



Keragaman genetik populasi giant Snakehead (*Channa micropeltes*) menggunakan penanda *Random Amplified Polymorphic DNA* di perairan Taman Nasional Sebangau, Kalimantan Tengah

Genetic diversity of giant Snakehead (Channa micropeltes) populations using Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD) meltings in Sebangau National Park, Central Kalimantan

Eva Muhajirah^a, M Mukhlis Kamal^b, Nurlisa A. Butet^b, Arif Wibowo^c

^a Mahasiswa Pascasarjana Prodi Pengelolaan Sumberdaya Perairan, Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan, Institut Pertanian Bogor, Kampus IPB Darmaga Bogor, 16680, Indonesia [+62 85242256086]

^b Departemen Manajemen Sumberdaya Perairan, Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan, Institut Pertanian Bogor, Kampus IPB Darmaga Bogor, 16680, Indonesia

^c Balai Riset Perikanan Perairan Umum dan Penyuluhan Perikanan, Kementerian Kelautan dan Perikanan, Palembang, 30763, Sumatera Selatan, Indonesia

Article Info:

Received: 15 - 09 - 2020

Accepted: 06 - 01 - 2021

Keywords:

Channidae, genetic variation, RAPD-PCR

Corresponding Author:

Nurlisa A. Butet
Departemen Manajemen
Sumberdaya Perairan, Fakultas
Perikanan dan Ilmu Kelautan
Institut Pertanian Bogor;
Tel. +62816977966
Email:
n.butet@gmail.com

Abstract. Giant Snakehead fish (*Channa micropeltes*, Cuvier, 1831) also known as Toman is a fish species with good taste and high market value. This study aims to reveal the genetic diversity of *C. micropeltes* population in Sebangau National Park (SNP), Central Kalimantan using molecular analysis with genetic meltings Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD). The primers used in this study were OPE-07, OPD-03, and OPG-10. The results showed that the polymorphism of *C. micropeltes* in SNP waters was relatively low (43%) and heterozygosity was also not much different, i.e 0.2323 and 0.2067. Based on pairwise comparison tests (*Fst*), the population of *C. micropeltes* in SNP waters not significantly different ($P > 0.05$). Thus, it can be concluded that *C. micropeltes* in SNP waters of the Sebangau and Katingan river populations have no different genetic diversity. Genetically, *C. micropeltes* in SNP relatively low diversity and low adaptation capability.

How to cite (CSE Style 8th Edition):

Muhajirah E, Kamal MM, Butet NA, Wibowo A. 2021. Keragaman genetik giant Snakehead (*Channa micropeltes*) menggunakan penanda *Polymerase Chain Reaction* (PCR) di perairan Taman Nasional Seabngau, Kalimantan Tengah. *JPSL* 11(1): 141-151. <http://dx.doi.org/10.29244/jpsl.11.1.141-151>.

PENDAHULUAN

Giant Snakehead (Channa micropeltes, Cuvier, 1831) juga dikenal sebagai ikan Toman merupakan spesies ikan dengan cita rasa yang enak dan harga jual yang tinggi. *C. micropeltes* berasal dari famili Channidae merupakan ikan yang hidup diperairan tawar, memiliki alat pernapasan tambahan, kelompok ikan karnivora, serta sebagai sumber protein hewani. Kadar protein pada *C. micropeltes* dan *C. striata* memiliki kadar yang tidak berbeda nyata dengan berat molekul protein albumin masing-masing 65.56 kDa (Alviudinasyari *et al.*, 2019). Morfologi tubuh *C. micropeltes* ditandai oleh tubuh memanjang, sirip ekor bundar, sirip punggung memanjang dan sirip dubur yang hanya terdiri atas sirip lunak, sisik besar di kepala dan posisi mata pada bagian anterior kepala (Gambar 1). Beberapa penelitian menemukan bahwa dengan

mengonsumsi *Snakehead* baik untuk menjaga kesehatan tubuh, mempercepat proses penyembuhan luka (Jais *et al.*, 1994; Baie dan Sheikh, 2000; Jais, 2007; Shafri dan Abdul, 2012; Nicodemus *et al.*, 2014).

Distribusi Channidae ditemukan di beberapa wilayah diantaranya di Asia Tenggara, Malaysia, Thailand, Indo China, Myanmar, Vietnam, India, Laos dan Indonesia (Ambak *et al.*, 2012; Pazzini *et al.*, 2014). Ikan-ikan tersebut ditemukan di beberapa daerah di Indonesia yaitu Sumatera, Jawa, Kalimantan, Belitung, Bangka. Kehidupan *C. micropeltes* tersebar di berbagai perairan dan hidupnya tidak dapat dipisahkan dari pengaruh lingkungan, sehingga memungkinkan untuk beradaptasi dengan lingkungan sekitarnya. Kondisi lingkungan perairan memengaruhi kondisi morfologi organisme. Perbedaan warna tubuh adalah salah satu bagian dari karakter morfologis yang sangat penting untuk diidentifikasi. Untuk memperjelas perbedaan pada keragaman morfologi, dapat pula menggunakan karakter taksonomi lain seperti keragaman genetik.

Keragaman genetik memengaruhi kemampuan adaptasi suatu populasi dalam merespon lingkungan yang berfluktuasi untuk dapat bertahan hidup di habitat alami maupun di luar lingkungan alaminya. Keragaman genetik yang tinggi dalam suatu populasi akan memiliki kemampuan bertahan hidup yang tinggi pula, hal tersebut karena tersedianya alternatif gen dalam jumlah banyak untuk merespon perubahan lingkungan (Dunham, 2011). Informasi mengenai keragaman genetik dan melalui penelusuran genetik memungkinkan dapat dilakukan seleksi stok yang potensial untuk dikembangkan dalam penangkaran untuk ditindaklanjuti menuju kegiatan budidaya.

