

ABSTRAK

Penelitian ini berjudul Keragaman Genetik Ikan Nilem (*Osteochilus Vittatus*) dari Jawa dan Sumatera Berdasarkan Gen Cytochrome Oxydase-1 (CO1).

Ikan Nilem hidup tersebar di berbagai perairan dan kehidupannya tidak lepas dari pengaruh lingkungan. Hal ini memungkinkan struktur dan morfologinya menyesuaikan dengan lingkungan sekitar sehingga memunculkan variasi variasi morfologi. Penelitian dan pengetahuan tentang keragaman genetik ikan Nilem masih sangat sedikit. Keragaman genetik penting keberadaannya di dalam populasi untuk mempertahankan kelestarian di alam dan kegiatan budidaya ikan yang berkelanjutan. Tujuan yang ingin dicapai dari penelitian ini adalah analisis keragaman genetik dan hubungan filogenetik ikan Nilem dari Pulau Jawa dan Pulau Sumatera berdasarkan sekuen gen CO1. Materi yang digunakan pada penelitian ini adalah ikan Nilem (*Osteochilus vittatus*) dari Kabupaten Magelang, Kabupaten Klaten, Kabupaten Banyumas, Kota Bandar Lampung, Kabupaten Muaro Jambi, Kabupaten Padang Pariaman. Metode penelitian yang digunakan adalah metode observasi. Penelitian ini menggunakan DNA Sekuensing untuk analisis keragaman genetik ikan Nilem dengan menggunakan gen CO1 sebagai penanda. Hasil analisis *Multiple Sequence Alignment* sampel ikan Nilem setelah dilakukan trim/pemotongan didapatkan panjang sekuens parsial gen CO1 sebesar 652 bp dan terdapat 642 daerah *conserved*, sedangkan *variable site*/daerah polimorfik sebanyak 12 site. Berdasarkan analisis jarak genetik, keragaman genetik ikan Nilem termasuk kategori rendah. Nilai jarak genetik terendah yaitu 0,0000 dan jarak genetik tertinggi yaitu 0,0140. Rekonstruksi pohon filogenetik menunjukkan keragaman ikan Nilem di Jawa dan Sumatera rendah. Hal ini dapat dilihat pada panjang cabang yang pendek. Namun percabangan terbentuk signifikan, di mana ada dua cabang utama untuk Nilem. Sampel penelitian ini juga terkelompok ke dalam dua cabang tersebut.

Kata kunci : Keragaman genetik ikan Nilem, DNA Sekuensing, Gen CO1 Ikan Nilem.

ABSTRACT

This study is entitled Genetic Diversity of Nilefish (*Osteochilus vittatus*) from Java and Sumatra based on the Cytochrome Oxydase-1 gene. (CO1).

The Nile fish live in various environments and their lives are not free from environmental influences. This allows their structure and morphology to adapt to the surrounding environment, thus generating morphological variations. Research and knowledge about the genetic diversity of Nile fish is still very limited. Genetic diversity is essential to the existence of populations in order to maintain sustainability in nature and sustainable fish farming activities. The objective of this research was to analyze the genetic diversity and phylogenetic relationships of Nile fish from Java and Sumatra Island based on the CO1 gene sequence. The material used in this study was Nile fish (*Osteochilus vittatus*) from Kabupaten Magelang, Kabupaten Klaten, Kabupaten Banyumas, Kota Bandar Lampung, Kabupaten Muaro Jambi, Kabupaten Padang Pariaman. The research used the observation method. This study used DNA sequencing to analyze the genetic diversity of Nile fish by using the CO1 gene as a marker. Multiple Sequence Alignment analysis results of Nile fish samples after trimming or cutting obtained the length of the partial sequence of CO1 genes of 652 bp, and there are 642 areas conserved, while the variable site/area polymorphic of 12 sites. Based on genetic distance analysis, the genetic diversity of Nile fish belongs to the lowest category. The lowest genetic gap value is 0.0000, and the highest genetic gap is 0.0140. The reconstruction of the phylogenetic tree shows that the diversity in Nile in Java and Sumatra is low. This can be seen in the short length of the branch. However, the intersection is significant, where there are two main branches for the Nile. The samples from this research are also grouped into two branches.

Keywords: genetic diversity of Nile fish, DNA sequencing, CO1 genes of Nile fish