segala doa dan dukungan yang tak henti. Terima kasih atas kepercayaan yang telah diberikan kepada penulis selama masa perkuliahan.
5. Saudari Suci Syafitri selaku wali penulis yang telah memberikan dukungan secara moril dan materil kepada penulis.
6. Kepada seluruh kawan-kawan MSP 18 dan seluruh warga KMP MSP KEMAPI FIKP UNHAS yang telah memberi dukungan kepada penulis.
7. Taklupa penulis ucapkan banyak terimakasih kepada saudara Nurmala Sari, Suciati, Hikma, Rugaila, Nurasmi, Afifah, Khaerunnisa, Rislamia, Lorensia, A. Shavira, Rini, dan Reski serta semua pihak yang ikut membantu.

Makassar, 21 November 2023



Fajriati Syahrul

DAFTAR ISI

Nomor	Halaman
LEMBAR PENGESAHAN	Error! Bookmark not defined.
PERNYATAAN KEASLIAN	Error! Bookmark not defined.
PERNYATAAN AUTHORSHIP	i
ABSTRAK	iv
BIODATA PENULIS	vi
KATA PENGANTAR	vii
DAFTAR ISI	viii
DAFTAR GAMBAR	x
DAFTAR TABEL	xi
I. PENDAHULUAN	1
A. Latar Belakang	1
B. Tujuan dan Kegunaan	2
II. TINJAUAN PUSTAKA	4
A. Keanekaragaman Jenis Ikan	4
B. Ikan Introduksi	4
C. Ikan Gabus	4
1. Klasifikasi dan Morfologi Ikan gabus (<i>Channa striata</i>)	4
2. Distribusi dan Habitat Ikan Gabus.....	5
D. DNA (<i>Deoxyribo Nucleic Acid</i>).....	6
E. DNA <i>Barcoding</i>	6
F. PCR (<i>Polymerase Chain Reaction</i>)	7
G. COI (<i>Cytochrome Oxidase Subunit I</i>)	7
H. Evolusi.....	8
I. Filogenetik	8
III. METODE PENELITIAN	9
A. Waktu dan Tempat	9
B. Prosedur Penelitian	9
1. Ikan Sampel	9
2. Ekstraksi DNA Genom Ikan Gabus.....	10
3. Amplifikasi DNA Genom	10
4. Sekuensing DNA dan Editing Hasil.....	11
C. Parameter yang Dianalisis	11
D. Analisis Data	12
IV. HASIL	13
A. Identifikasi Molekuler Ikan Gabus (<i>Channa striata</i> , Bloch 1793).....	13
B. Variasi Genetik dan Haplotype Ikan Gabus (<i>Channa striata</i> , Bloch 1793) .	13
C. Komposisi Basa Nukleotida dan Asam Amino	15
D. Rekonstruksi Pohon Filogenetik dan Jarak Genetik Ikan Gabus (<i>Channa striata</i> , Bloch 1793).....	15
V. PEMBAHASAN	17

A.	Variasi Genetik Dan <i>Haplotype</i> Ikan Gabus (<i>Channa striata</i> , Bloch 1793)	18
B.	Komposisi Basa Nukleotida dan Asam Amino	19
VI.	KESIMPULAN DAN SARAN.....	22
A.	Kesimpulan.....	22
B.	Saran.....	22

DAFTAR GAMBAR

Nomor	Halaman
1.	Ikan gabus (<i>Channa striata</i>) (Sumber: Koleksi Pribadi)4
2.	Lokasi penelitian perairan umum kota Makassar9
3.	Evolusi <i>haplotype</i> mtDNA COI <i>C. Striata</i> Sungai Tamuku Kabupaten Luwu Utara 16
4.	<i>Haplotype</i> Pohon filogenetik ikan gabus (<i>Channa striata</i> , Bloch 1793) Sungai Tamuku Kabupaten Luwu Utara 16

DAFTAR TABEL

Nomor	Halaman
1.	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 13
2.	Variasi genetik ikan gabus (<i>Channa striata</i>) dari Sungai Tamuku Kabupaten Luwu Utara 14
3.	Variasi basa nukleotida, komposisi kandungan GC dan AT (%), serta komposisi GC (%) disetiap posisi kodon gen COI <i>Channa striata</i> 14
4.	Komposisi asam amino ikan gabus (<i>Channa striata</i>) dari Sungai Tamuku Kabupaten Luwu Utara 15