Penanda genetik *Random Amplified Polymorphic DNA* (RAPD) memungkinkan deteksi DNA polimorfisme berdasarkan penanda *Polymerase Chain Reaction* (PCR) dengan menggunakan primer tunggal dengan panjang basa nukleotida sebanyak 10 pasang basa (Welsh dan McClland, 1990; Gil, 2007). Penanda RAPD memiliki beberapa keunggulan diantaranya relatif lebih murah dan dari segi waktu lebih cepat untuk dilakukan, polimorfismenya tinggi dan tidak memerlukan informasi urutan basa nukleotida untuk melakukan pembacaan (Williams *et al.*, 1990; Hadrys *et al.*, 1992). Penanda RAPD telah digunakan untuk mengevaluasi keragaman genetik dan konservasi beberapa populasi ikan (Almeida *et al.*, 2001, 2003; Dergam *et al.*, 2002). Dari sejumlah penanda DNA yang menggunakan RAPD, teknik ini telah digunakan untuk mengevaluasi keanekaragaman genetik spesies Nila (Bardakci dan Skibinski, 1994; Dinesh *et al.*, 1996; Mahboob *et al.*, 2019), Lele (Liu *et al.*, 1998; Almeida *et al.*, 2003), *C. punctatus* (Nagarajan *et al.*, 2006), spesies *Snakehead* India (Bhat *et al.*, 2012), *Ompok bimaculatus* (Rashid *et al.*, 2012), *Clarias gariepinus* (Ikpeme *et al.*, 2015) serta penelitian serupa lainnya. Analisis RAPD yang dilakukan terhadap *C. micropeltes* di perairan TNS diperoleh jarak genetik sehingga dapat diketahui *genetic drift* yang dihasilkan atau terjadi perubahan frekuensi alel.

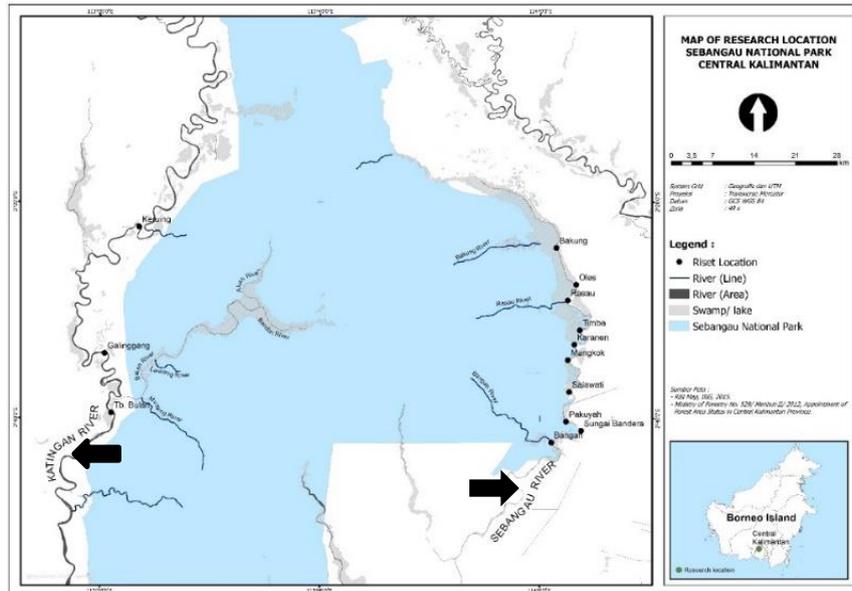


Gambar 1 Morfologi *Channa micropeltes*

METODE

Lokasi dan Waktu Penelitian

Pengambilan sampel dilakukan di perairan Taman Nasional Sebangau, Kalimantan Tengah (Gambar 2) pada bulan Oktober hingga Desember 2019. Analisis genetik dilakukan di Balai Riset Budidaya Ikan Hias (BRBIH), Depok, Jawa Barat pada bulan Januari 2020.



Gambar 2 Peta lokasi penelitian yang menunjukkan lokasi pengambilan sampel ikan (bertanda hitam) di perairan Taman Nasional Sebangau, Kalimantan Tengah

Metode Pengumpulan Sampel

Pengambilan sampel ikan dilakukan secara acak (*Random sampling*). Sampel *C. micropeltes* diperoleh dengan menggunakan alat tangkap tradisional yang umum digunakan oleh nelayan. Ikan hasil tangkapan dalam kondisi hidup dipilih 3 sampai 5 sampel ikan untuk diambil jaringan spesies *C. micropeltes* yang diperoleh dari sirip dorsal kemudian diawetkan dalam larutan alkohol 96%.

