

# Book Chapter

*By* Book Chapter M Syaifudin M Syaifudin dkk



# IKAN NATIF DAN ENDEMIK INDONESIA

*BIOLOGI, KONSERVASI DAN PEMANFAATAN*

Editors:

Zainal A. Muchlisin

Agustiana

Bintal Amin

Agung Dhamar Syakti

Luky Adrianto

Supported by:  
Forum Pimpinan  
Perguruan Tinggi  
Perikanan dan Kelautan  
Indonesia (FPPTPKI)



1

*IKAN NATIF DAN ENDEMIK INDONESIA: BIOLOGI, KONSERVASI DAN PEMANFAATAN*

---

1

## **IKAN NATIF DAN ENDEMIK INDONESIA: BIOLOGI, KONSERVASI DAN PEMANFAATAN**

**Editors:** Zainal A. Muchlisin, Agustiana, Bintal Amin, Agung Dhamar Syakti  
dan Luky Adrianto

**Layout:** Agung S. Batubara

**Cover:** Firman M. Nur

**Foto cover, credit to:** Z. A. Muchlisin, D. Lumbantobing, H. Salam, dan  
Pinterest (Smart Tech)

7

**ISBN:** 978-623-7936-68-8

Diterbitkan Oleh:

**Bandar Publishing**

Jl. Teungku Lamgugob, Syiah Kuala Banda Aceh Provinsi

Aceh. Hp. 08116880801 IG. bandar.publishing

TW. @bandarbuku FB. Bandar Publishing

**Anggota IKAPI**

**Dicetak oleh:**

**Percetakan Bandar di Lamgugob Banda Aceh**

*(Isi diluar tanggung jawab percetakan)*

**Cetakan Pertama, November 2020**

**Halaman: vi + 168 hlm**

**Ukuran: 16 x 24**

4

**Undang-Undang No. 19 tahun 2002 | Tentang Hak Cipta**

1. Barang siapa sengaja melanggar dan tanpa hak melakukan perbuatan sebagaimana dimaksud dalam pasal (2) Ayat (1) atau pasal 49 Ayat (1) dan Ayat (2) dipidana dengan pidana penjara masing-masing paling singkat 1 bulan dan/atau denda paling sedikit Rp. 1.000.000,- (satu juta rupiah) atau pidana penjara paling lama 7 (tujuh) tahun dan/atau denda paling banyak Rp. 500.000.000 (lima ratus juta rupiah)

2. Barang siapa dengan sengaja menyiarkan, memamerkan, mengedarkan, atau menjual kepada umum suatu ciptaan atau barang hasil pelanggaran hak ciptaan atau hak terkait sebagai pada Ayat (1) dipidanan dengan pidana penjara paling lama 5 (lima) tahun dan/atau denda paling banyak Rp.500.000.000 (lima ratus juta rupiah)

## KATA PENGANTAR EDITOR

Assalamualaikum wr wb

Syukur Alhamdulillah kita panjatkan kehadiran Allah SWT yang telah memberi kita waktu dan kesehatan sehingga dapat menyelesaikan buku ini dengan baik. Shalawat teriring salam juga kita sampaikan kepada junjungan alam Nabi Besar Muhamamd SAW yang telah membawa kita ke alam yang penuh ilmu pengetahuan.

*Book Chapter* yang berjudul “Ikan Natif dan Endemik Indonesia: Biologi, Konservasi dan Pemanfaatannya” terdiri dari 12 Bab, masing-masing Bab membahas secara khusus topik-topik terkait aspek Biologi, Konservasi atau Pemanfaatannya. Sebagian besar berupa artikel review yang secara spesifik membahas tentang keragaman jenis dan distribusi ikan-ikan endemik yang sangat menarik untuk dibaca dan dijadikan rujukan. Bab 1 dan Bab 4 misalnya, secara komprehensif merangkum ikan-ikan endemik yang ada di Sumatera khususnya Aceh dan Bengkulu. Bab 2 dan Bab 3 membahas tentang ikan-ikan endemik yang ada di Pulau Bali dan Kalimantan, sedangkan Bab 5 membahas tentang ikan asli dan endemik di Kepulauan Halmahera. Sedangkan Bab selanjutnya membahas tentang beberapa aspek ikan asli dan endemik dari beberapa kawasan di Indonesia.

Kami berharap buku ini dapat menggambarkan dan mendokumentasikan kekayaan ikan yang ada di Indonesia, dan kita juga berharap “Forum Pimpinan Perguruan Tinggi Perikanan dan Kelautan Indonesia dapat menginisiasikan kembali penulisan buku serupa dimasa mendatang. Terimakasih

Banda Aceh, 12 November 2020  
Ketua Editor

Prof. Zainal A. Muchlisin, Ph.D  
Dekan FKP Unsyiah 2018-2022

1

3

## KATA PENGANTAR

### KETUA FORUM PIMPINAN PERGURUAN TINGGI PERIKANAN DAN KELAUTAN INDONESIA (FP2TPKI)

Assalamu'alaikum wr.wb,

*"I believe that rocket scientists have it easy... The USA was able to put a man on the moon within a decade of setting that goal. Achieving **biological and economically sustainable fisheries** has proven more elusive."* (Hilborn, 2007. *Fish and Fisheries* 8 ; 285-296)

