



## IDENTIFIKASI GENETIK IKAN GABUS ASAL MERAUKE DENGAN MENGGUNAKAN FRAGMEN GEN SITOKROM OKSIDASE SUB UNIT I

Muhammad Dailami<sup>1\*</sup>, Ating Yuniarti<sup>2</sup>, Dandi Saleky<sup>3</sup>, & Abdul Hamid A. Toha<sup>4</sup>

<sup>1&2</sup>Program Studi Budidaya Perairan, Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan, Universitas Brawijaya, Jalan Veteran Nomor 10-11, Malang, Jawa Timur 65145, Indonesia

<sup>3</sup>Program Studi Manajemen Sumberdaya Perairan, Fakultas Pertanian, Universitas Musamus, Jalan Kamizaun Mopah Lama, Merauke, Papua 99611, Indonesia

<sup>4</sup>Program Studi Manajemen Sumberdaya Perairan, Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan, Universitas Papua, Jalan Gunung Salju, Manokwari, Papua Barat 98314, Indonesia

\*Email: [muhdailami@ub.ac.id](mailto:muhdailami@ub.ac.id)

Submit: 30-04-2024; Revised: 11-06-2024; Accepted: 13-06-2024; Published: 30-06-2024

**ABSTRAK:** Upaya budidaya ikan gabus (*Chanidae*) masih mengalami banyak kendala, terutama ketersediaan benih yang berkualitas. Untuk meningkatkan kualitas benih, peningkatan kualitas induk merupakan hal yang penting. Faktor genetik memegang peranan penting dalam seleksi dan pembibitan induk ikan gabus. Oleh karena itu, perlu dilakukan eksplorasi sumber induk unggul dengan karakter genetik yang baik. Untuk mencapai tujuan tersebut, diperlukan kajian dari berbagai bidang, seperti ekologi, biologi, dan genetika. Kajian genetik dapat dimulai dengan mengkaji identitas dan hubungan kekerabatan ikan gabus asal Merauke, sebagai langkah awal dalam mencari sumber plasma nutfah yang mempunyai keanekaragaman tinggi. Tujuan penelitian ini adalah menganalisis fragmen gen sitokrom oksidase sub unit 1 (COI) ikan gabus asal Merauke, Papua. Isolasi DNA dilakukan menggunakan kit Promega dengan protokol standar, amplifikasi gen COI dengan primer F2 dan R2 dengan kit amplifikasi *Go Taq Green*. Sebanyak 653 pasangan basa fragmen gen COI diperoleh dari proses *sequencing*, dengan komposisi nukleotida T (29,9%), C (28,8%), A (24,0%), dan G (17,3%). Hasil BLAST pada database NCBI menunjukkan bahwa sekuens ini memiliki kemiripan 100% dengan sekuens *Channa striata* asal Papua dengan *sequence ID* OQ405388.1. Hal ini menunjukkan bahwa hasil identifikasi ikan gabus asal Merauke ini adalah *Channa striata*. Analisis pohon filogenetik juga menunjukkan hasil yang selaras, yaitu terbentuknya satu *clade* yang sama dengan kelompok ikan *Channa striata* yang berasal dari data *GenBank*.

**Kata Kunci:** Identifikasi Genetik, Ikan Gabus, Gen COI.

**ABSTRACT:** Efforts to cultivate snakehead fish (*Chanidae*) still experience many problems, especially the availability of high-quality fry. To improve the quality of fry, improving the quality of broodstock is important. Genetic factors play an important role in the selection and breeding of snakehead fish parents. Therefore, it is necessary to explore sources of superior parents with good genetic characteristics. To achieve this goal requires studies from various fields such as ecology, biology, and genetics. Genetic studies can be started by examining the identity and relationships of snakehead fish from Merauke, as a first step in finding a source of germplasm that has high diversity. The aim of this research is to analyze the cytochrome oxidase subunit 1 (COI) gene fragment of snakehead fish from Merauke, Papua. DNA isolation was carried out using the Promega kit with standard protocols, amplification of the COI gene with primers F2 and R2 with the *Go Taq Green* amplification kit. A total of 653 base pairs of the COI gene fragment were obtained from the sequencing process, with a nucleotide composition of T (29.9%), C (28.8%), A (24.0%), G (17.3%). BLAST results on the NCBI database show that this sequence has 100% similarity to the *Channa striata* sequence from Papua with *sequence ID* OQ405388.1. This shows that the identification results of the snakehead fish from Merauke are *Channa striata*. Phylogenetic tree analysis also showed consistent results, namely the formation of a *clade* that was the same as the *Channa striata* fish group derived from *GenBank* data.



**Keywords:** *genetic identification, snakehead fish, COI gene*

**How to Cite:** Dailami, M., Yuniarti, A., Saleky, A., & Toha, A. H. A. (2024). Identifikasi Genetik Ikan Gabus Asal Merauke dengan Menggunakan Fragmen Gen Sitokrom Oksidase Sub Unit I. *Bioscientist : Jurnal Ilmiah Biologi*, 12(1), 1252-1262. <https://doi.org/10.33394/bioscientist.v12i1.11446>



*Bioscientist : Jurnal Ilmiah Biologi* is Licensed Under a CC BY-SA [Creative Commons Attribution-ShareAlike 4.0 International License](https://creativecommons.org/licenses/by-sa/4.0/).