Isolasi dan Ekstraksi DNA

Jaringan sirip dorsal *C. micropeltes* yang berasal dari sungai Sebangau dan Katingan diisolasi kemudian dilakukan ekstraksi, namun sebelumnya dilakukan pencucian terhadap sampel untuk menghilangkan kandungan alkohol yang digunakan sebagai pengawet sampel. Pencucian dilakukan dengan menggunakan akuades sebanyak 2 sampai 5 kali. Ekstraksi DNA menggunakan masing-masing 3 sampel yang diambil secara acak dari masing-masing sungai. Jaringan sirip dorsal ikan Toman sebanyak 20 mg diekstraksi DNA menggunakan metode Isolasi DNA *GF 1* (Vivantis). Jaringan sirip sebanyak 20 mg dihancurkan kemudian ditambah 250 µL larutan Buffer TL, 20 µL Proteinase K dan 12 µL Lysis Enhancer, kemudian diinkubasi dengan suhu 65°C selama 3 jam. Selanjutnya penambahan 560 µL Buffer TB dicampur menggunakan vortex, kemudian diinkubasi 65°C selama 10 menit. Kemudian didiamkan pada suhu ruang lalu ditambahkan 200 µL Etanol Absolute, divortex. Supernatan dipindahkan pada tube kolom lalu disentrifuge pada 5 rpm selama 1 menit, lalu buang cairan bawah kolom. Tahap pencucian kolom, 750 µL *Wash Buffer* dimasukkan ke dalam kolom kemudian disentrifuge pada 5 rpm selama 1 menit (diulang sebanyak 2 kali). Kolom dipindah ke tube baru dan ditambahkan 100 µL *Elution Buffer* kemudian diinkubasi pada suhu 65°C selama 2 menit, lalu sentrifuge pada 5 rpm. Genom DNA disimpan pada suhu 4°C jika belum melanjutkan ketahapan selanjutnya.

Uji Kualitas DNA

Uji kualitas DNA dilakukan dengan Teknik Elektroforesis dengan menggunakan media *gel agarose*. Pengujian ini pada prinsipnya adalah mengukur laju migrasi DNA pada *gel agarose*. Keberadaan DNA dilihat melalui elektroforesis pada voltase 100 selama 25 menit. Kuantifikasi DNA dilakukan menggunakan *UV-Vis*

Spectrophotometer (Gene Quant). Kualitas DNA akan terlihat dari pita DNA yang muncul pada proses visualisasi yang ditandai dengan pita yang terang, tebal dan membentuk garis yang tegas.

Amplifikasi *Polymerase Chain Reaction* (PCR) dengan Metode RAPD

Proses PCR dilakukan dengan menggunakan *thermocycler gradient* (AB) agar suhu *annealing* dapat menyesuaikan dengan temperatur *melting* (TM) dari masing-masing primer. Setelah proses uji kemudian terpilih 3 primer yang digunakan dalam proses amplifikasi yaitu menggunakan 3 primer (*Operon Technologies Primer set A, 1st BASE Pte Ltd*) yaitu OPD-03, OPE-07 dan OPG-10. Proses amplifikasi dilakukan melalui proses *Polymerase Chain Reaction* (PCR) dengan komposisi bahan 1 µl primer (10rmol), 2 µl DNA template (50-200 ng), 12.5 µl 2X PCR Master Mix (Vivantis), dan 9.5 µl H₂O; dengan total volume 25 µl dicampur menjadi 1 unit. Selanjutnya dimasukkan dalam *thermocycler* dengan program PCR terdiri atas denaturasi awal pada suhu 94°C selama 2 menit; 35 siklus terdiri atas denaturasi pada suhu 94°C selama 1 menit, *annealing* sesuai TM primer selama 1 menit dan elongasi 72°C selama 2 menit dan diakhiri dengan elongasi akhir pada suhu 72°C selama 7 menit. Selanjutnya produk PCR dilihat melalui proses elektroforesis (jika belum dilanjutkan ketahap PCR sebaiknya sampel disimpan dalam freezer dengan suhu 4°C. Proses PCR untuk satu sampel ikan dilakukan sebanyak primer yang digunakan (3 primer), masing-masing primer dilakukan satu kali proses PCR.

Elektroforesis

Produk PCR yang dihasilkan dilanjutkan pada tahap elektroforesis dengan menggunakan media *gel agarose*. Produk PCR sebanyak 7 µl (sudah mengandung *dye*) pada *gel agarose + synergel 2%* pada media ½ TAE (*Tris Acetate EDTA*) ke dalam sumur pada *gel agarose*. Selanjutnya dialiri listrik dengan voltase 100 selama 30 menit, bersamaan dengan *melting 100bp Plus* (*Vintatis*) sebagai standar berat molekul. *Staining, gel* direndam dalam larutan *ethidium bromide* selama 30-60 menit. Kemudian divisualisasikan pada UV transluminator.

Metode Analisis Data

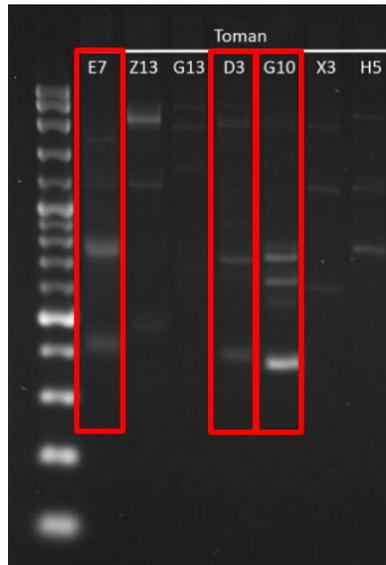
Melakukan *scoring* kemunculan fragmen DNA pada hasil elektroforesis dari tiga jenis primer yang terpilih setelah melalui tahap *screening*. Selanjutnya fragmen yang telah dihasilkan kemudian diubah menjadi data biner dengan memberikan *scoring* berdasarkan kemunculan fragmen DNA: angka (1) untuk kemunculan fragmen dan angka (2) untuk ketidakhadiran fragmen. Hasil yang diperoleh pada data biner kemudian dilakukan analisis menggunakan *Tools for Population Genetic Analysis* (TFPGA), sehingga diperoleh nilai persentase polimorfisme, heterozigositas dan jarak genetik. Selanjutnya membuat dendrogram serta uji perbandingan berpasangan *Fst* dengan menggunakan *Unweighted Pair Group Arithmetic Average* (UPGMA). Dendrogram digunakan untuk melihat kekerabatan spesies *C. micropeltes* antara populasi Sungai Sebangau dan Katingan, sedangkan uji perbandingan berpasangan digunakan untuk melihat kemampuan migrasi individu.