*Gratias Deo....!!* Alhamdullillah, dengan memanjatkan puji syukur ke hadirat Allah SWT buku Bunga Rampai Forum Pimpinan Perguruan Tinggi Perikanan dan Kelautan Indonesia (FP2TPKI) ini diterbitkan. Setidaknya ada 3 tujuan utama penyusunan buku ini. **Pertama**, buku ini diharapkan dapat menjadi salah satu *benchmark* (patokan) sekaligus reposisi dari khasanah keilmuan perikanan dan kelautan (*fisheries and marine sciences*) bercirikan Indonesia, yang ditulis sebagai bagian dari riset dan pengalaman akademik empiris dari para staf pengajar yang tergabung dalam perguruan tinggi anggota FP2TPKI. **Kedua**, buku ini diharapkan dapat menjadi buku referensi penting bagi mahasiswa fakultas/departemen/jurusan/program studi ilmu perikanan, maupun dosen dan peneliti yang tertarik dengan *updates* ilmu perikanan khususnya bidang ilmu perikanan dan kelautan. **Ketiga**, buku ini merupakan bentuk dari *passion* perguruan tinggi perikanan dan kelautan seluruh Indonesia untuk tetap melakukan artikulasi keilmuan kepada generasi muda dalam bentuk warisan ilmu yang tentu saja bermanfaat bagi pengembangan keilmuan perikanan dan kelautan itu sendiri. Dengan demikian penerbitan buku ini diharapkan dapat menjadi tradisi baik bagi FP2TPKI untuk terus mencerdaskan bangsa melalui penerbitan buku-buku sejenis, khususnya yang terkait dengan keilmuan perikanan dan kelautan.

Semoga buku ini bermanfaat sebagaimana yang diharapkan. Aamiin ya Allahumma Aamiin.

Wa'alaikum salam wr wb.

Bogor, 12 November 2020

**Luky Adrianto, M.Sc., PhD**

*Dekan FPIK-IPB/*

*Ketua FP2TPKI 2015-2020.*

## DAFTAR ISI

KATA PENGANTAR EDITOR	iii
KATA PENGANTAR	iv
DAFTAR ISI	v
DAFTAR TABEL	vii
DAFTAR GAMBAR	viii
<b>BAB 1 . IKAN AIR TAWAR ENDEMIK DI PERAIRAN ACEH, INDONESIA</b> <i>(Agung S. Batubara, Firman M. Nur, Zainal A. Muchlisin)</i>	1
<b>BAB 2. IKAN AIR TAWAR ENDEMIK DI BALI, INDONESIA</b> <i>(I Wayan Arthana, Abd. Rahman As-syakur)</i>	15
<b>BAB 3. IKAN ASLI DAN INVASIF DI PULAU KALIMANTAN</b> <i>(Sulistiono Sulistiono, Ridwan Affandi, M. Fadjar Pahardjo)</i>	29
<b>BAB 4. SUMBERDAYA IKAN AIR TAWAR DI PROVINSI BENGKULU: TELAAH POTENSI, PEMANFAATAN DAN PENGELOLAAN</b> <i>(Zamdial Zamdial)</i>	45
<b>BAB 5. HIDROBIOLOGI SUNGAI TABOBO DAN SEKITARNYA, HALMAHERA TENGAH: KEANEKARAGAMAN DAN STATUS IKAN, SERTA KONDISI HABITAT AKUATIK</b> <i>(Sulistiono, Reza Maulana, Sigid Hariyadi, D.M. Wildan)</i>	73
<b>BAB 6. BEBERAPA ASPEK BIOLOGI IKAN KELI (<i>Clarias nieuhofii</i>) JANTAN PADA KEGIATAN AWAL DOMESTIKASI</b> <i>(Ilham Muttakin, Endang Bidayani, Ahmad Fahrul Syarif, Robin, Eva Prasetyono, Denny Syaputra)</i>	88
<b>BAB 7. KEBIASAAN MAKANAN DAN TINGKAT TROFIK IKAN TERANCAM PUNAH <i>Macrochirichthys macrochirus</i> DI DANAU SEMAYANG DAN MELINTANG PROVINSI KALIMANTAN TIMUR INDONESIA</b> <i>(Mohammad Mustakim, Iwan Suyatna, Akhmad Rafii, Stefanus Alexander Samson)</i>	99
<b>BAB 8. PENGGUNAAN SHELTER YANG BERBEDA TERHADAP LAJU PERTUMBUHAN DAN SINTASAN IKAN BANGGAI CARDINALFISH</b> <i>(<i>Pteropogon kuderni</i>)</i> <i>(Hairu salam, Tasruddin Tasruddin, Herdiyanto Herdiyanto, Rachmawati Rachmawati)</i>	112
<b>BAB 9. BARKOD DNA DAN KEKERABATAN IKAN DI PERAIRAN TAWAR SUMATERA SELATAN</b>	

<i>(Mochamad Syaifudin, Herpandi Herpandi, Dade Jubaedah, Rinto Rinto)</i>	124
<b>BAB 10. PENGARUH KECEPATAN ALIRAN AIR TERHADAP KUALITAS AIR PADA BUDIDAYA IKAN KERAPU MACAN (<i>Epinephelus fuscogutattus</i>)</b> <i>(Marcelien Djublina Ratoe Oedjoe, Ade Yulita H. Lukas, Kiik G Sine, Franchy Ch. Liufeto)</i>	141
<b>BAB 11. PENGARUH FREKUENSI PEMBERIAN PAKAN ALAMI CACING TANAH <i>Lumbricus Rubellus</i> TERHADAP KELULUSHIDUPAN DAN PERTUMBUHAN LARVA IKAN BAUNG (<i>Hemibagrus Nemurus</i>)</b> <i>(Mutlas Ade Putra, Teuku Iskandar Johan, Muhammad Hasby)</i>	155
<b>BAB 12. KARAKTERISTIK BIOLOGI DAN PEMANFAATAN IKAN HULUU <i>Giuris margaritaceae</i> DI DANAU LIMBOTO, PROVINSI GORONTALO, INDONESIA</b> <i>(Nurul Auliyah, Hanifa Gobel, Ismail Mojo, Yunce Totoo)</i>	167