## PENDAHULUAN

Ikan gabus merupakan anggota dari famili chanidae, memiliki banyak spesies dan banyak digemari oleh masyarakat Indonesia. Ikan ini merupakan ikan air tawar yang dapat hidup di berbagai perairan tawar di Indonesia. Penyebarannya sangat luas dan dapat ditemukan di berbagai wilayah Indonesia. Ikan gabus banyak digunakan oleh masyarakat sebagai lauk dan juga obat (Djarami *et al.*, 2022; Tungadi, 2020), terutama untuk mengobati penyakit yang terkait dengan kekurangan protein plasma darah. Hal ini dikarenakan tingginya kadar albumin yang dimiliki oleh ikan gabus (Suardi *et al.*, 2020). Albumin berperan dalam menjaga tekanan osmotik dalam darah, karena merupakan bagian dari protein plasma darah. Dalam setiap 10 gram daging ikan gabus mengandung albumin sebanyak 226 mg, jumlah ini termasuk paling tinggi jika dibandingkan dengan albumin pada ikan laut maupun ikan air tawar lainnya.

Kesadaran akan manfaat yang dimiliki oleh ikan gabus, menjadikan ikan ini banyak ditangkap oleh masyarakat. Selain itu, ikan ini juga dimanfaatkan sebagai komoditas ikan hias, sehingga eksploitasinya di alam semakin meningkat. Hal ini jika dibiarkan secara terus menerus akan mengancam kelestariannya dan dapat menyebabkan kepunahan. Di sisi lain, upaya budidaya ikan gabus masih banyak mengalami kendala, baik dari segi ketersediaan benih maupun teknologi budidayanya. Di Indonesia sendiri banyak sekali jenis ikan gabus yang dapat ditemukan, namun belum banyak dipelajari, baik dari segi ekologi, biologi, maupun genetiknya.

Studi genetika ikan gabus menjadi sangat penting guna menginventarisasi berbagai jenis ikan gabus yang ada di Indonesia dan dalam upaya pengembangan teknologi budidayanya. Upaya konservasi ikan gabus juga membutuhkan berbagai informasi penting lainnya, seperti hubungan kekerabatan, keanekaragaman genetik dari ikan gabus yang ada di satu daerah dengan daerah lainnya, dan juga stok sumberdaya ikannya (Rosadi & Aminah, 2019). Pendekatan paling sederhana dalam menginventarisasi keragaman jenis ikan gabus adalah melalui pendekatan DNA *barcoding* yang memanfaatkan fragmen pendek dari gen sitokrom oksidase sub unit I (COI) (Naseem & Tahir, 2018). Gen ini adalah bagian dari DNA mitokondria yang diturunkan dari jalur keturunan betina.

DNA *barcoding* telah banyak digunakan dalam melakukan identifikasi spesies, terutama untuk kelompok animalia. Beberapa penelitian yang memanfaatkan gen COI dalam analisis DNA *barcoding*, yaitu penelitian tentang identifikasi genetika ikan teri (Dailami *et al.*, 2021a), identifikasi ikan kakap



(Saleky & Dailami, 2021), dan identifikasi gastropoda (Ferisandi *et al.*, 2018; Ran *et al.*, 2020). Perkembangan *database* DNA *barcoding* yang semakin lengkap dan semakin banyak juga mendukung untuk digunakan secara lebih luas. Oleh karena itu, untuk upaya pengembangan budidaya ikan gabus dan juga melakukan konservasi ikan gabus, langkah awal yang dapat dilakukan, yaitu dengan mengkaji aspek genetik ikan gabus dengan pendekatan DNA *barcoding*. Tujuan penelitian ini adalah mengidentifikasi secara genetik ikan gabus asal Merauke, Papua dengan teknik DNA *Barcoding*, menganalisis hubungan kekerabatan ikan gabus asal Merauke, Papua dengan data pembandingan yang terdapat di *GenBank*.

## **METODE**

### **Alat dan Bahan**

Bahan yang digunakan dalam penelitian ini adalah sampel ikan gabus berupa *pectoral fin* yang berasal dari Merauke, Papua yang diawetkan dalam etanol 96%, kit isolasi DNA (GeneAid), etanol 96%, kit PCR Gotaq green Mastermix, primer berupa *forward fish* F1 (5'-TCA ACC AAC CAC AAA GAC ATT GGC AC-3'), dan *fish* R1 (5'-TAG ACT TCT GGG TGG CCA AAG AAT CA-3') (Ward *et al.*, 2005), tisu, agarose, etidium bromide, ddH<sub>2</sub>O, *TBE buffer*, DNA *Marker* 1 kb (invitrogen). Adapun peralatan yang digunakan dalam penelitian ini, yaitu timbangan digital, kamera digital, pinset, pisau, pipet mikro, mesin *Polymerase Chain Reaction* (PCR) (*thermal cycler*), tangka elektroforesis, *powersuplay elektroforesis*, mikrosentrifugasi, dan *UV transluminator*.

