

I PENDAHULUAN

1.1 Latar Belakang

Ikan gabus *C. striata* dari famili Channidae yang memiliki berbagai macam habitat mulai dari sungai, rawa, telaga, kanal, dan danau, serta dapat ditemukan dilahan persawahan. *Channa* terdiri dari 34 spesies dan merupakan ikan asli di wilayah asia (Froese dan Pauly, 2018). *C. striata* di Indonesia tersebar di wilayah Sumatera, Kalimantan, dan Jawa. Persebaran *C. striata* di berbagai wilayah memiliki persebaran yang berbeda-beda diantaranya berada di rawa, sungai, sawah, dan danau. Hal ini menunjukkan *C. striata* dapat hidup pada kondisi yang berbeda-beda serta memiliki tingkat adaptasi yang tinggi (Makmur, 2004).

Channa striata memiliki potensi yang strategis serta kegunaanya yang luas didalam bidang industri pangan dan di dalam bidang farmasi, kandungan yang dimiliki *C. striata* adalah kandugan albuminya yang tinggi, namun di Indonesia *C. striata* ini belum banyak dibudidayakan oleh masyarakat (Mustafa *et al.*, 2012; Muslim, 2017). *Channa striata* telah banyak dieksploitasi karena masyarakat tidak mengetahui ikan gabus memiliki potensi farmaseutika (Mat Jais *et al.*, 1997).

Ikan gabus memiliki nilai komersil yang tinggi yang menyebabkan populasi ikan gabus di alam liar terancam dikarenakan masih banyak penangkapan ikan gabus yang berada di alam liar (Courteney *et al.*, 2004). Jumlah produksi ikan gabus *C. striata* dari hasil budidaya pada tahun 2003 sebanyak 5.448 ton dan meningkat pada tahun 2004 mencapai 11,498 ton, sedangkan dari hasil tangkapan alam pada tahun 2003 sebanyak 7.327 ton dan meningkat pada

tahun 2004 sebesar 16,528 ton. Dilihatdari total produksi perairan umum di Provinsi Jawa Timur, jenis ikan hasil tangkapan ikan gabus 9,23% (Dinas Provinsi Jawa Timur, 2015). Meningkatnya permintaan serta eksploitasi *C. striata* tidak dibarengi dengan ketersediaan stok yang melimpah. Ketersediaan *C. striata* yang berada dialam mengalami penurunan dan upaya budidaya yang dilakukan belum bisa memberikan hasil yang maksimal. Hasil Tangkapan ikan gabus *C. striata* dunia dari tahun 2007-2016 sebesar 45.775-70.802 ton sedangkan hasil budidaya ikan gabus dunia tahun 2007-2016 sebesar 11.423-21.721 ton (FAO, 2019).

Fragmentasi suatu habitat dapat menunjukkan pengaruh terhadap seleksi alam serta adanya perubahan komposisi genetic adaptif (Fraser et al. 2014). Populasi dalam satu DAS akan lebih mirip daripada populasi dari DAS yang berbeda serta bahwa dalam suatu DAS, populasi yang dihubungkan dengan aliran pendek diharapkan menunjukkan lebih sedikit difrensiasi daripada populasi yang dipisahkan oleh panjang atau beberapa bagian dari sungai (Meffe & Vrijenhoek, 1988; Kalinowski dkk., 2008). Suatu organisme air tawar memiliki suatu sejarah yang menggabungkan penyebaran yang terbatas, suatu populasi cenderung sangat terstruktur karena jarak geografis berfungsi sebagai penghalang terhadap perkawinan secara acak pada skala aliran sungai (Wright, 1943; Kimura & Weiss, 1964). Suatu aliran didalam sungai dan jaringan sungai memiliki jalan untuk suatu penyebaran didalam cekungan drainase, serta dimana topologi jaringan drainase tetap stabil untuk jarak waktu evolusi yang lama (Meffe & Vrijenhoek, 1988). Kecepatan suatu evolusi dan pewarisan maternal dapat membuat mtDNA membuat system genetic yang bermanfaat dalam mempelajari aliran gen, zona

hybrid, struktur populasi serta berbagai pertanyaan yang berkaitan dengan perubahan tingkat populasi (Avisé 1994; Habib et al. 2011). Hal tersebut menimbulkan minat untuk melakukan penelitian tentang hubungan filogenetik ikan gabus terutama pada asal usul ikan gabus Asia dan evolusinya menuju pembentukan spesies genusnya (Adamson, 2010). Pada penelitian Irmawati (2017) analisis filogenetik yang didapat di danau Towuti berada satu kelompok dengan *C. striata* asal Tasikmalaya Jawa Barat, danau rawa Pening Jawa Tengah, dan dari Bali. Pohon filogenetik dari *Channa striata* asal Kalimantan memiliki kedekatan 100% dari *C. striata* dari Bekasi akan tetapi memiliki perbedaan yang sangat jauh dengan *C. striata* asal Hainan (Gita, 2020).