## DAFTAR TABEL

Tabel 3.1. Jenis spesies ikan asing yang masuk ke perairan Indonesia (Rahardjo, 2011) .....	34
Tabel 4.1. Jenis-jenis ikan air tawar domestikasi di Provinsi Bengkulu .....	51
Tabel 4.2. Beberapa jenis ikan yang ditemukan di perairan umum Pulau Enggano .....	53
Tabel 4.3. Jenis-jenis ikan yang ditemukan di Danau Tes Kabupaten Lebong, Provinsi Bengkulu. ....	55
Tabel 4.4. Jenis-jenis ikan air tawar yang ditemukan di beberapa wilayah di Provinsi Bengkulu .....	57
Tabel 4.5. Jenis-jenis ikan yang dibudidayakan di Provinsi Bengkulu .....	61
Tabel 4.6. Distribusi dan stadia <i>eeI</i> yang ditemukan di Provinsi Bengkulu.....	67
Tabel 5.1. Karakteristik umum stasiun pengamatan.....	76
Tabel 5.2. Hasil pengamatan suhu, kekeruhan, TSS dan pH perairan Sungai Tabobo dan sekitarnya .....	79
Tabel 5.3. Hasil pengamatan pH, DHL, salinitas perairan Sungai Tabobo dan sekitarnya.....	80
Tabel 5.4. Jenis dan status ikan yang ditemukan di perairan Sungai Tabobo dan sekitarnya.....	82
Tabel 6.1. Nilai IKG keli selama penelitian.....	93
Tabel 6.2. Hasil pengukuran kualitas air selama penelitian.....	95
Tabel 7.1. Korelasi antara selang ukuran panjang ikan Parang dengan komposisi jenis makanan. ....	106
Tabel 8.1. Kisaran Kualitas Air selama peneltian .....	119
Tabel 9.1. Perbedaan DNA marker pada inti dan mitokondria .....	128
Tabel 9.2. Barkode DNA ikan di perairan tawar Sumatera .....	132
Tabel 10.1. Rata-rata kandungan oksigen terlarut selama penelitian (mg/L). ....	148
Tabel 12.1. Tingkat Kematangan Gonad Ikan (Effendie, 2002).....	171
Tabel 12.2. Panjang Bobot dan Faktor Kondisi Ikan Huluu .....	173
Tabel 12.3. Nisbah Kelamin Ikan Huluu .....	174
Tabel 12.4. Jumlah ikan Huluu yang tertangkap pada setiap stasiun .....	177



## DAFTAR GAMBAR

Gambar 1.1. Ikan laga <i>Betta rubra</i> . Sumber Nur (2019).....	5
Gambar 1.2. Ikan kawan <i>Poropuntius tawarensis</i> . Sumber Muchlisin (2008b) .....	6
Gambar 1.3. Seluang/bileh <i>Rasbora arundinata</i> (Lumbantobing, 2014) .....	8
Gambar 1.4 Ikan seluang/bileh <i>Rasbora kluetensis</i> (skala bar 1 cm) (Lumbantobing, 2010) .....	8
Gambar 1.5 Ikan seluang/bileh <i>Rasbora nodulosa</i> (Lumbantobing, 2010) .....	9
Gambar 1.6. Ikan seluang/bileh <i>Rasbora truncata</i> (skala bar 1 cm). (Lumbantobing, 2010) .....	10
Gambar 1.7. Ikan depik <i>Rasbora tawarensis</i> (Muchlisin <i>et al.</i> , 2011a) .....	10
Gambar 2.1. Wilayah distribusi genus <i>Rasbora</i> berdasarkan studi literatur (area berwarna abu-abu) (modifikasi dari Liao <i>et al.</i> , 2010).....	18
Gambar 2.2. Spesimen <i>Rasbora</i> sp. yang digunakan oleh Kusuma <i>et al.</i> (2016) untuk menunjukkan contoh <i>Rasbora</i> sp. klade Jawa bagian timur, Bali, Lombok, dan Sumbawa. Keberadaan SAP (+SAP) dan tidak adanya BCB (-BCB) merupakan salah satu karakter kunci diagnostik morfologis dari <i>Rasbora</i> sp. yang ada di Bali. ....	19
Gambar 2.3. Pohon filogenetik genus <i>Rasbora</i> sp. berdasarkan analisis DNA barcoding yang dibuat oleh Kartika and Juliyantoro (2018b) berdasarkan sampel <i>Rasbora</i> sp. di Danau Beratan dan Buyan, dataran tinggi Bedugul, Bali. ....	21
Gambar 2.4. (A) Gambar skematis <i>R. lateristriata</i> yang dibuat oleh Lumbantobing (2014) serta foto salah satu spesimen (B) <i>R. lateristriata</i> (Spesimen BIF3515; Kali Salak, Kabupaten Japara, Jawa Tengah) dan (C) <i>R. baliensis</i> (Spesimen BIF2640; Air Terjun Aling-Aling, Kabupaten Buleleng, Bali) yang digunakan oleh Hubert <i>et al.</i> (2019) untuk mengidentifikasi spesies <i>R. baliensis</i> dan <i>R. lateristriata</i> . Foto-foto tersebut penulis peroleh dari Page (2016a) untuk <i>R. lateristriata</i> dan dari Page (2016b) untuk <i>R. baliensis</i> .....	22
Gambar 2.5. <i>Lentipes whittenorum</i> (Spesimen BIF2640) yang dikoleksi oleh Nicolas Hubert, Renny Hadiaty, Philippe Keith, Frederic Busson, Sopian Sauri, dan Sumanta pada Tahun 2014 dari Air Terjun Gitgit, Kabupaten Buleleng, Bali (Page, 2016c). ....	24
Gambar 2.6. <i>Lentipes ikeae</i> jantan (Hadiaty <i>et al.</i> , 2019).....	24
Gambar 4.1. Peta wilayah geografis Paparan Sunda ( <i>Sunda Shelf</i> ) yang terpisah dari Paparan Sahul ( <i>Sahul Shelf</i> ), yang dipisahkan oleh Garis Wallace (Modifikasi dari Lohmann <i>et al.</i> , 2011 dalam Utama <i>et al.</i> , 2016).....	49
Gambar 4.2. Ikan bawal air tawar-kiri (Sumber: Permana, 2016), dan Ikan lele sangkuriang-kanan ( <i>Clarias</i> sp.) (Sumber: Isa, 2014).....	52
Gambar 4.3. Ikan bulan-bulan (kiri) dan ikan kebarau (kanan) (Sumber: Agrippina, 2017) .....	53
Gambar 4.4. Jenis ikan ( <i>Stiphodon</i> sp.), di duga spesies baru yang ditemukan di Pulau Enggano, Kabupaten Bengkulu Utara, Provinsi Bengkulu (Sumber: Hadiaty <i>et al.</i> , 2019).....	54
Gambar 4.5. Morfologi ikan mungkus ( <i>Sicyopterus cynocephalus</i> ) (Sumber: Karyadi <i>et al.</i> , 2016) .....	59
Gambar 4.6. Jenis ikan miki ( <i>Cetraeus</i> sp.) hasil tangkapan masyarakat yang dijual bebas di Kota Mukomuko, Kabupaten Mukomuko (Foto dokumen pribadi, Tahun 2018).....	59