Melakukan *scoring* kemunculan fragmen DNA pada hasil elektroforesis dari tiga jenis primer RAPD (hasil seleksi primer) yang digunakan, selanjutnya fragmen yang dihasilkan diubah menjadi data biner. *Scoring* dilakukan dengan cara memberikan angka satu (1) merupakan nilai untuk kemunculan fragmen dan angka dua (2) merupakan nilai untuk ketidakhadiran fragmen. Keberadaan fragmen yang terbentuk dianggap merupakan satu buah lokus. Hasil yang diperoleh dari data biner kemudian dianalisis menggunakan *software* TFPGA (*Tools for Population Genetic Analysis*) sehingga dihasilkan nilai derajat polimorfisme, heterozigositas, dan jarak genetik. Pembuatan dendrogram digunakan untuk melihat pengelompokan hirarki ikan Toman yang berada di perairan Taman Nasional Sebangau serta koefisien nilai *Fst* digunakan untuk melihat kemampuan migrasi individu. Kedua analisis tersebut diperoleh menggunakan UPGMA (*Unweighted Pair Group Arithmetic Average*) (Miller, 1997).

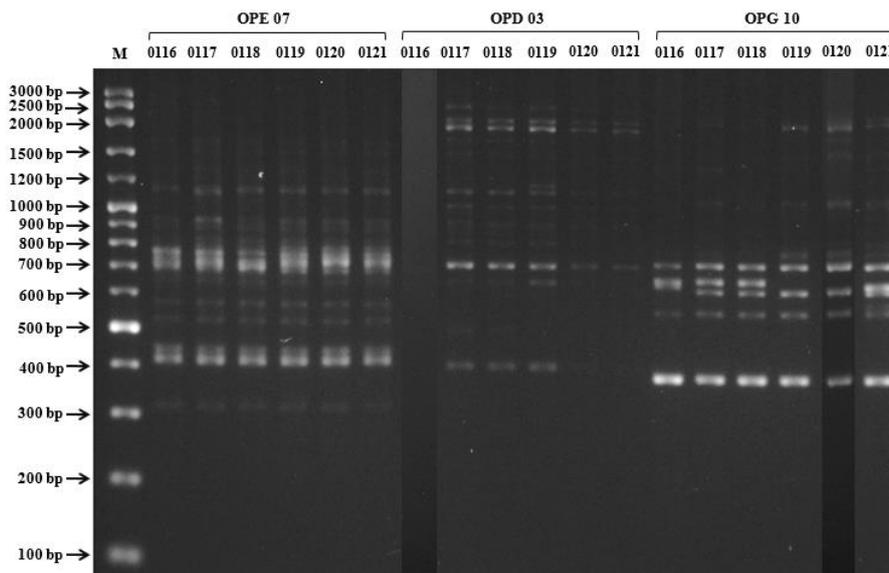
HASIL DAN PEMBAHASAN

Hasil

Hasil *screening* 7 (tujuh) primer yang digunakan pada penanda RAPD memperoleh hasil seperti tersaji pada Gambar 3. Hasil *screening* menunjukkan bahwa dari tujuh primer yang digunakan berhasil muncul pada tiga primer selama *polymorphic* dan konsisten. Adapun tiga primer yang berhasil muncul dan digunakan dalam penelitian ini yaitu OPD-03, OPE-07 dan OPG-10. Selanjutnya melakukan analisis populasi ikan *C. micropeltes* di Sungai Sebangau dan Katingan dengan menggunakan tiga primer terpilih. Hasil amplifikasi menggunakan primer OPD-03, OPE-07 dan OPG-10 sampel *C. micropeltes* terdiri atas 6 sampel dengan proporsi masing-masing 3 sampel dari Sungai Sebangau dan 3 sampel dari Sungai Katingan (Gambar 4).



Gambar 3 Hasil *screening* menggunakan 7 jenis primer RAPD (OPE-07, OPZ-13, OPG-13, OPD-03, OPG-10, OPX-03, OPH-05) Keterangan: Produk PCR hasil *screening* bertanda kotak berwarna merah



Gambar 4 Hasil amplifikasi DNA sampel ikan *C. micropeltes* sungai Sebangau dan sungai Katingan menggunakan primer OPE-07, OPD-03 dan OPG-10 (Keterangan: Kode sampel 116, 117, 118 = Sungai Sebangau; Kode sampel 119, 120, 121 = Sungai Katingan)

Jumlah lokus yang muncul dengan menggunakan tiga jenis primer (OPE-07, OPD-03, OPG-10) pada spesies *C. micropeltes* dikedua lokasi adalah 44 lokus. Kemunculan jumlah lokus terbanyak berada pada primer OPG-10 yaitu 16 lokus. Hasil amplifikasi menunjukkan bahwa jumlah fragmen dan ukuran DNA bervariasi yaitu antara 1 sampai 14 dengan kisaran 3 000 hingga 2 400 pasang basa. Jumlah fragmen spesies *C. micropeltes* populasi Sungai Sebangau yaitu 1 sampai 14 fragmen, sedangkan jumlah fragmen populasi Sungai Katingan yaitu 7-14 dengan kisaran ukuran fragmen masing-masing 300 sampai 2 400 bp. Kisaran jumlah fragmen tertinggi terdapat pada primer OPE-07 pada populasi Sungai Sebangau maupun Katingan, sedangkan jumlah terendah pada primer OPG-10 pada populasi Sungai Sebangau. Kisaran jumlah fragmen terpanjang terdapat pada primer OPD-03 populasi Sungai Sebangau maupun Katingan dengan kisaran 400 sampai 2 400 pb, sedangkan ukuran terpendek terdapat pada primer OPE-07 pada populasi Sungai Sebangau maupun Katingan dengan kisaran 300 sampai 1 700 pb (Tabel 2).