### **Pengambilan Sampel**

Sampel limpet diambil dari perairan umum yang terdapat di Merauke dengan cara dipancing. Selanjutnya sampel difoto dan diambil bagian *fin pectoral* sebelah kanan. Untuk mengawetkan sampel selama proses pengiriman, sampel jaringan direndam menggunakan etanol 96%, selanjutnya dibungkus dengan tissue basah yang dicelupkan dalam etanol 96%, dan dimasukkan dalam plastik klip. Penggunaan tissue basah ini bertujuan untuk menjaga sampel tetap basah dengan etanol 96%, namun tetap aman selama proses pengiriman.

### **Isolasi DNA Genom**

Ekstraksi DNA dilakukan dengan menggunakan kit isolasi DNA Geneaid sesuai dengan prosedur standar produsen yang disesuaikan dengan metode yang digunakan oleh Dailami *et al.*, 2021b). Secara singkat, proses isolasi DNA dilakukan dalam 3 tahap utama, yaitu lisis sel, pemurnian, dan presipitasi. Proses lisis dilakukan dengan menghancurkan sampel jaringan sebanyak 30 mg ke dalam *buffer* lisis GT1 sebanyak 200 µL yang ditambahkan dengan proteinase K sebanyak 10 µL. Untuk mengoptimalkan kinerja dari enzim proteinase, larutan sampel diinkubasi pada suhu 65°C selama 20 menit. Pemurnian DNA dilakukan dengan menghilangkan berbagai material pengotor, seperti protein dan sisa-sisa degradasi sel. Proses ini dengan memanfaatkan kolom yang mampu mengikat DNA, sehingga seluruh materi pengotor akan terlarut pada larutan *buffer* pencuci. Tahap presipitasi dilakukan untuk mengambil dan melarutkan kembali molekul DNA yang terikat pada kolom, sehingga akan diperoleh isolat/ekstrak DNA yang telah murni.



## **Amplifikasi DNA Menggunakan PCR**

Penggandaan fragmen gen COI dari sampel dilakukan dengan teknik *Polymerase Chain Reaction* (PCR) dengan menggunakan mesin *thermo cycler*. Reaksi PCR dilakukan dengan total larutan sebanyak 25  $\mu\text{L}$  yang terdiri dari *Go Taq Green Mastermix 2x* (12,5  $\mu\text{L}$ ), *primer forward fish F1* (1,125  $\mu\text{L}$ ), *primer reverse fish F2* (1,125  $\mu\text{L}$ ), isolat DNA (2  $\mu\text{L}$ ), DMSO (1  $\mu\text{L}$ ), dan ddH<sub>2</sub>O (7  $\mu\text{L}$ ). Adapun urutan sekuens primer yang digunakan, yaitu *fish F1* (5'-TCA ACC AAC CAC AAA GAC ATT GGC AC-3'), dan *fish R1* (5'-TAG ACT TCT GGG TGG CCA AAG AAT CA-3') (Ward *et al.*, 2005).

Pada prinsipnya, reaksi PCR dilakukan dalam 3 tahapan, yaitu denaturasi, penempelan primer, dan *extension*. Tahapan tersebut terjadi dalam suhu yang berbeda-beda. Secara keseluruhan, profil suhu yang digunakan dalam reaksi PCR ini adalah 80°C selama 30 detik, denaturasi awal 94°C selama 3 menit, kemudian dilanjutkan dengan 35 siklus reaksi PCR, dimana setiap siklusnya terdiri dari denaturasi pada suhu 94°C (30 detik), penempelan primer (*annealing*) pada suhu 50°C (30 detik), dan *extension* pada suhu 72°C (45 detik). Kemudian dilanjutkan dengan tahap *extension* akhir pada suhu 94°C selama 5 menit dengan tujuan untuk memastikan seluruh reaksi *extension* telah sempurna dilakukan. Tahap terakhir yaitu pendinginan pada suhu ruang (32°C) (Dailami *et al.*, 2021a).

## **Elektroforesis**

Visualisasi hasil PCR dilakukan dengan metode elektroforesis gel agarose dengan tujuan untuk mengetahui keberhasilan dari proses PCR yang dilakukan. Gel agarose yang digunakan memiliki konsentrasi 1% yang dibuat dengan mencampurkan 1 gram agarose dengan 50 mL SB *buffer* dan dipanaskan selama 1 menit menggunakan *microwave* hingga larutannya menjadi bening. Larutan tersebut dicetak menggunakan cetakan gel elektroforesis yang dilengkapi pencetak lubang atau sumur gel, dan didiamkan hingga mengeras. Produk PCR sebanyak 4  $\mu\text{L}$  dimasukkan dalam sumuran gel yang mana gel tersebut telah dimasukkan ke dalam tangki elektroforesis yang berisi SB *buffer*. Sebagai kontrol dan penanda, digunakan DNA *marker* 1 kb dari invitrogen sebanyak 4  $\mu\text{L}$ . Proses elektroforesis berlangsung selama 30 menit dengan tegangan 100 volt. Pewarnaan pita DNA dilakukan dengan menggunakan etidium bromide (EtBr). Gel direndam dalam larutan EtBr (50  $\mu\text{L}$  EtBr/ 1 L *aquadest*) selama 15 menit, dan selanjutnya dibilas dengan *aquadest*. Untuk melihat pita DNA hasil amplifikasi gel diletakkan di atas *UV transilluminator* dan didokumentasikan menggunakan kamera digital.