Gambar 4.7. Ikan mungkus ( <i>Sicyopterus cynocephalus</i> ) (Sumber: Anggraini <i>et al.</i> , 2018) .....	59
Gambar 4.8. Ikan betutu ( <i>Oxyeleotris marmoratus</i> ) yang banyak ditemukan di Desa Pasar Sebelah dan Kota Mukomuko, Kabupaten Mukomuko yang belum dibudidayakan (Sumber : Ta'alidin <i>et al.</i> , 2013). .....	62
Gambar 4.9. Distribusi ikan sidat di Indonesia (Tesh, 1977 dalam Affandi, 2005) .....	65
Gambar 4.10. Peta lokasi berpotensi ditemukan ikan sidat di Provinsi Bengkulu (Sumber: Muthmainnah <i>et al.</i> , 2015) .....	65
Gambar 6.1. Prosedur penelitian .....	90
Gambar 6.2. TKG 1 (Sumber: Dokumentasi pribadi, 2018) .....	93
Gambar 6.3. Struktur anatomi gonad ikan keli jantan (Sumber: Dokumentasi pribadi, 2018) .....	94
Gambar 7.1. Lokasi penelitian di hulu Mahakam tengah Kabupaten Kutai Kartanegara .....	101
Gambar 7.2. Komposisi jenis makanan ikan Parang Danau Semayang .....	104
Gambar 7.3. Komposisi jenis makanan ikan Parang Danau Melintang .....	104
Gambar 7.4. Komposisi jenis makanan pada selang ukuran panjang ikan Parang Danau Semayang .....	105
Gambar 7.5. Komposisi jenis makanan pada selang ukuran panjang ikan Parang Danau Melintang .....	105
Gambar 7.6. Tingkat trofik ikan Parang berdasarkan selang ukuran panjang (mm) Danau Semayang .....	108
Gambar 7.7. Tingkat trofik ikan Parang berdasarkan selang ukuran panjang (mm) Danau Melintang .....	108
Gambar 8.1. Morfologi Banggai cardinalfish ( <i>P. kauderni</i> ) .....	116
Gambar 8.2. Shelter bulubabi ( <i>Deadema setosum</i> ) dan anemon ( <i>Anemonia sulcata</i> ) .....	116
Gambar 8.3. Histogram laju pertumbuhan spesifik .....	118
Gambar 8.4. Histogram kelangsungan hidup .....	119
Gambar 9.1. Prosedur DNA barkode .....	129
Gambar 9.2. Hubungan filogenetik ikan berdasarkan gen COI .....	136
Gambar 10.1. Denah wadah penelitian .....	146
Gambar 10.2. Persamaan Regresi antara kecepatan aliran air dengan oksigen terlarut .....	147
Gambar 10.3. Grafik hubungan antara kecepatan aliran air dan salinitas .....	148
Gambar 10.4. Grafik hubungan antara kecepatan aliran air dan nitrit .....	149
Gambar 11.1. Kelulushidupan Larva Ikan Baung .....	160
Gambar 11.2. Pertumbuhan Berat Mutlak Larva Ikan Baung .....	161
Gambar 11.3. Laju Pertumbuhan Berat Harian Larva Ikan Baung .....	162
Gambar 12.1. Peta Stasiun Pengambilan Sampel di Danau Limboto .....	170
Gambar 12.2. Ikan Huloo ( <i>Giuris margaritacea</i> ) .....	171
Gambar 12.3. Distribusi Panjang Total (cm) ikan Huloo di Danau Limboto .....	175
Gambar 12.4. Ikan Huloo jantan (kiri) dan betina (kanan) .....	175
Gambar 12.5. Indeks Kematangan Gonad Betina pada Bulan April, Mei, dan Juni. ....	176
Gambar 12.6. Indeks Kematangan Gonad Jantan pada Bulan April, Mei, dan Juni. ....	177
Gambar 12.7. Tangkapan ikan Huloo ( <i>Giuris margaritacea</i> ) per bulan .....	178
Gambar 12.8. Grafik regresi pemanfaatan ikan Huloo di Danau Limboto .....	178