Diperoleh nilai keragaman genetik berdasarkan persentase polimorfisme dan heterozigositas *C. micropeltes* populasi Sungai Sebangau dan Katingan yang disajikan pada Tabel 3. Persentase polimorfisme pada populasi Sungai Sebangau dan Katingan memiliki persentase yang sama yaitu 43%. Selanjutnya analisis heterozigositas yang digunakan untuk menggambarkan keragaman genetik. Diperoleh nilai heterozigositas spesies *C. micropeltes* populasi Sungai Sebangau dan Katingan tidak jauh berbeda yaitu 0.2323 dan 0.2067. Secara keseluruhan, nilai persentase polimorfisme antar Sungai Sebangau dan Katingan yaitu 66% dengan nilai heterozigositas 0.2781.

Secara statistik dengan menggunakan uji perbandingan berpasangan *Fst* menunjukkan perbedaan keragaman genetik intrapopulasi spesies *C. micropeltes* yang disajikan pada Tabel 4. Diperoleh hasil uji perbandingan berpasangan *Fst* yang menunjukkan bahwa tidak ditemukan perbedaan karakter genetik yang signifikan antara *C. micropeltes* populasi Sungai Sebangau dan Katingan ($p > 0.05$).

Dendrogram digunakan untuk menggambarkan hubungan kekerabatan berdasarkan jarak genetik spesies *C. micropeltes* antar populasi. Dendrogram terbentuk dengan menggunakan hubungan *Unweighted Pair Group Arithmetic Average* (UPGMA) yang menunjukkan hubungan kekerabatan antara populasi Sungai Sebangau dan Katingan dengan jarak node yaitu 0.6312 (Gambar 5). Hasil tersebut menunjukkan bahwa jarak genetik *C. micropeltes* pada populasi Sungai Sebangau dan Katingan yaitu 0.2471 (Tabel 5).

Tabel 1 Jenis primer yang digunakan pada tahap *screening* beserta urutan basa dan panjang nukleotida

Jenis Primer	Urutan Basa (5'-3')	Panjang Nukleotida
OPD-03*	GTCGCCGTCA	10 mer
OPE -07*	AGATGCAGCC	10 mer
OPH-05	AGTCGTCCCC	10 mer
OPG-10*	AGGGCCGTCT	10 mer
OPG-13	CTCTCCGCCA	10 mer
OPX-03	TGGCGCAGTG	10 mer
OPZ-13	GGGTCTCGGT	10 mer

*primer yang digunakan dalam penelitian ini

Tabel 2 Jumlah dan ukuran fragmen DNA populasi Sungai Sebangau dan Katingan

Primer	Kisaran Jumlah Fragmen		Kisaran Ukuran Fragmen		Jumlah Lokus Per Primer
	Sebangau	Katingan	Sebangau	Katingan	
OPE-07	12-14	14	300-1 700	300-1 700	14
OPD-03	1-13	7-13	400-2 400	400-2 400	14
OPG-10	4-9	7-13	300-1 900	300-2 100	16
Total kisaran	1-14	7-14	300-2 400	300-2 400	44

Tabel 3 Persentase polimorfisme dan tingkat heterozigositas populasi

Populasi	Polimorfisme (%)	Heterozigositas
Sebangau	43	0.2323
Katingan	43	0.2067
Antar populasi	66	0.2781

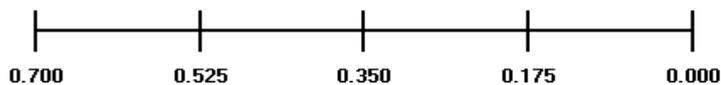
Tabel 4 Hasil uji perbandingan berpasangan Fst

Populasi	Sebangau	Katingan
Sebangau	****	
Katingan	1.0000	****

Keterangan= $p > 0.05$ = tidak berbeda nyata; $p < 0.05$ = berbeda nyata

Tabel 5 Jarak genetik *Channa micropeltes* populasi Sungai Sebangau dan Katingan berdasarkan Roger's (1972) dan modifikasi Wright's (1978)

Populasi	Sungai Sebangau	Sungai Katingan
Sebangau	****	
Katingan	0.2471	****



Jarak Node : 0.6312

Gambar 5 Visualisasi jarak genetik populasi *C. micropeltes* di perairan Taman Nasional Sebangau

Pembahasan

Keragaman fenotip individu dalam suatu populasi merupakan kombinasi antara variasi genotip dengan kondisi lingkungannya. Keragaman genetik memiliki peran penting dalam menjaga kestabilan dan kemampuan populasi untuk bertahan hidup seperti pencegahan terhadap kehilangan *fitness* individu akibat perkawinan sekerabat (*inbreeding*) yang dapat menyebabkan kepunahan karena sifat yang seragam dalam populasi yang sama (Ferguson *et al.*, 1995). Ragam genetik merupakan parameter kunci yang dapat digunakan untuk mengetahui tingkat kebugaran dalam populasi yang dapat menjamin keberlanjutan dan kemampuan merespon seleksi alam ataupun buatan (Lorenzen *et al.*, 2012). Faktor lingkungan (kondisi habitat) dapat memengaruhi stabilitas struktur genetik kaitannya dengan aktivitas pertukaran gen dan aliran gen antar populasi pada proses seleksi dan persilangan. Perbedaan variasi genetik ikan di lingkungan alami maupun lingkungan budidaya diketahui berdasarkan persentase polimorfisme, keragaman alel, tingkat heterozigositas dan pengujian melalui uji perbandingan Fst (Wigati *et al.*, 2003).