## **Sekuensing**

Metode sekuensing DNA yang digunakan dalam penelitian ini adalah metode dideoksi terminasi sanger. Proses sekuensing dilakukan oleh pihak ketiga, yakni 1<sup>st</sup> Base Malaysia melalui jasa sekuensing PT. Genetika Sains Indonesia. Hasil sekuensing berupa elektroforegram dikirimkan dalam bentuk *file* dengan format \*.ab1 yang selanjutnya akan digunakan dalam analisis data.

## **Analisis Data**

Hasil sekuensing berupa *electropherogram* dilakukan *editing* dan *proofreading* dengan menggunakan aplikasi MEGA X. *Proofreading* bertujuan untuk memastikan kebenaran dari sekuens DNA yang terbaca oleh komputer

dengan *peak elektroforegram* yang muncul. Setiap basa DNA diilustrasikan dengan warna *peak* yang berbeda dalam *elektroforegram*, sehingga dapat dijadikan acuan dalam *proofreading* sekuens DNA. Setiap sekuens yang *diproffreading* dipotong bagian ujung 5' dan 3' yang sejajar dengan posisi penempelan primer *fish* F1 dan *fish* R1. Hasil *proofreading* ini disimpan dalam format *fasta file*. Seluruh sekuens yang telah diedit disejajarkan (*alignment*) dengan menggunakan metode *clustal W* yang terdapat dalam MEGA X. Selain itu, seluruh sekuens yang diperoleh juga dibandingkan dengan database NCBI (Boratyn *et al.*, 2013) dan BOLD *system* (Ratnasingham & Hebert, 2007). Sebagai pembanding dalam analisis data, beberapa sekuens yang memiliki kemiripan tertinggi akan *download* dan disejajarkan dengan sekuens sampel. Analisis filogenetik dan jarak genetik dilakukan dengan metode maksimum *likelihood* dan menggunakan model substitusi terbaik yang memiliki nilai *Bayesian Index Criterion* (BIC) terkecil. Pemilihan model substitusi dilakukan dengan menggunakan model tes yang terdapat dalam aplikasi MEGA X (Kumar *et al.*, 2018).

## HASIL DAN PEMBAHASAN

### Sampel yang Dikoleksi

Ikan gabus yang digunakan dalam penelitian ini diambil dari habitatnya, yaitu dari perairan air tawar di sekitar perairan Kabupaten Merauke. Habitat *Channa striata* umumnya berada pada perairan dangkal dan berarus tenang, seperti sungai dan rawa, dan cenderung memilih tempat yang gelap dan ber substrat, seperti batuan untuk tempat bersembunyi (Muliani *et al.*, 2021). Spesies ini juga ditemukan di danau serta saluran air hingga ke sawah. Ikan gabus termasuk salah satu jenis ikan air tawar yang mempunyai penyebaran yang luas, dan secara alami dapat hidup di danau, sungai, rawa air tawar, dan sawah. Benih ikan gabus banyak ditemukan di daerah perairan yang ditumbuhi tanaman air sebagai tempat bersembunyi dari predator. Sampel ikan Gabus (*Channa striata*) diperoleh dari Kabupaten Merauke, Provinsi Papua sebanyak 2 sampel yang disimpan dalam alkohol 96%. Dokumentasi 2 (dua) sampel tersebut dapat dilihat pada Gambar 1.

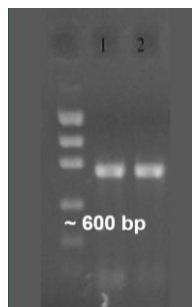


Gambar 1. Sampel *Channa striata* Asal Merauke.

### Amplikon Fragmen Gen COI

Amplifikasi fragmen gen COI dari sampel ikan *Channa striata* asal Merauke berhasil dilakukan dan menghasilkan pita DNA pada gel elektroforesis

dengan panjang basa sekitar 600 pasang basa. Panjang basa ini dapat dilihat dari jarak migrasi pita DNA sampel yang dibandingkan dengan pita DNA *marker*. Adapun hasil elektroforesis disajikan pada Gambar 2. Hasil prediksi panjang sekuens pada gel elektroforesis dapat berbeda dengan hasil sekuens DNA yang diperoleh hasil sekuensing. Hal ini dikarenakan panjang basa pada hasil gel elektroforesis memiliki ketelitian yang sangat rendah, karena resolusi dari marka DNA yang kurang detail. Jarak antara satu pita DNA pada marka DNA terpaut sangat jauh, sekitar 100 pasang basa, bahkan ada yang lebih dari 1000 pasang basa. Sementara itu, panjang basa yang sebenarnya diperoleh dapat dihitung dari hasil *proofreading* sekuens DNA.