## BAB 1.

## IKAN AIR TAWAR ENDEMIK DI PERAIRAN ACEH, INDONESIA

THE ENDEMIC FRESHWATER FISH IN THE ACEH PROVINCE  
WATERSAgung S. Batubara<sup>1</sup>, Firman M. Nur<sup>2</sup>, Zainal A. Muchlisin<sup>\*1,3</sup>

<sup>1</sup>Fakultas Kelautan dan Perikanan Universitas Syiah Kuala, Banda Aceh, Indonesia;  
<sup>2</sup>Program Studi Magister Biologi Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam  
Universitas Syiah Kuala, Banda Aceh, Indonesia; <sup>3</sup>Pusat Riset Kelautan dan Perikanan  
Universitas Syiah Kuala, Banda Aceh 23111, Indonesia. \*Email korespondensi:  
muchlisinza@unsyiah.ac.id

## Abstract

A total 154 fish have been recorded in Aceh waters including freshwater and brackish fish, some of them are endemic species, namely *Betta rubra* Perugia 1893, *Poropuntius tawarensis* Weber & de Beaufort 1916, *Rasbora tawarensis* Weber and de Beaufort 1961, *R. kluetensis* Lumbantobing 2010, *R. nodulosa* Lumbantobing 2010, *R. arundinata* Lumbantobing 2010 and *R. truncata* Lumbantobing 2010. The *B. rubra* is distributed along the South West Coast of Aceh, while *P. tawarensis* and *R. tawarensis* are endemic in the Lake Laut Tawar, Aceh Tengah District. *R. arundinata* is reportedly distributed in the Subulussalam District to Singkil District precisely on the Lae Petal River, *R. kluetensis* is endemic in the Kluet River Aceh Selatan District, *R. nodulosa* in the Tangan-tangan River in the Aceh Barat Daya District to Aceh Selatan District and *R. truncata* in the Alas River, Aceh Barat Daya District to Aceh Tenggara District. This article provides the general description and ecology of above species.

**Keywords:** Endemic, *Betta*, *Poropuntius*, *Rasbora*

## Abstrak

Saat ini tercatat 154 jenis ikan telah teridentifikasi di Aceh meliputi ikan air tawar dan payau, dimana beberapa diantaranya bersifat endemik, diantaranya yaitu *Betta rubra* Perugia 1893, *Poropuntius tawarensis* Weber & de Beaufort 1916, *Rasbora tawarensis* Weber and de Beaufort 1961, *R. kluetensis* Lumbantobing 2010, *R. nodulosa* Lumbantobing 2010, *R. arundinata* Lumbantobing 2010 dan *R. truncata* Lumbantobing, 2010. Adapun distribusi *B. rubra* diketahui sepanjang Pantai Barat Selatan Aceh. Selanjutnya *P. tawarensis* dan *R. tawarensis* merupakan spesies endemik Danau Laut Tawar, Kabupaten Aceh Tengah. *R. arundinata* dilaporkan terdistribusi di wilayah Kabupaten Subulussalam hingga Kabupaten Singkil tepatnya di Sungai Lae Petal, *R. kluetensis* di Sungai Kluet Kabupaten Aceh Selatan, *R. nodulosa* di Sungai Tangan-tangan Kabupaten Aceh Barat Daya hingga Kabupaten Aceh Selatan dan *R. truncata* di Sungai Alas Kabupaten Aceh Barat Daya hingga Kabupaten Aceh



6  
BAB 9.  
BARKOD DNA DAN KEKERABATAN IKAN DI PERAIRAN TAWAR  
SUMATERA SELATAN

DNA BARCODING AND PHYLOGENETIC OF FRESHWATER  
FISHES IN SUMATERA SELATAN

Mochamad Syaifudin<sup>1\*</sup>, Herpandi Herpandi<sup>2</sup>, Dade Jubaedah<sup>1</sup>, Rinto  
Rinto<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Program Studi Budidaya Perairan, Fakultas Pertanian, Universitas Sriwijaya,  
Palembang 30662, Indonesia; <sup>2</sup>Program Studi Teknologi Hasil Perikanan Fakultas  
Pertanian, Universitas Sriwijaya, Jl. Palembang-Prabumulih Km 32, Indralaya  
Sumatera Selatan 30662, Indonesia. \*Email korespondensi:  
msyaifudin@fp.unsri.ac.id