I. PENDAHULUAN

A. Latar Belakang

Ikan gabus (*Channa striata*) atau biasa disebut dengan *snakehead fish* merupakan jenis ikan karnivora air tawar yang banyak dijumpai di perairan darat (Yulisman *et al.* 2012). Ikan gabus merupakan salah satu ikan introduksi di perairan Sulawesi dan Papua yang banyak ditemukan di rawa-rawa, sawah, genangan, parit, danau dan sungai (Irmawati *et al.* 2017). Toleran terhadap air busuk dan mampu bergerak di darat, *C. striata* telah dianggap sebagai *snakehead* yang paling mudah beradaptasi (Lee & Ng 1991). Ikan ini mampu beradaptasi terhadap kondisi oksigen rendah karena memiliki organ pernafasan tambahan yang disebut labirin (Zainuddin *et al.* 2017), dengan demikian ikan gabus dapat bertahan hidup dalam kondisi lembab di luar air dalam jangka waktu yang lama atau bermigrasi di lahan basah (Amilhat & Lorenzen 2005).

Ikan gabus merupakan ikan liar predator tawar, bernilai ekonomis penting dan dapat diupayakan menjadi ikan peliharaan (Sinaga *et al.* 2000). Ikan gabus kaya akan albumin, asam lemak, asam amino, dan mineral (Mustafa *et al.* 2012). Menurut Chasanah *et al.* 2015 *C. striata* banyak digunakan sebagai sumber bahan baku produk suplemen karena memiliki kandungan protein yang merupakan sumber nutrisi dan juga memiliki sifat fungsional yang penting untuk kesehatan. Dalam dunia kedokteran, ikan gabus dikenal sebagai *medicinal freshwater fish*, guna mempercepat proses penyembuhan luka pasca operasi karenakan tingginya kandungan albumin pada ikan gabus (Alviodinasyari *et al.* 2019). Selain itu, ikan ini dimanfaatkan sebagai ikan hias, *snakehead* ukuran kecil (anakan) memiliki corak tubuh oranye terang sehingga banyak dimanfaatkan sebagai ikan hias dalam akuarium, yang memiliki harga jual tinggi (Dars *et al.* 2012). Beberapa negara di Asia Tenggara, terutama di Indonesia memanfaatkan sebagai komoditas penting yang bernilai tinggi dengan kisaran harga Rp. 50,000 – Rp. 80,000 per Kg (Yulisman *et al.* 2012).

Mengingat kemampuan adaptasinya yang kuat untuk bertahan hidup di perairan keruh, dan tingginya nilai manfaat ikan gabus menyebabkan pemanfaatan ikan gabus sebagai sumber bahan makanan masyarakat mulai dari ukuran benih sampai ukuran dewasa semakin meningkat seiring dengan meningkatnya jumlah penduduk (Muslim, 2019). 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>). Tingginya angka hasil tangkap dan kenaikan produksi ikan gabus mengindikasikan terjadi eksploitasi spesies *C. Striata* dan dikhawatirkan akan terjadi

penurunan populasinya di alam dan efek gabungan dari perubahan iklim dan cekaman antropogenik (Arthington *et al.* 2016; Irmawati *et al.* 2019). Selain itu *C. striata* telah menjadi ancaman signifikan bagi banyak daerah subtropis dan tropis sejak diperkenalkan. Spesies ini telah menginvasi Filipina, Indonesia, Madagaskar, Taiwan, Jepang, Hawaii, Amerika Serikat dan beberapa wilayah lainnya (Courtenay dan Williams 2004). Dengan demikian, kondisi ini perlu mendapat perhatian serius karena dikenal sebagai salah satu ikan predator air tawar yang berpotensi sebagai ikan asing invasiv di suatu ekosistem perairan yang didiami (Syafei *et al.* 2018). Sehingga perlu dilakukannya identifikasi untuk menganalisis komposisi spesies *Channa striata* (Nasution, 2012).

Studi morfometrik dan meristik digunakan untuk identifikasi dan klasifikasi ikan (Bagenal & Tesch 1978; Jayaram 1999; Hossen *et al.* 2016). Selain identifikasi secara morfologi, saat ini *Cytochrome oxidase I* (COI) atau DNA *barcode* telah banyak mendapat perhatian dan banyak digunakan oleh ahli ekologi tidak hanya untuk identifikasi satu spesies dari suatu spesimen, akan tetapi juga digunakan untuk identifikasi dan menganalisis komposisi spesies dari sisa-sisa organisme yang berasal dari lingkungan (Valentini *et al.* 2009). DNA *barcode* merupakan runutan DNA pendek dengan ukuran ± 650 bp (Prasanna *et al.* 2011). Menurut Hebert *et al.* (2003) dan Ward *et al.* (2009), DNA *barcode* dapat digunakan untuk mengidentifikasi spesies secara cepat dan akurat dengan membandingkan data DNA yang sudah tersimpan di *GeneBank*. DNA *barcode* telah berhasil digunakan dalam berbagai penelitian untuk mengungkapkan kekerabatan berbagai spesies, seperti penelitian Irmawati *et al.* (2022; 2017) (Afrisal *et al.* 2018) tentang rekonstruksi filogenetik, evolusi, dan keragaman nukleotida ikan gabus (*Channa striata*) *wild* dan domestikasi di Kawasan Wallacea dan biodiversitas Mugilidae dari Indo-Australia (Erwan *et al.* 2020). Conte - Grand *et al.* (2017) telah melakukan revisi data nukleotida yang tidak konsisten di *GeneBank* yang berpotensi menimbulkan misidentifikasi ikan gabus.