Filogenetik adalah analisis untuk menentukan bagaimana hubungan keluarga dari spesies ikan gabus yang diturunkan selama proses evolusi. Terdapat beberapa metode untuk mengkonstruksi pohon filogenetika dari data molekuler (nukleotida atau asam amino) (Saitou dan Imanishi, 1980). Analisis filogenetika dari keluarga sekuen nukleotida dan asam amino adalah analisis untuk menentukan bagaimana keluarga dari spesies ikan gabus diturunkan selama proses evolusi (Mount, 2001). Analisis filogenetik sekuen asam amino dan protein biasanya akan menjadi suatu wilayah yang penting dalam menganalisis sekuen. Didalam filogenetika dapat menganalisis perubahan yang terjadi dalam evolusi organisme yang berbeda. Berdasarkan analisis sekuen yang mempunyai kedekatan atau kekerabatan dapat diidentifikasi dengan pohon filogenetik (McDonald dan Kreitman, 1991; Nielsen dan Yang, 1998).

DNA sekuensing merupakan metode yang digunakan untuk mengidentifikasi pasangan basa yang tepat antara individu satu dengan individu lainnya serta kemungkinan dapat untuk menyimpulkan hubungan evolusi makhluk hidup. Selain itu teknik ini sangat mudah, cepat, serta efisien sehingga banyak digunakan peneliti sebagai aplikasi dasar (Graham and Hill, 2001). DNA barcoding dapat mengkarakterisasi spesies dengan menggunakan perantara pendek sekuensing DNA. Oleh karena itu DNA barcoding merupakan metode favorit dalam ilmu taksonomi karena efektif dalam mengidentifikasi sampel uji dan menghasilkan data yang valid (Wong, 2011; Tamura et al., 2011).

Identifikasi ikan gabus dengan menggunakan teknik molekuler disebut dna barcode (Hebert et al, 2004; Smith et al., 2008). Dalam DNA barcoding, biasanya yang digunakan fragmen mtDNA yaitu gen Cytochrome Oxidase sub unit I (COI) yang digunakan untuk identifikasi. Gen COI adalah salah satu penanda molekuler yang digunakan untuk mengidentifikasi suatu spesies (Ward et al., 2005) yang memiliki urutan basa nukleotida konservatif dan memiliki sedikit variasi penghapusan, serta penyisipan (Hebert et al., 2003). Teknologi DNA barcode bergantung pada pengamatan urutan barcode dalam spesies biasanya jauh lebih rendah daripada perbedaan yang ditunjukkan antar spesies. Teknik ini telah banyak digunakan dalam penelitian DNA barcode pada ikan hiu (Peloia et al., 2015). DNA barcode menggunakan sekitar 650 pasang basa dari segmen gen COI mitokondria sebagai penanda (Hebert et al., 2003). Selain COI, Cyt b adalah salah satu gen yang ada pada DNA mitokondria yang sering digunakan dalam analisis DNA untuk mengidentifikasi spesies bahan baku produk perikanan dan salah satu

marka molekuler yang digunakan dalam penelitian DNA barcoding (Sotelo et al., 2001; Maulid et al, 2016). Adanya variasi urutan pada Cyt-b menyebabkan gen ini banyak digunakan untuk membandingkan spesies dalam genus atau famili yang sama, yang berdasarkan urutan basa gen dari Cyt-b, daerah tersebut dapat memberikan informasi filogenetik pada tingkat intraspecies sampai pada tingkat antar genus (Faizah, 2008). (Huang et al., 2014) menggunakan Cyt-b untuk mengidentifikasi pemalsuan fillet pufferfish. Penggunaan gen penyandi Cyt-b telah dilakukan untuk mengidentifikasi kepalsuan produk yang menggunakan ikan tuna sebagai bahan baku (Wulansari et al., 2015).

1.2 Rumusan Masalah

Berdasarkan uraian di atas, maka rumusan dari penelitian ini adalah sebagai berikut:

1. Bagaimana keragaman genetic ikan gabus dari urutan basa pada gen region COI dan *Cyt-b* pada ikan gabus pada 4 lokasi sample di Surabaya, Gresik, Lamongan, Bojonegoro?
2. Bagaimana hubungan kekerabatan ikan gabus yang menjadi objek studi penelitian ini dalam pohon filogenetik berdasarkan urutan nukleotida pada gen region COI dan *Cyt-b* ?

1.3 Tujuan Penelitian

1. Menganalisis keragaman genetic ikan gabus dari urutan basa pada gen region COI dan *Cyt-b* pada ikan gabus pada 4 lokasi sample di Surabaya, Gresik, Lamongan, Bojonegoro

2. Menganalisis hubungan kekerabatan ikan gabus dari pohon filogenetik berdasarkan urutan nukleotida pada gen region COI dan *Cyt-b*

1.4 Manfaat Penelitian

Memberikan suatu informasi ilmiah mengenai metode yang dapat dilakukan untuk menentukan keragaman suatu populasi ikan dan memberikan informasi tentang identifikasi jenis ikan gabus dengan pendekatan molekuler dan dapat mengetahui posisi ikan gabus dalam pohon filogenetik pada genus *Channa* atau family Channidae. Selain itu, penelitian ini diharapkan dapat digunakan sebagai kajian pustaka bagi peneliti selanjutnya untuk mengembangkan penelitian dibidang molekuler pada ikan air tawar maupun ikan laut.