Perbedaan jumlah dan ukuran fragmen sangat menentukan tingkat polimorfisme. Berdasarkan analisis dengan menggunakan penanda RAPD dapat diketahui keragaman genetik spesies *C. micropeltes* berdasarkan persentase polimorfisme dan nilai heterozigositas. Dikatakan polimorfik jika terdapat pita yang muncul pada satu jenis parental tetapi tidak muncul pada parental lain (Soewardi, 2007). Persentase polimorfisme *C. micropeltes* populasi Sungai Sebangau maupun Katingan memiliki nilai yang sama yaitu 43%. Nilai yang diperoleh menunjukkan bahwa tingkat keragaman genetik spesies *C. micropeltes* Sungai Sebangau dan Katingan tergolong rendah jika dibandingkan dengan populasi spesies *C. striata* populasi Jawa, Sumatera dan Kalimantan yaitu secara berturut-turut 83%, 69% dan 81% (Gustiano *et al.*, 2013). Berbeda dengan populasi *C. striata* pada beberapa lokasi geografis diperoleh nilai derajat polimorfisme yang tergolong rendah dibandingkan dengan nilai yang diperoleh pada penelitian ini yaitu berkisar 15% sampai dengan 31% (Bhat *et al.*, 2014). Penelitian lainnya oleh Mohd. Husin (2007) di perairan Malaysia terhadap beberapa spesies *Channa* diantaranya *C. striata*, *C. gachua*, *C. maruloides*, *C. micropeltes*, *C. melasoma* dan *C. lucius* memperoleh nilai derajat polimorfisme yang tidak jauh berbeda dengan nilai yang diperoleh pada penelitian ini yaitu nilai paling tinggi pada spesies *C. lucius* (47%) dan terendah pada spesies *C. melasoma* (9%). Nilai polimorfik yang rendah berindikasi bahwa populasi alami jenis ikan tersebut tergolong kecil. Selanjutnya nilai heterozigositas, nilai tersebut menggambarkan tingkat keragaman genetik yang didasarkan pada proporsi jumlah individu yang heterozigot dalam populasi yang dapat mengindikasikan kemampuan dari individu untuk beradaptasi terhadap lingkungan, dimana semakin tinggi nilai heterozigositas dapat mengindikasikan bahwa semakin banyak pula gen yang terlibat sebagai penyumbang tingkat kebugaran dalam suatu populasi (Soewardi, 2007; Tave, 1993). Nilai heterozigositas *C. micropeltes* yang diperoleh berkisar antara 0.2067-0.2323. Pada suatu populasi yang memiliki keragaman genetik rendah akan berdampak terhadap kemampuan adaptasi untuk bertahan hidup seperti organisme memiliki sintasan yang kecil, ukuran yang beragam dan tingkat *survival* yang rendah terhadap perubahan lingkungan (Leary *et al.*, 1985; Frankham, 1999; Soewardi, 2007). Rendahnya nilai heterozigositas dan variasi gen pada suatu populasi dapat berakibat hilangnya alel yang berpotensi misalnya alel terkait dengan proses pertumbuhan, tingkat *survival* serta timbulnya abnormalitas terhadap keturunan yang dihasilkan.

Perbedaan genetik diantara populasi *C. micropeltes* diperoleh dengan uji perbandingan berpasangan Fst. Hasil uji menunjukkan bahwa tidak ditemukan perbedaan genetik yang nyata antara spesies *C. micropeltes* populasi Sungai Sebangau dan Katingan ($p > 0.05$). Hal ini menunjukkan bahwa *C. micropeltes* populasi Sungai Sebangau dan Katingan memiliki banyak unsur kesamaan materi genetik. Hal tersebut dapat terjadi karena *C. micropeltes* masih berada dalam wilayah geografis yang sama yaitu wilayah kawasan Taman Nasional Sebangau. Letak geografis yang relatif dekat memungkinkan keragaman genetik ikan akan memiliki tingkat kemiripan dan akan berada dalam satu kelompok.

Keragaman genetik antar populasi dapat diketahui berdasarkan jarak genetik dalam pengelompokan ikan yang menggambarkan perbedaan nilai suatu ciri antara kelompok satu dengan lainnya. Semakin kecil nilai jarak genetik maka akan semakin kecil pula keragaman antar populasi tersebut (Wilujeng *et al.*, 2014). Jarak genetik *C. micropeltes* pada populasi Sungai Sebangau dan Katingan yaitu 0.2471. Jarak genetik yang tinggi pada suatu populasi memperlihatkan bahwa populasi tersebut memiliki keragaman genetik. Keragaman genetik yang tinggi dalam suatu populasi mengindikasikan bahwa ketersediaan stok ikan di alam masih relatif tinggi dan aktivitas penangkapan yang masih tergolong selektif menangkap jenis dan ukuran, sehingga memungkinkan untuk terjadinya perkawinan secara acak. Jika dibandingkan dengan penelitian lainnya menunjukkan bahwa nilai jarak genetik di perairan ini tergolong rendah dibandingkan dengan jarak genetik spesies *Channa* di perairan India yaitu berkisar 0.3292-0.800. Keragaman genetik memiliki keterkaitan dengan letak geografis, hal ini sesuai dengan pernyataan Nagarajan *et al.* (2006) yang menyatakan bahwa keragaman genetik spesies *C. punctatus* di India berkorelasi positif dengan jarak secara geografis.

