

## RINGKASAN

Ikan Gurami (*Osphronemus goramy* Lac.) merupakan ikan yang tersebar di kawasan tropis mulai dari India sampai Semenanjung Malaya dan Indonesia. Berbagai strain ikan Gurami telah banyak dibudidayakan di Indonesia. Salah satu strain ikan Gurami yang baru saja dilepas pada tanggal 30 Maret 2015 oleh Kementerian Kelautan dan Perikanan adalah ikan Gurami Batanghari. Ikan Gurami Batanghari hasil budidaya atau penangkaran di duga mengalami perubahan secara genetik jika dibandingkan dengan ikan Gurami Batanghari hasil tangkapan di alam karena adanya upaya seleksi yang dapat menghilangkan materi genetik. Oleh karena itu, diperlukan karakterisasi secara molekuler untuk mengetahui ada tidaknya perbedaan genetik diantara keduanya. Salah satu penandamolekuler yang dapat digunakan untuk karakterisasi adalah gen sitokrom c oksidase I (COI). Gen COI memiliki laju mutasi yang cukup tinggi, sehingga dapat memperlihatkan perbedaan antar individu dalam satu spesies yang sama.

Penelitian ini dilakukan menggunakan metode survey. Sampel yang digunakan adalah jaringan sirip ekor koleksi Laboratorium Taksonomi Hewan Fakultas Biologi Unsoed. Penelitian ini diawali dengan melakukan ekstraksi DNA dari sampel sirip ikan, amplifikasi fragmen gen COI mtDNA ikan, elektroforesis gel agarosa, dan DNA sekuensing. Sekuen yang diperoleh diedit menggunakan *software* Bio-Edit. Keragaman genetik diduga secara statistik menggunakan *analysis of molecular variance* (AMOVA) dengan bantuan *software* Arlequin serta hubungan kekerabatan dianalisis dengan cara merekonstruksi pohon filogenetik menggunakan algoritma *Neighbor-Joining* dengan bantuan *software* MEGA 6.

*Analysis of molekuler variance* dengan model K2P menunjukkan bahwa kedua populasi ikan Gurami Batanghari tidak berbeda (indek fiksasi/ $F_{st}$ = 0,00;  $p$ = 0,99). Namun jika dilihat secara rinci pada setiap populasi, populasi alami (BA) memiliki keragaman haplotipe ( $h$ ) yang tinggi yaitu 1,00 +/- 0,06 ; keragaman nukleotida ( $\pi$ ) 6% ; polimorfisme 17,9%. Demikian halnya juga dengan populasi hasil penangkaran. Populasi hasil penangkaran (BT) nilai keragaman haplotipe ( $h$ ) 1,00 +/- 0,05 ; keragaman nukleotida ( $\pi$ ) 4% ; polimorfisme 16,4%. Hasil AMOVA didukung oleh hasil analisis filogeni yang memperlihatkan bahwa anggota kedua populasi tersebar acak pada percabangan pohon. Analisis filogenetik mendukung hasil analisis amova dengan adanya penyebaran secara acak dari anggota kedua populasi gurami yang diteliti

pada percabangan pohon. Nilai bootstrap tertinggi terdapat pada clade ke dua dengan nilai 100 yang terdiri dari BA 5, BA 6, dan BT 6. Berdasarkan marka molekuler yang digunakan dapat disimpulkan bahwa kedua populasi ikan gurami yang diteliti tidak memiliki perbedaan genetik meskipun kedua populasi memiliki keragaman haplotipe dan keragaman nukleotida yang tinggi.

**Kata kunci:** ikan Gurami Batanghari, DNA sekuensing, gen sitokrom c oksidase I (COI), indeks fiksasi.

## SUMMARY

Giant gouramy (*Osphronemus goramy* Lac.) are distributed in tropical regions ranging from India to the Malaysia Peninsular and Indonesia. Various strains of giant Gourami have been widely cultivated in Indonesia. Moreover, a newly strain was released on 30<sup>th</sup> March, 2015 by the Ministry of Maritime Affairs and Fisheries, that is Gourami Batanghari. The cultivated Batanghari strain is suggested to undergo genetic alteration compared to the natural strain due to selection which might eliminate their genetic material. Therefore, a molecular characterization is needed to determine whether there is a genetic difference or not between them. The cytochrome c oxidase I (COI) gene is among molecular character which can be used in such study. The COI gene has high mutation rate, so it can show the differences among individuals within the same species.

This study was conducted using a survey method. The samples were caudal fin clips of Animal Taxonomy Laboratory collection. This study was started with DNA extraction, and followed by mtDNA COI gene amplification, agarose gel electrophoresis, and DNA sequencing. Sequences were then edited using Bio-Edit software. Genetic diversity was estimated through statistical analysis of molecular variance (AMOVA) with the help of Arlequin software and relationship among individuals were analyzed by reconstructing phylogenetic trees using the neighbor-joining algorithm with the help of MEGA software.

The K2P models analysis indicate that the two populations of giant gourami was genetically not (fixation index/ $F_{st}$ = 0.00;  $p$ = 0.99). However, a detail examination proved that natural population (BA) has high haplotype diversity ( $h$ ) with the value of 1.00 +/- 0.06; nucleotide diversity ( $\pi$ ) of 6%; and polymorphism of 17.9%. Cultivated population (BT) has also high haplotype diversity ( $h$ = 1.00 +/- 0.05) value; high nucleotide diversity ( $\pi$ ) 4%; and polymorphism of 16.4%. Phylogenetic tree supported amova analysis by showing that all individuals from both populations are randomly distributed in the tree. The highest bootstraps value was found in the second clade with a value of 100 which consists of BA 5, BA 6, and BT 6. Based on the used marker, it can be concluded that both natural and cultivated populations are not genetically different although each population has high haplotype and nucleotide diversity.

**Keywords:** Gourami Batanghari, DNA sequencing, gene cytochrome c oxidase I (COI), fixation index.