Abstract

11  
Freshwater area in South Sumatra is a habitat for many species of freshwater fish such as baung (*Hemibagrus nemurus*), beringit (*Mystus singaringan*), cork (*Channa striata*), serandang (*Channa pleurophthalma*), and sepat (*Trichogaster* sp). The diversity of these species, and the extensive use of inter-species hybrids, make the identification of species very important in aquaculture and maintain natural populations that are likely to introduce new fish species. One of the management efforts carried out is by barcoding DNA using the COI (Cytochrome C Oxidase Subunit I) gene mitochondrial DNA (mtDNA). The use of COI genes for species barcoding aims to identify species, determine the diversity of COI mtDNA gene nucleotides, and determine species relatedness through the construction of fish phylogenetic trees in Sumatera Selatan waters. The stages used in DNA barcoding include sample collection, DNA isolation, DNA amplification using PCR (Polymerase Chain Reaction), purification, sequencing of the COI mtDNA gene region and DNA analysis. This study showed a high percentage of DNA similarity (89-100%) between species used against the same species in the NCBI GenBank data center, while different species showed a lower percentage of similarity. Phylogenetic tree analysis shows that although cork and serandang are in the same genus, the two species show separate clades. Serandang fish have a closer relationship with baung, dangle, sepat, and even tilapia when compared to snakehead fish. As a DNA marker, the COI gene in mitochondria is able to differentiate species levels and show effective and accurate species relatedness. These results indicate the diversity and relationship of fish species in freshwater waters in South Sumatra.

**Keywords:** DNA marker, COI, species identification, phylogenetics, Sumatera Selatan

Abstrak



Perairan tawar di Sumatera Selatan<sup>11</sup> merupakan habitat bagi banyak spesies ikan air tawar seperti baung (*Hemibagrus nemurus*), beringit (*Mystus singaringan*), gabus (*Channa striata*), serandang (*Channa pleurophthalma*), dan sepat (*Trichogaster* sp). Beragamnya spesies tersebut, dan penggunaan hibrid inter-spesies secara ekstensif, menyebabkan identifikasi spesies menjadi sangat penting dalam akuakultur dan menjaga populasi alam yang berpeluang terjadinya introduksi ikan jenis baru. Salah satu upaya pengelolaan yang dilakukan adalah dengan barcoding DNA menggunakan gen COI (*Cytochrome C Oxidase Subunit I*) DNA mitokondria (mtDNA). Penggunaan gen COI untuk barcoding spesies mempunyai tujuan identifikasi spesies, mengetahui keragaman nukleotida gen COI mtDNA, dan mengetahui kekerabatan spesies melalui konstruksi pohon filogenetik ikan-ikan yang di perairan Sumatera Selatan<sup>10</sup>. Tahapan yang digunakan dalam barcoding DNA meliputi pengumpulan sampel, isolasi DNA, amplifikasi DNA menggunakan PCR (*Polymerase Chain Reaction*), purifikasi, sekuensing daerah gen COI mtDNA dan analisis DNA. Studi ini menunjukkan persentase kemiripan DNA yang tinggi (89-100%) antara spesies yang digunakan terhadap spesies yang sama di pusat data GenBank NCBI, sedangkan spesies yang berbeda menunjukkan persentase kemiripan yang lebih rendah. Analisis pohon filogenetik menunjukkan meskipun gabus dan serandang dalam satu genus yang sama, namun kedua spesies menunjukkan *clade* yang terpisah. Ikan serandang memiliki kekerabatan yang lebih dekat dengan ikan baung, beringit, sepat, bahkan ikan nila jika dibandingkan ikan gabus. Sebagai DNA marker, gen COI pada mitokondria mampu membedakan level spesies dan menunjukkan kekerabatan spesies yang efektif dan akurat. Hasil ini menunjukkan keberagaman dan kekerabatan spesies ikan yang ada di perairan air tawar di Sumatera Selatan.

**Kata kunci:** DNA marker, COI, identifikasi spesies, filogenetik, Sumatera Selatan

## Pendahuluan

Indonesia memiliki sumber daya alam dan keanekaragaman hayati yang sangat tinggi. Salah satu sumber daya tersebut adalah perairan tawar. Terdapat 353 spesies ikan di Indonesia bagian barat (Kottelat *et al.*, 1993). Hasil penelitian Bachri (2006) menyebutkan bahwa sepanjang perairan sungai Musi Sumatera Selatan diidentifikasi sekitar 86 spesies ikan dari 22 famili dan 3 spesies udang. Spesies ikan terbanyak yang ada yaitu dari family Cyprinidae.

Semua organisme dapat mengalami mutasi selama proses pembelahan seluler atau interaksi dengan lingkungan, yang mengarah pada variasi genetik (polimorfisme).<sup>5</sup> variasi genetik dalam suatu spesies dapat meningkatkan kemampuan organisme untuk beradaptasi dengan perubahan lingkungan dan sangat diperlukan untuk kelangsungan hidup spesies (Fisher, 1930). Seiring proses evolusi seperti seleksi dan pergeseran genetik, variasi genetik muncul antara individu yang mengarah ke diferensiasi pada

tingkat populasi, spesies dan kelompok taksonomi tingkat tinggi. Penanda genetika molekuler adalah alat yang ampuh untuk mendeteksi keunikan genetik individu, populasi atau spesies (Awise, 1994; Linda dan Paul, 1995).