Penelitian mengenai identifikasi dan analisis filogenetik ikan gabus dari famili Channidae di Sulawesi Selatan khususnya di Luwu Utara hingga saat ini belum pernah dilakukan. Secara morfologi, Identifikasi penentuan kekerabatan hubungan filogenetik, jarak genetik, dan analisis komposisi jenis membutuhkan waktu yang lama dan memiliki bias yang tinggi, sehingga diperlukan identifikasi molekuler, salah satunya menggunakan DNA *barcoding*.

B. Tujuan dan Kegunaan

Penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi dan mengkarakterisasi ikan gabus spesies (*Channa striata*) serta menganalisis haplotype, evolusi, rekonstruksi filogenetik

dan jarak genetik ikan gabus menggunakan DNA *barcoding* di Sungai Tamuku Kabupaten Luwu Utara. Hasil penelitian ini diharapkan dapat menjadi *database* ikan gabus dimasa yang akan datang.

II. TINJAUAN PUSTAKA

A. Keanekaragaman Jenis Ikan

Indonesia mempunyai tingkat keanekaragaman jenis ikan yang tinggi, baik di perairan tawar maupun laut. Hampir disetiap pulau terdapat jenis ikan endemik. Namun, keanekaragaman jenis yang tinggi tersebut terancam oleh berbagai faktor sehingga tidak mudah untuk menjaganya. Salah satu ancaman terhadap kelangsungan keanekaragaman jenis ikan Indonesia adalah ikan introduksi yang dimasukkan ke Indonesia dengan beragam alasan, antara lain sebagai ikan hias, ikan konsumsi, dan untuk tujuan tertentu lainnya. Selain itu, beberapa ikan introduksi tersebut mampu beradaptasi dengan baik di perairan kita, bahkan telah menjadi invasif sehingga mampu menggeser keseimbangan populasi ikan lokal. Sangat dikhawatirkan fenomena ini dapat memusnahkan beberapa ikan lokal dan endemik Indonesia (Dewantoro, & Rachmatika. 2016).

B. Ikan Introduksi

Ikan asing atau introduksi adalah suatu jenis ikan yang bukan berasal dari habitat asli atau daerah sebaran zoogeografisnya. Ikan asing didefinisikan sebagai ikan yang tempat hidup alaminya bukan berasal dari Indonesia. Keberadaannya disuatu wilayah dapat diakibatkan oleh campur tangan manusia secara sengaja ataupun tidak sengaja (Dewantoro, & Rachmatika. 2016).

Ikan gabus merupakan jenis ikan air tawar dari famili Channidae yang distribusinya meliputi China, India, Sri Lanka, Thailand, Malaysia, Indonesia, dan Filipina (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.

C. Ikan Gabus

1. Klasifikasi dan Morfologi Ikan gabus (*Channa striata*)

Ikan gabus dalam taksonomi menurut Anggraini, (2018). dapat diklasifikasikan sebagai berikut: Kingdom Animalia, Filum Chordata, Kelas Actinopterygii, Ordo Perciformes, Familia Channidae, Genus *Channa*, Species *Channa striata* (Bloch, 1793).



Gambar 1. Ikan gabus (*Channa striata*) (Sumber: Koleksi Pribadi).

Tubuh ikan gabus umumnya berwarna coklat sampai hitam pada bagian atas dan coklat muda sampai keputih-putihan pada bagian perut (Listyanto & Andriyanto, 2009). Bentuk kepala yang menyerupai kepala ular yang ditutupi sisik. Oleh karena itulah, ikan gabus dijuluki *snakehead* (Alviodinasyari *et al.* 2019). Sisi atas tubuh ikan gabus dari kepala hingga ke ekor berwarna gelap, hitam kecoklatan atau kehijauan. Sisi bawah tubuh berwarna putih mulai dagu ke belakang. Sisi samping bercoret tebal dan agak kabur, warna tersebut seringkali menyerupai lingkungan sekitarnya. Mulut ikan gabus besar, dengan gigi - gigi yang tajam. Sirip punggung memanjang dengan sirip ekor membulat dibagian ujungnya (Listyanto & Andriyanto, 2009).