Berbagai aktivitas manusia yang melakukan kerusakan dan pencemaran terhadap lingkungan perairan dengan adanya aktivitas penangkapan berlebih, menggunakan alat tangkap yang tidak selektif dan tidak ramah lingkungan seperti penyetruman, penggunaan bom dan bahan kimia dapat mengancam keberadaan suatu spesies sehingga perlunya kesadaran dan kerjasama untuk melestarikan plasma nutfah. Hasil penelitian ini

bermanfaat untuk memahami hubungan genetik antara populasi *C. micropeltes* di perairan TNS, pengelolaan yang efektif, konservasi dan sebagai informasi yang efektif untuk program penangkaran. Penelitian ini juga bermanfaat sebagai referensi penelitian untuk studi molekuler di masa yang akan datang pada spesies *Snakehead*.

SIMPULAN

C. micropeltes yang ditemukan di perairan TNS pada Sungai Sebangau dan Katingan berasal dari satu nenek moyang yang sama. Spesies *C. micropeltes* populasi Sungai Sebangau dan Katingan diperoleh nilai keragaman genetik cenderung rendah dan berpotensi rendah. Diprediksi pada masa yang akan datang populasi *C. micropeltes* di perairan TNS cenderung homozigot secara genetik. Dapat pula disimpulkan bahwa penanda genetik RAPD sangat berguna untuk mengumpulkan data tentang variasi genetik stok populasi ikan di alam pada wilayah geografis yang sama. Informasi ini juga bermanfaat untuk perencanaan strategi guna perbaikan dalam pemuliaan oleh para ahli dan peneliti selanjutnya.

UCAPAN TERIMA KASIH

Penelitian ini merupakan penelitian kolaborasi bersama *World Wildlife Fund (WWF)* Indonesia cabang Kalimantan Tengah. Para penulis mengucapkan terima kasih kepada Tim Riset TNS: Nurasih Riza dan Sifa Nurseptiani, juga kepada staf WWF Indonesia cabang Kalimantan Tengah yang telah membantu dalam memberi saran, penyediaan alat dan bahan penelitian serta membantu dalam pengambilan sampel: Okta Simon, Ma'mun Ansori, Fenky Wirada, Muh. Porkab Pratama, Karnalo, Ari, Supri, Kusnadi, Antoni, Agus, Zainal, dan Tarmin.

DAFTAR PUSTAKA

- Almeida FS, Fungaro MHP, Sodre LMK. 2001. RAPD and isoenzyme analysis of genetic variability in three allied species of catfish (Silluriformes, Pimelodidae) from the Tibagi river, Brazil. *Journal Zoology*. 253: 113-120.
- Almeida FS, Sodre LMK, Contel EPB. 2003. Population structure analysis of *Pimelodus maculatus* (Pisces, Siluriformes) from the Tiete and Paranapanema Rivers (Brazil). *Genetics and Molecular Biology*. 26: 301-305.
- Alviodinasyari R, Pribadi ES, Soejoedono RD. 2019. Kadar protein terlarut dalam albumin ikan gabus (*Channa striata* dan *Channa micropeltes*) asal bogor. *Jurnal Veteriner*. 20(3): 436-444.
- Ambak MA, Mansor MAZM, Mazlan AG. 2012. Fishes of Malaysia. Malaysia (MY): Universiti Malaysia Terengganu.
- Baie SH, Sheikh KA. 2000. The wound healing properties of *Channa striatus*-cetrimide cream-tensile strength measurement. *Journal Ethnopharmacol*. 71(1-2): 93-100.
- Bardakci F, Skibinski DOF. 1994. Application of the RAPD technique in tilapia fish: species and subspecies identification. *Heredity*. 73: 117-123.
- Bhat AA, Haniffa MA, Divya PR, Gopalakrishnan A, Milton MJ, Kumar R, Paray BA. 2012. Molecular characterization of eight Indian *Snakehead* species (Pisces: Perciformes Channidae) using RAPD meltings. *Molecular Biology Reports*. 39: 4267-4273.
- Bhat AA, Haniffa MA, Milton MJ, Paray BA, Divya PR, Gopalakrishnan A. 2014. *International Journal of Biodiversity and Conservation*. 6(5): 363-372.
- Dergam JA, Paiva SR, Schaeffer CE, Godinho AL, Vieira F. 2002. Phylogeography and RAPD-PCR variation in *Hoplias malabaricus* (Bloch 1794). (Pisces, Teleostei) in Southeastern Brazil. *Genetics and Molecular Biology*. 25: 379-387.