Marker (penanda) DNA telah menjadi teknologi penting untuk penelitian genetika molekuler dan aplikasinya untuk peningkatan genetik spesies akuakultur. Teknologi penanda DNA molekuler memberikan sarana untuk mengungkapkan perbedaan tingkat genom DNA antara individu, populasi dan berbagai taksa terkait (Liu, 2011). Dengan penanda DNA tersebut, secara teori dimungkinkan untuk mengamati dan mengeksploitasi variasi genetik di seluruh genom (Chauhan dan Rajiv, 2010). Data keanekaragaman genetik memiliki beragam aplikasi dalam penelitian tentang evolusi, konservasi dan pengelolaan alam sumber daya dan program peningkatan genetik (Wasko *et al.*, 2003; Liu dan Cordes, 2004).

Pada dasarnya, Marker DNA telah diklasifikasikan ke dalam dua kategori: tipe I adalah penanda yang terkait dengan gen dari fungsi yang diketahui, sedangkan penanda tipe II dikaitkan dengan segmen genomik anonim (O'Brien, 1991). Berbagai jenis penanda genetik telah digunakan untuk menilai variasi genetik dan diterapkan untuk memudahkan pemahaman dan pengelolaan lebih lanjut suatu spesies dan populasi baik liar dan budidaya. Penanda genetik itu termasuk allozim (enzim protein), DNA mitokondria (mtDNA), *Randomly Amplified Polymorphic DNA* (RAPD), *Amplified Fragment Length Polymorphic* (AFLP), *microsatellites* dan *Single Nucleotide Polymorphisms* (SNPs).

Penanda allozim digunakan untuk mengidentifikasi spesies ikan sebelum ditemukannya penanda DNA, namun jumlah lokus variabel yang terbatas menjadi kendala untuk analisis sifat kompleks dengan cakupan genom yang berukuran besar. Deteksi mutasi pada tingkat DNA yang tidak menghasilkan perubahan mobilitas, serta penggantian asam amino yang bermuatan serupa, tidak terdeteksi oleh elektroforesis allozim (Kucuktas dan Liu, 2007). Selain itu, adanya kesulitan untuk mengekstrapolasi hasil elektroforesis enzim terhadap genom karena enzim mungkin tidak representatif. Penanda ini memerlukan ruang untuk pengumpulan dan penyimpanan yang besar, karena ikan harus dibunuh dan jaringan seperti otot, hati, mata, dan jantung perlu dibekukan sampai dianalisis lebih lanjut (Toniato *et al.*, 2010).

Berdasarkan sumber DNA-nya, marker dikategorikan dalam 2 macam, DNA inti dan DNA mitokondria. Secara morfologis, DNA inti memiliki bentuk helik ganda, dan linier, sedangkan DNA mitokondria berbentuk sirkular. Selengkapnya mengenai perbedaan DNA marker antara inti dengan mitokondria dapat dilihat pada Tabel 9.1. Marker DNA mitokondria mempunyai karakteristik pewarisan yang bersifat maternal, dan haploid, nukleotida lebih bervariasi antar spesies dibandingkan dalam spesies dan mempunyai ukuran yang jauh lebih kecil (17.000 bp), sedangkan DNA inti mempunyai sifat lebih terkonservasi, variasi nukleotida banyak terdapat pada non koding sekuen, memiliki keunikan setiap individu, dan bisa berukuran hingga 3.2 miliar bp.

DNA mitokondria memiliki laju evolusi yang tinggi sehingga merupakan molekul yang sangat berguna untuk analisis proses evolusi resolusi tinggi (Brown *et al.*, 1979). Polimorfisme sangat tinggi di wilayah kontrol (wilayah D-loop), yang membuat wilayah ini sangat berguna dalam genetika populasi dan sebagai penanda dalam manajemen stok untuk akuakultur (Liu, 2011). Sekuensing wilayah spesifik DNA mitokondria (mtDNA) dapat digunakan untuk membedakan antara spesies nila (Nagl *et al.*, 2001) dan studi populasi (Rognon dan Guyomard, 1997; D'Amato *et al.*, 2007). Perbedaan marker DNA inti dan mitokondria dapat dilihat pada Tabel 9.1. DNA mitokondria juga telah digunakan untuk mengidentifikasi spesies nila yang ada di Hawaii (Wu dan Yang, 2012). Salah satu gen mtDNA yang digunakan untuk membedakan spesies adalah sekuens yang terkonservasi dari mitokondria cytochrome oxidase subunit I (COI atau Cox1). Segmen dekat ujung 5' dari COI sepanjang sekitar 650 basa merupakan daerah yang banyak digunakan sebagai DNA barcode.

Barkode DNA menggunakan primer pada polymerase chain reaction (PCR) untuk memperkuat dan mengurutkan sekitar 600-pasang basa fragmen gen COI. Bagian dari urutan itu kemudian dibandingkan menggunakan algoritma berbasis jarak dengan database yang sudah ada dari urutan "dikenal" dari spesimen sebelumnya yang diidentifikasi oleh ahli taksonomi. Barcode DNA merupakan sebagian kecil genom mitokondria merupakan cara yang efektif dan cepat untuk menilai tingkat keanekaragaman hayati (Chauhan dan Rajiv, 2010). Penggunaan gen COI sebagai barkode DNA sudah banyak digunakan, beberapa diantaranya yaitu pada ikan di Australia (Ward *et al.*, 2005), kelompok *catfish* (Wong *et al.*, 2011), ikan laut di

Samudera Atlantik Barat Laut, Kanada (McCusker *et al.*, 2013), ikan hiu (Peloa *et al.*, 2015), tilapia (Syarifudin *et al.*, 2019) dan Channidae (Syarifudin *et al.*, 2020).