2. 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 didalam lumpur dan hidup dengan memanfaatkan lemak yang tersimpan didalam tubuhnya. Ikan gabus juga mampu bergerak dalam jarak yang jauh saat musim kemarau untuk mencari sumber air (Yulisman *et al.* 2012). Ikan gabus tinggal di dasar perairan pada siang hari dan dipermukaan pada malam hari. Daerah pemijahan ikan gabus merupakan daerah yang banyak ditumbuhi rumput atau tanaman air (Maiti & Bidinger, 2020).

D. DNA (*Deoxyribo Nucleic Acid*)

DNA merupakan suatu molekul yang membawa semua informasi tentang kehidupan didalam kromosom. DNA umumnya terdiri atas rantai yang saling berpilin sehingga menjadi double helix. Kedua rantai berikatan dengan adanya ikatan hidrogen antara basa adenin dengan timin, dan antara guanin dengan sitosin (Asadatun *et al.* 2011).

Struktur DNA berupa utas ganda tersusun oleh dua rantai polinukleotida yang berpilin. Kedua rantai mempunyai orientasi yang berlawanan (antiparalel). Kedua rantai tersebut berikatan dengan adanya ikatan *hydrogen* antara adenin (A) dengan timin (T), dan antara guanin (G) dengan sitosin (C). Ikatan antara adenin (A) dengan timin (T) berupa dua ikatan *hydrogen* sedangkan antara guanin (G) dengan sitosin (C) berupa tiga ikatan *hydrogen*. Spesifitas pasangan basa semacam ini disebut sebagai komplementaritas (Kurnia, 2010).

E. DNA *Barcoding*

DNA *barcoding* merupakan metode yang berdasarkan perbedaan urutan pendek DNA sekitar 650 bp (Ward *et al.* 2005) yang digunakan untuk mengidentifikasi spesies secara cepat dan akurat (Meier *et al.* 2006). Ruas DNA yang bisa digunakan untuk sistem tersebut harus terstandarisasi. *Barcode* DNA juga menjadi salah satu alternatif pelengkap atau komplemen yang dapat memperkuat identifikasi morfologi secara cepat dan akurat (Lahaye *et al.* 2008). *Barcode* DNA menjanjikan beberapa manfaat, antara lain mengenali spesies, memastikan keamanan pangan, mengidentifikasi fase larva yang berbeda dengan fase dewasa, mengontrol hama pertanian, dan melacak asal usul vektor penyakit dan serangan hama pada suatu area (Syafrina, 2011).

Teknik DNA *barcoding* dapat menyediakan sebuah “barkode biologi” dari urutan pendek DNA yang distandarisasi untuk mengenali suatu spesies. Ide penggunaan *barcoding* ditujukan untuk membedakan spesies dan mengidentifikasi spesimen yang sulit dikenali, seperti fase larva, potongan organ maupun material yang mengalami pemrosesan, dengan menggunakan sekuens gen yang cukup pendek Gen *Sitokrom Oksidase Subunit 1* yang dikenal sebagai COI, merupakan salah satu gen dalam genom mitokondria (*mtDNA*) yang sekuensnya biasa digunakan sebagai barcode. Perkembangan literatur tentang *barcode* DNA menunjukkan bahwa sebuah fragmen pendek COI dapat digunakan sebagai penanda variasi yang secara akurat dapat mengidentifikasi berbagai macam hewan sampai tingkat spesies dan merekonstruksi filogenetik pada cabang evolusi tingkat spesies (Purnamasari *et al.* 2016).

F. PCR (*Polymerase Chain Reaction*)

PCR merupakan suatu metode yang digunakan untuk melipat gandakan suatu molekul DNA secara cepat dan mudah. Analisis molekul DNA dengan PCR ini, akan dilanjutkan dengan pemisahan fragmen DNA menggunakan gel elektroforesis untuk memisahkan molekul DNA, RNA dan molekul protein menggunakan arus listrik dipermukaan gel matriks (Aslinda dan Ahmad, 2016), sehingga dari satu pasang molekul DNA dapat diperbanyak menjadi jutaan kali lipat setelah 30-40 siklus PCR (Chambell *et al.* 2002). Komponen-komponen yang dibutuhkan 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 MgCl₂. Alat ini mampu secara cepat mengubah temperatur yang dibutuhkan untuk siklus berulang (Berg *et al.* 2007; Nelson & Cox, 2008).