**Gambar 2.** Foto Gel Elektroforesis DNA Gen COI dari ikan gabus *Channa striata*.

### Sekuens DNA

Sekuensing DNA dilakukan dengan menggunakan metode sanger. Panjang sekuens fragmen DNA ikan *Channa striata* mencapai 653 pasang basa yang mengkode 217 asam amino. Kedua sampel yang diperoleh tergabung dalam 1 haplotipe yang sama. Adapun urutan sekuens dari kedua sampel tersebut dapat dilihat pada Gambar 3.

```
(a) Sekuens Ikan Gabus Merauke 10
5'ATAGTGGGCACAGCCCTCAGCCTTTAATTCGAGCAGA ACTAAGCCAACCT
GGCGCTCTCCTCGGAGACGATCAAATTTATAATGTAATTGTAACAGCACACG
CCTTTGTAATAATCTTTTCATGGTTATGCCAATAATAATTGGAGGCTTCGGA
AATTGACTTGTTCTCTTATGATTGGTGCCCCGACATGGCCTTCCCCGAAT
AAATAACATGAGCTTCTGATTGCTCCCCCATCATTCCTCTTTACTAGCCTC
TTCTGCTGTAGAAGCCGGGGCCGGAACCGGATGAACAGTTTACCCACCCCTA
GCCAGCAACTTAGCCACGCAGGGGCTCCGTCGACCTAACCATTTTCTCCCT
ACACCTAGCTGGTGTCTCAATTCTAGGGCCATTAACCTTATTACTACTA
TTATTAACATAAAACCCCTGCTATTTCTCAATATCAAACCCCTATTTGTAT
GGGCTATTTAATTACAGCCGTA CTA CTTCTTTCCCTCCAGTATTAGCTG
CAGGCATTACAATGCTACTCACAGACCGAAATCTCAACACCACCTTCTTCGAC
CCTGCTGGTGGAGGGGACCCTATCTTTATCAACA3'

(b) Ikan Gabus Merauke 11
5'ATAGTGGGCACAGCCCTCAGCCTTTAATTCGAGCAGA ACTAAGCCAACCT
GGCGCTCTCCTCGGAGACGATCAAATTTATAATGTAATTGTAACAGCACACG
CCTTTGTAATAATCTTTTCATGGTTATGCCAATAATAATTGGAGGCTTCGGA
AATTGACTTGTTCTCTTATGATTGGTGCCCCGACATGGCCTTCCCCGAAT
AAATAACATGAGCTTCTGATTGCTCCCCCATCATTCCTCTTTACTAGCCTC
TTCTGCTGTAGAAGCCGGGGCCGGAACCGGATGAACAGTTTACCCACCCCTA
GCCAGCAACTTAGCCACGCAGGGGCTCCGTCGACCTAACCATTTTCTCCCT
ACACCTAGCTGGTGTCTCAATTCTAGGGCCATTAACCTTATTACTACTA
TTATTAACATAAAACCCCTGCTATTTCTCAATATCAAACCCCTATTTGTAT
GGGCTATTTAATTACAGCCGTA CTA CTTCTTTCCCTCCAGTATTAGCTG
CAGGCATTACAATGCTACTCACAGACCGAAATCTCAACACCACCTTCTTCGAC
CCTGCTGGTGGAGGGGACCCTATCTTTATCAACA3'
```

**Gambar 3.** Sekuens DNA Fragmen Gen COI dari Ikan *Channa striata*.



Komposisi nukleotida pada sekuens DNA sampel ikan *Channa striata* yang diperoleh adalah Tiamin (T = 29,9%), Cytosin (C = 28,8%), Adenin (A = 24%), dan Guanin (17,3%). Analisis homologi sekuens DNA dilakukan dengan membandingkan sekuens sampel dengan sekuens *GenBank* (NCBI). Hasil yang diperoleh menunjukkan bahwa sekuens sampel ikan gabus asal Merauke memiliki kemiripan mencapai 100% dengan sekuens *Channa striata* dari Papua dengan kode akses ID OQ405388.1 (Kombong & Arisuryanti, 2019). Selain itu, hasil identifikasi sekuens DNA sampel ikan gabus asal Merauke dari BOLD menunjukkan bahwa sekuens tersebut 100% memiliki kemiripan dengan sekuens *Channa striata* dengan kode ANGBF31007-19 yang merupakan sekuens dari *GenBank* dengan kode akses KP856788.1 (Abdullah & Rehbein, 2016).

