

## ABSTRAK

**Yulia Rahmawati, 2016, Studi Jarak Genetik *Channa striata* (Bloch, 1793) di Tiga Sungai Dalam Aliran DAS Brantas, Skripsi ini dibawah bimbingan Prof. Dr. Bambang Irawan, M.Sc. dan Sugiharto, S.Si., M.Si. Departemen Biologi, Fakultas Sains dan Teknologi, Universitas Airlangga, Surabaya.**

---

Informasi mengenai struktur genetik populasi *Channa striata* di habitat aslinya memiliki peranan penting untuk keperluan budidaya berkelanjutan dan konservasi berbasis genetik berkaitan dengan pengolahan dan pemanfaatan habitat. Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui keragaman genetik, jarak genetik dan perbedaan genetik antar populasi *Channa striata* di tiga sungai dalam aliran DAS Brantas. Sebagai pembanding dilakukan analisis pada populasi *Channa striata* dari DAS Bengawan Solo. *Random Amplified Polymorphic DNA* (RAPD) digunakan sebagai marker untuk menganalisis struktur genetik populasi *Channa striata* tersebut. Setelah dilakukan seleksi primer, didapatkan tiga primer yakni OPA 1, OPA 8, dan OPA 9 yang mampu menghasilkan fragmen DNA yang jelas dan terpisah dengan baik. Ketiga primer tersebut menghasilkan fragmen dengan panjang basa berkisar antara seratus hingga lebih dari seribu panjang basa, yang menempati 33 lokus pada keseluruhan populasi. Hasil perhitungan tingkat heterozigositas yang diharapkan ( $H_e$ ) atau Nei's *genetic diversity* memiliki rentang nilai antara 0.0750 – 0.2085. Dari keempat populasi yang diuji, populasi sungai Porong memiliki tingkat keragaman genetik paling tinggi. Nilai  $G_{st}$  yang didapatkan adalah sebesar 0,3914, menunjukkan variasi genetik antara populasi lebih rendah dibanding di dalam populasi. Hasil perhitungan Nei's *unbiased genetic distance* didapatkan rentang nilai antara 0,0492 – 0,3499. Diantara ketiga populasi di dalam aliran DAS Brantas, populasi sungai Surabaya dan Karangates memiliki jarak genetik paling jauh. Konstruksi dendogram dengan menggunakan UPGMA menunjukkan hubungan yang dekat antara populasi sungai Porong dan populasi sungai Surabaya. Besar nilai jarak genetik yang didapatkan berbanding lurus dengan besarnya jarak geografis antar populasi. Hal ini mengindikasikan bahwa perbedaan genetik antar populasi terutama dipengaruhi oleh isolasi geografis.

**Kata kunci:** *Channa striata*, jarak genetik, RAPD, struktur genetik populasi

**ABSTRACT**

**Yulia Rahmawati, 2016, Study of *Channa striata* (Bloch, 1793) Genetic Distance in Three Different Rivers of Brantas Watershed, this study was under the guidance of Prof. Dr. Bambang Irawan, M.Sc. and Sugiharto, S.Si., M.Si. Department of Biology, Faculty of Science and Technology, Airlangga University, Surabaya.**

---

Information about the genetic structure of *Channa striata* in their habitat is very important for sustainable aquaculture and genetic-based conservation relating to the use and management of their habitat. The aim of this study is to identify the genetic distance, genetic diversity, and genetic differentiation between three different populations from Brantas Watershed. One population from Bengawan Solo Watershed was used as a comparative group. Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD) was used as a marker to evaluate their genetic structure. After initial PCR screening, three primers, OPA 1, OPA 8 and OPA 9, were able to produce clear and well separated bands. The amplification using these primers resulted in fragment length between one hundred to more than one thousand base pair assigned to 33 loci from all population. Estimates of average expected heterozygosity ( $H_e$ ) or Nei's genetic diversity values range between 0.0750 – 0.2085, in which population from Porong has the highest genetic diversity. The estimates values of  $G_{st}$  is 0,3914, showed that genetic variaton among population is lower than within population. The values of Nei's unbiased genetic distance ( $D$ ) range between 0.0750 – 0.2085. Among the three population in Brantas watershed, the highest genetic distance is between population form Karangates and Surabaya. The dendogram constructed using UPGMA revealed very close genetic relationship between population from Porong and Surabaya. The values of genetic distance estimated in this study is directly proportional to the geographical distance. This result indicates that the genetic differentiation between populations was mainly caused by geographical isolation.

**Key words:** *Channa striata*, genetic distance, genetic structure of population, RAPD