Siklus PCR dibagi menjadi tiga tahap yaitu pemisahan utas DNA pada suhu tinggi (*denaturasi*), penempelan primer (*annealing*), dan pemanjangan primer (*elongasi*) menjadi utas baru DNA oleh enzim DNA polimerase. Reaksi pelipat gandaan 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. Proses pemanjangan secara umum terjadi pada suhu 72 °C (Chen & Janes, 2000).

G. COI (*Cytochrome Oxidase Subunit I*)

Region Cytochrome Oxidase Subunit I (COI) adalah salah satu penyandi protein yang terdapat pada DNA Mitokondria. Situs *Cytochrome Oxidase Subunit I* (COI) merupakan salah satu gen yang banyak digunakan sebagai penanda genetik untuk mempelajari keragaman jenis dan hubungan kekerabatan diantara kelompoknya (intraspesies) maupun kelompok lainnya (interspesies) (Wibowo, 2012). Region COI telah umum digunakan sebagai penanda genetik pada studi populasi. Hal ini karena gen COI memiliki laju mutasi yang cukup tinggi sehingga dapat memperlihatkan perbedaan antar populasi atau bahkan antar individu dalam satu spesies (Bucklin *et al.* 2003).

Gen COI merupakan salah satu marka molekuler yang digunakan untuk mengidentifikasi suatu spesies (Ward *et al.* 2005). Gen COI memiliki urutan basa nukleotida yang bersifat konservatif dan hanya sedikit mengalami variasi, delesi, dan

insersi (Hebert *et al.* 2003), sehingga banyak digunakan untuk teknik DNA *barcoding*. Penelitian ini dilakukan untuk mendapatkan sekuens nukleotida gen COI melalui teknik DNA *barcoding* yang kemudian dapat digunakan untuk menentukan kekerabatan genetik ikan (Octrianie, 2018).

H. Evolusi

Evolusi adalah perubahan sifat-sifat yang diwariskan dari satu generasi ke generasi berikutnya dalam suatu populasi. Sifat baru dapat diperoleh dari perubahan gen akibat mutasi ataupun transfer gen antarpopulasi dan antarspesies. Pada spesies yang bereproduksi secara seksual, kombinasi gen yang baru juga dihasilkan oleh rekombinasi genetika, yang dapat meningkatkan variasi antarorganisme. Evolusi terjadi ketika perbedaan-perbedaan terwariskan ini menjadi lebih umum atau langka dalam suatu populasi. Evolusi didorong oleh dua mekanisme utama, yaitu seleksi alam dan hanyutan gen (*genetic drift*). Seleksi alam merupakan sebuah proses yang menyebabkan sifat terwariskan yang berguna untuk keberlangsungan hidup dan reproduksi organisme menjadi lebih umum dalam suatu populasi, dan sebaliknya, sifat yang merugikan menjadi lebih berkurang. Hal ini terjadi karena individu dengan sifat-sifat yang menguntungkan lebih berpeluang besar bereproduksi, sehingga lebih banyak individu pada generasi selanjutnya yang mewarisi sifat-sifat yang menguntungkan ini (Irmawati, 2016).

I. Filogenetik

Filogenetik merupakan studi yang membahas tentang hubungan antara organisme berdasarkan penelusuran hubungan evolusi, sejarah kehidupan suatu spesies dan kekerabatannya. Pohon filogenetik mampu menggambarkan hubungan antara spesies dengan moyang terakhir yang paling dekat dengan spesies yang dibandingkan sehingga dapat diketahui kedekatan suatu spesies dengan spesies lainnya (Alviodinasyari *et al.* 2019) / (Afryani *et al.* 2014). Filogenetik terdiri atas tiga pola evolusi yaitu *monophyletic*, *paraphyletic*, dan *polyphyletic*. *Monophyletic* adalah pola evolusi yang mengandung suatu kelompok atau populasi yang seluruh kelompok atau anggota dan keturunannya berasal dari leluhur atau garis tetua yang sama (Cracraft 1982), sedangkan *paraphyletic* adalah pola evolusi yang mengandung suatu kelompok atau populasi yang terdiri dari individu yang berasal dari leluhur yang sama, akan tetapi hanya beberapa keturunannya yang berasal dari garis tetua yang berbeda, dan *polyphyletic* merupakan pola evolusi yang mengandung berbagai kelompok atau populasi yang tidak berasal dari leluhur yang sama (Omland *et al.* 2008).