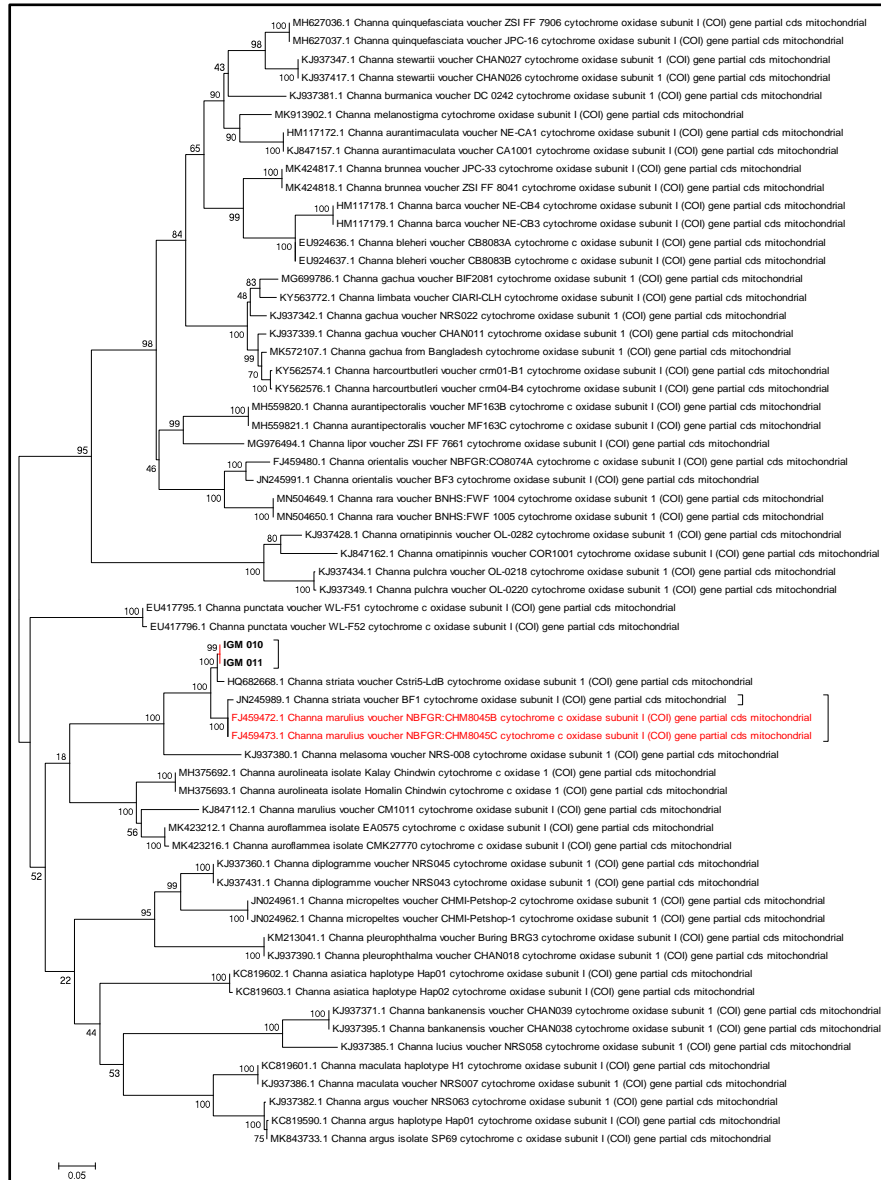
Pohon filogenetik dibuat dengan metode *maximum likelihood* dengan menggunakan 60 tambahan sekuens dari *GenBank* yang mewakili setiap spesies *Channa striata* yang ada di *GenBank*. Pohon filogenetik yang dibuat menggunakan 615 pasang basa nukleotida yang mengkode 205 asam amino berdasarkan pada kode genetik DNA mitokondria hewan bertulang belakang. Berdasarkan data set yang telah disusun, terdapat 277 *polymorphic sites* atau sekuens DNA yang bervariasi dan menunjukkan adanya 205 titik variasi pada sekuens asam amino. Dari 277 *variable sites* pada data set nukleotida tersebut, ditemukan 263 *parsimony informative sites* dan 14 *singleton sites*. *Parsimony informative site* yaitu bagian dari sekuens DNA yang memiliki variasi nukleotida minimal 2 jenis nukleotida dan memiliki frekuensi sebanyak 2 sekuens atau taksa. Sementara itu, bagian *singleton site* merupakan bagian dari sekuens DNA yang memiliki variasi nukleotida, dan salah satu jenis nukleotida tersebut merupakan mayoritas dari keseluruhan sekuens atau taksa.

### **Pohon Filogenetik**

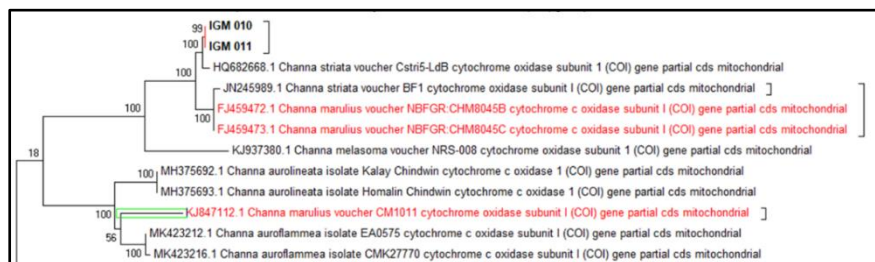
Model substitusi untuk pohon filogenetik yang digunakan berdasarkan pada hasil pengujian model, yaitu HKY+G+I merupakan model terbaik untuk kumpulan data sekuens nukleotida yang diberikan di antara 14 model substitusi yang ada, dengan skor BIC (*Bayesian Information Criterion*) terendah (15371,876). Pohon tersebut dibangun dengan model *maximum likelihood*, dengan uji filogeni *bootstrap* 1000 replikasi. Hasil rekonstruksi pohon filogenetik dari ikan gabus asal Merauke dan data pembandingan dari *GenBank* dapat dilihat pada Gambar 4. Data pohon filogenetik, data hasil BLAST NCBI, dan data analisis homologi pada data *GenBank* menunjukkan hasil yang konsisten bahwa sekuens sampel ikan gabus asal Merauke ini merupakan sekuens dari spesies *Channa striata*.