- Dinesh KR, Lim TM, Chan WK, Phang VPE. 1996. Genetic variation inferred from RAPD fingerprinting in three species of Tilapia. *Aquaculture International*. 4: 19-30.
- Dunham RA. 2011. *Aquaculture and Fisheries Biotechnology: Genetic Approach*. Wellingford (UK): CAB International.
- Ferguson A, Taggart JB, Prodohi PA, McMeel O, Thompson C, Stone C, McGinnity P, Hynes RA. 1995. The application of molecular *meltings* to the study and conservation of fish populations, with special reference to Salmon. *Journal Fish Biology*. 47: 103-126.
- Frankham R. 1999. Quantitative genetic in conservation biology. *Genetics Pres Cam*. 74: 237-244.
- Gil LA. 2007. PCR-based methods for fish and fishery products authentication. *Trends Food Sci Technol*. 18(11): 558-566.
- Gustiano R, Oktaviani T, Soelistyowati DT, Kusmini II, Wahyutomo, Huwoyon GH. 2013. Analisis ragam genotip RAPD dan fenotip truss morfometrik pada tiga populasi ikan gabus (*Channa striata* (Bloch 1793)). *Berita Biologi*. 12(3): 325-333.
- Hadrys H, Balick M, Schierwater B. 1992. Applications of random amplified polymorphic DNA (RAPD) in molecular ecology. *Molecular Ecology*. 1: 55-63.
- Ikpeme EV, Udensi OU, Ekaluo UB, Kooffreh ME, Okolo CM, Ekpo PB, Ogbonna NC. 2015. Unveiling the genetic diversity in *Clarias gariepinus* (Burchell, 1822) using random amplified polymorphism DNA (RAPD) fingerprinting technique. *Asian Journal of Animal Science*. 9(5): 187-197.
- Jais AM, McCulloh R, Croft K. 1994. Fatty acid and amino acid composition in Haruan as a potential role in wound healing. *Gen Pharmacol*. 25: 947-950.
- Jais AM. 2007. Pharmacognosy and pharmacology of Haruan (*C. striatus*), a medicinal fish with wound healing properties. *Boletin Latinoamericano y del Caribe de Plantas Medicinales y Aromaticas*. 6: 52-60.
- Leary RF, Allendorf FW, Knudsen KL. 1985. Development instability and high meristic counts in interspecific hybrid of salmonid fishes. *Evolution*. 39: 318-326.
- Liu ZJ, Li P, Argue BJ, Dunham RA. 1998. Inheritance of RAPD *meltings* in channel catfish (*Ictalurus punctatus*), blue catfish (*I. furcatus*) and their F1, F2 and backcross hybrids. *Animal Genetics*. 29: 58-62.
- Lorenzen K, Beveridge MCM, Mangel M. 2012. Cultured fish: integrative biology and management of domestication and interactions with wild fish. *Biology Review*. 87: 639-660.
- Mahboob S, Al-Ghanim KA, Al-Misned F, Al-Balawi A, Ashraf A, Al-Mulhim NMA. 2019. Genetic diversity in tilapia populations in freshwater reservoir assayed by randomly amplified polymorphic DNA *meltings*. *Saudi Journal of Biological Sciences*. 26: 363-367.
- Miller MP. 1997. *Tools for Population Genetic Analysis (TFPGA) Version 1.3*. Arizona (US): Northern Arizona University.
- Mohd. Husin NB. 2007. Morphological and genetic variability of Malaysian *Channa spp* based on morphometric and RAPD techniques [tesis]. Penang (MY): Universiti Sains Malaysia.
- Nagarajan M, Haniffa MA, Gopalakrishnan A, Baheer VS, Muneer A. 2006. Genetic variability of *Channa punctatus* populations using random amplified polymorphic DNA. *Aquaculture Research*. 37: 1151-1155.
- Nicodemus, Andrie M, Luliana S. 2014. Uji efek penyembuhan luka sayat ekstrak ikan toman (*Channa micropeltes*) secara oral pada tikus putih jantan wistar. *Jurnal UNTAN*. 1(1): 1-14.
- Pazzini S, Segos I, Favilli L, Manganelli G. 2014. The first european record of the Indonesian *Snakehead*, *Channa micropeltes* (Actinopterygii: Perciformes: Channidae). *Acta Ichthyologica et Piscatoria*. 44(2): 153-155.
- Rashid J, Tamanna FM, Hossain MAR, Alam MS. 2012. Genetic variation in endangered butter catfish, (*Ompok bimaculatus* Bloch) population revealed by random amplified polymorphism DNA (RAPD) fingerprinting. *International Journal of Biosciences*. 2(9): 85-93.

- Shafri MAM, Abdul MMJ. 2012. Therapeutic potential of the haruan (*Channa striatus*): from food to medicinal uses. *Malaysian Journal of Nutrition*. 18(1): 125-136.
- Soewardi K. 2007. *Pengelolaan Keragaman Genetik Sumberdaya Perikanan dan Kelautan*. Bogor (ID): Institut Pertanian Bogor.
- Tave D. 1993. *Genetic for Fish Hatchery Managers*. Netherland (NL): Kluwer Acad Publ.
- Welsh J, McClelland M. 1990. Fingerprinting genome using PCR with arbitrary primers. *Nucleic Acids Research*. 18: 7213-7218.
- Wigati E, Permana GN, Susanto G. 2003. Variasi genetik angoli berdasarkan pola pita allozim. *Jurnal Ilmiah Nasional*. 8(6): 465-471.
- Williams JGK, Kubeli AR, Livak KJ, Rafalski JA, Tingey SV. 1990. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic *meltings*. *Nucleic Acid Research*. 18: 6513-6535.
- Wilujeng L, Mahasri G, Mufasirin. 2014. Keragaman gen cytochrome b pada sidat (*anguila bicolor*) berdasarkan restriction fragment length polymorphism (RFLP). *Jurnal Ilmiah Perikanan dan Kelautan*. 6(2): 117-123.