Berdasarkan pohon filogenetik, kedua sampel berada pada kelompok (*clade*) yang sama dengan *Channa striata* dengan didukung nilai *bootstrap* 100%. Nilai *bootstrap* menunjukkan peluang munculnya suatu *clade* pada saat pembuatan pohon filogenetik. Menariknya, *clade* ini berkerabat dekat dengan *clade Channa marulius* (FJ459472.1 & FJ459473.1) dengan dukungan *bootstrap* 100%, namun berbeda *clade* dengan *Channa marulius* (KJ847112.1). Detail *clade* ikan gabus asal Merauke ini dapat dilihat pada Gambar 5. Terdapat ambiguitas pada sekuens *Channa marulius* yang berasal dari *GenBank*, karena terpisah *clade* yang jauh antara sekuens *Channa marulius* (FJ459472.1 &

FJ459473.1) dengan sekuens *Channa marulius* (KJ847112.1) lainnya. Hal ini menunjukkan bahwa adanya potensi mis identifikasi secara pada data sekuens yang disubmit ke *GenBank* (Meiklejohn *et al.*, 2019; Pentinsaari *et al.*, 2020).



**Gambar 4. Pohon Filogenetik Ikan Gabus Asal Merauke dari *GenBank*.**



**Gambar 5. Clade Sampel Ikan Gabus Asal Merauke.**





Perhitungan jarak genetik yang dihasilkan dari sampel ikan gabus asal Merauke adalah jarak genetik antara sampel kami dan *Channa striata* (HQ682668.1) adalah 0,012. Jarak antara sampel ikan gabus asal Merauke dengan *Channa marulius* (FJ459472.1 & FJ459473.1) adalah 0,032 dan dengan *Channa marulius* (KJ847112.1) adalah 0,195. Jarak antara *Channa striata* (HQ682668.1) dengan *Channa marulius* (FJ459472.1 & FJ459473.1) sebesar 0,037 dan dengan *Channa striata* (JN245989.1) sebesar 0,044. Ada kemungkinan kesalahan identifikasi dari data yang diserahkan ke *GenBank*, sehingga perlu adanya standarisasi DNA barcode dan identifikasi morfologi ikan secara benar.

## SIMPULAN

Fragmen gen COI sebagai DNA *Barcoding* berhasil digunakan untuk mengidentifikasi *Channa striata* dari Merauke, Papua. Kemudian hasil identifikasi genetik pada database NCBI dan BOLD *system* menunjukkan hasil yang sama, yaitu sampel ini memiliki kemiripan 100% dengan sekuens *Channa striata* yang ada di *GenBank*. Pohon filogenetik menunjukkan bahwa sekuens *Channa striata* memiliki kekerabatan yang dekat dengan *Channa marulius* didasarkan pada fragmen gen COI.

## SARAN

Perlu dilakukan pengumpulan sampel ikan gabus lebih banyak dari Merauke, Papua, dan seluruh Indonesia untuk mengetahui keragaman genetik ikan gabus secara global. Keragaman genetik menjadi salah satu parameter yang penting dalam menyiapkan indukan ikan gabus yang unggul.

## UCAPAN TERIMA KASIH

Terima kasih kami sampaikan kepada Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan, Universitas Brawijaya yang telah memfasilitasi peralatan laboratorium dalam pelaksanaan penelitian ini.

## DAFTAR RUJUKAN

- Abdullah, A., & Rehbein, H. (2016). DNA Barcoding for the Species Identification of Commercially Important Fishery Products in Indonesian Markets. *International Journal of Food Science & Technology*, 52(1), 266-274. <https://doi.org/10.1111/ijfs.13278>
- Boratyn, G. M., Camacho, C., Cooper, P. S., Coulouris, G., Fong, A., Ma, N., Madden, T. L., Matten, W. T., McGinnis, S. D., Merezhuk, Y., Raytselis, Y., Sayers, E. W., Tao, T., Ye, J., & Zaretskaya, I. (2013). BLAST: A More Efficient Report with Usability Improvements. *Nucleic Acids Research*, 41(1), 29-33. <https://doi.org/10.1093/nar/gkt282>
- Dailami, M., Rahmawati, A., Saleky, D., & Toha, A. H. A. (2021a). DNA Barcoding of Tilapia Fish from Merauke, Papua and Malang, East Java-Indonesia. *AACL Bioflux*, 14(2), 849-858.
- Dailami, M., Widyawati, Y., & Toha, A. H. A. (2021b). Genetic Identification of Anchovy from Cenderawasih Bay Using DNA Barcoding Approach. *Musamus Fisheries and Marine Journal*, 3(2), 154-166.



<https://doi.org/10.35724/mfmj.v3i2.3521>

- Djarami, J., Umar, C. B. P., & Nurlatu, A. (2022). Uji Farmakologi Ekstrak Ikan Gabus (*Channa striata*) terhadap Penyembuhan Luka Bakar pada Mencit (*Mus musculus*). *Jurnal Ilmu Kedokteran dan Kesehatan Indonesia*, 2(1), 163-171. <https://doi.org/10.55606/jikki.v2i1.1156>
- Ferisandi, R., Dharmawibawa, I. D., & Safnowandi, S. (2018). Keanekaragaman Jenis Gastropoda di Sungai Jangkok Kota Mataram sebagai Dasar Penyusunan Petunjuk Praktikum Ekologi. *Bioscientist: Jurnal Ilmiah Biologi*, 6(1), 80-90. <https://doi.org/10.33394/bioscientist.v6i1.2368>
- Kombong, C. B. S., & Arisuryanti, T. (2019). Komposisi Nukleotida Sekuen Gen Mitokondria 16S dan COI Ikan Gabus (*Channa striata* Bloch, 1793) dari Danau Sentani, Jayapura, Papua. *Jurnal Perikanan Universitas Gadjah Mada*, 20(2), 57-62. <https://doi.org/10.22146/jfs.35551>
- Kumar, S., Stecher, G., Li, M., Knyaz, C., & Tamura, K. (2018). MEGA X: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Across Computing Platforms. *Molecular Biology and Evolution*, 35(6), 1547-1549. <https://doi.org/10.1093/molbev/msy096>
- Meiklejohn, K. A., Damaso, N., & Robertson, J. M. (2019). Assessment of BOLD and GenBank – Their Accuracy and Reliability for the Identification of Biological Materials. *PLoS ONE*, 14(6), 1-14. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0217084>
- Muliani., Asriyana., & Ramli, M. (2021). Preferensi Habitat Ikan Gabus [*Channa striata* (Bloch 1793)] di Perairan Rawa Aopa, Sulawesi Tenggara. *Jurnal Ilmu Pertanian Indonesia*, 26(4), 546-554. <https://doi.org/10.18343/jipi.26.4.546>
- Naseem, S., & Tahir, H. M. (2018). Use of Mitochondrial COI Gene for the Identification of Family Salticidae and Lycosidae of Spiders. *Mitochondrial DNA Part A : DNA Mapping, Sequencing, and Analysis*, 29(1), 96-101. <https://doi.org/10.1080/24701394.2016.1248428>
- Pentinsaari, M., Ratnasingham, S., Miller, S. E., & Hebert, P. D. N. (2020). BOLD and GenBank Revisited - Do Identification Errors Arise in the Lab or in the Sequence Libraries? *PLoS ONE*, 15(4), 1-10. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0231814>
- Ran, K., Li, Q., Qi, L., Li, W., & Kong, L. (2020). Molecular Identification of Cerithiidae (Mollusca: Gastropod) in Hainan Island, China. *Mitochondrial DNA Part A : DNA Mapping, Sequencing, and Analysis*, 31(2), 57-63. <https://doi.org/10.1080/24701394.2020.1726898>
- Ratnasingham, S., & Hebert, P. D. N. (2007). BOLD: The Barcode of Life Data System ([www.barcodinglife.org](http://www.barcodinglife.org)). *Molecular Ecology Notes*, 7(3), 355-364. <https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2006.01678.x>
- Rosadi, E., & Aminah, S. (2019). Penilaian Stok Sumberdaya Ikan Gabus (*Channa Striata*, Bloch 1793) di Kalimantan Selatan dengan Pendekatan Model Holistik (*Equilibrium - Non Equilibrium State*). *Fish Scientiae Journal*, 9(1), 64-75. <https://doi.org/10.20527/fishscientiae.v9i1.143>
- Saleky, D., & Dailami, M. (2021). Konservasi Genetik Ikan Kakap Putih (*Lates calcarifer*, Bloch, 1790) melalui Pendekatan DNA *Barcoding* dan Analisis



- 
- Filogenetik di Sungai Kumbe Merauke Papua. *Jurnal Kelautan Tropis*, 24(2), 141-150. <https://doi.org/10.14710/jkt.v24i2.10760>
- Suardi, S., Bahri, S., Khairuddin., Sumarni, N. K., & Rahim, E. A. (2020). Perbandingan Kadar Albumin Ikan Gabus (*Channa striata*) dari Proses Perebusan dan Pengukusan dengan Menggunakan Uji Biuret. *Kovalen : Jurnal Riset Kimia*, 6(1), 67-73. <https://doi.org/10.22487/kovalen.2020.v6.i1.12699>
- Tungadi, R. (2020). Potensi Ikan Gabus (*Ophiocephalus Striatus*) dalam Mempercepat Penyembuhan Luka. *Jambura Fish Processing Journal*, 1(1), 46-55. <https://doi.org/10.37905/jfpj.v1i1.4505>
- Ward, R. D., Zemlak, T. S., Innes, B. H., Last, P. R., & Hebert, P. D. N. (2005). DNA Barcoding Australia's Fish Species. *Philosophical Transactions of the Royal Society B : Biological Sciences*, 360(1), 1847-1857. <https://doi.org/10.1098/rstb.2005.1716>