Tabel 9.1. Perbedaan DNA marker pada inti dan mitokondria

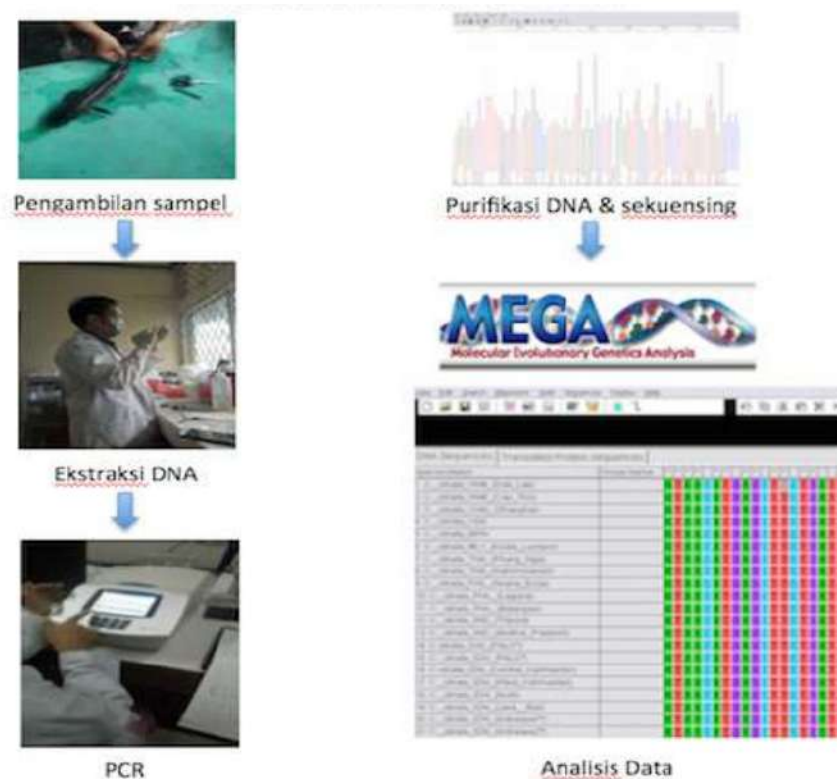
No	Kriteria	DNA Inti	DNA Mitokondria
1	Morfologi	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Helik ganda,</li> <li>• linier</li> </ul>	sirkular
2	Ukuran	Hingga 3,2 miliar bp	17.000 bp
3	Pewarisan	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Mengalami rekombinasi,</li> <li>• Diploid</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Maternal,</li> <li>• Haploid</li> </ul>
4	Variasi nukleotida	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Lebih terkonservasi,</li> <li>• Variasi terdapat pada non koding sekuen</li> <li>• Unik untuk setiap individu</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Variasi nukleotida rendah dalam spesies,</li> <li>• Variasi nukleotida tinggi antar spesies</li> </ul>
5	Kegunaan	<ul style="list-style-type: none"> <li>• Identifikasi spesies</li> <li>• Studi populasi</li> </ul>	Pelacakan leluhur ( <i>ancestor</i> )

Sumber: modifikasi dari Liu dan Cordes (2004)

### Bahan dan Metode

Pengurutan DNA dan pencocokan urutan nukleotida spesimen yang tidak dikenal dengan individu yang terkait erat di perpustakaan BOLD atau NCBI dapat dilakukan dalam beberapa jam, sangat bergantung pada referensi atau spesimen voucher di pusat data NCBI dan BOLD. Barcode DNA sekarang dapat dilakukan dengan mudah, dengan biaya sekuensing yang semakin murah dan hasil akurat (Imtiaz *et al.*, 2017). Proses barcode DNA dapat dilakukan dengan 5 tahap, yaitu : pengumpulan sampel, ekstraksi DNA, PCR (*Polymerase Chain Reaction*), purifikasi DNA-sekuensing dan analisis data (Gambar 9.1).





Gambar 9.1. Prosedur DNA barkode

### Pengambilan sampel

Sampel yang digunakan dalam analisis berbasis DNA bisa dari seluruh bagian spesimen hingga sampel dalam jumlah kecil (sisik dan sirip), bisa juga menggunakan produk ikan yang diproses dan dimasak (Cawthorn *et al.*, 2012). Bahkan, analisis DNA juga bisa menggunakan spesimen dari bahan bersejarah yang diawetkan (tulang dan / atau sisik dari museum). Sampel organ untuk ekstraksi DNA bisa diambil dari seluruh bagian tubuh menggunakan gunting, namun demikian sirip merupakan organ yang banyak digunakan karena lebih aman, tidak perlu membunuh organismenya. Sampel ikan diambil siripnya untuk dianalisis DNA. Selanjutnya sampel sirip disimpan dalam larutan etanol 96%, kemudian diberi label dan disimpan pada suhu 4 °C hingga isolasi DNA.

### Ekstraksi DNA

Sampel sirip berukuran sekitar 0,5 cm digunakan dalam isolasi DNA. Total genom DNA diekstraksi mengikuti instruksi yang terdapat di petunjuk kit ekstraksi *Genomic DNA*. Hasil ekstraksi yang diperoleh di-elektroforesis dengan cara menginjeksi DNA dan marker 1 kb ke dalam gel agarosa 1 % pada media *buffer* TAE (*Tris-Acetate* EDTA). Selanjutnya alat elektroforesis dihubungkan dengan listrik pada daya 75 V selama 30-35 menit. Setelah itu sampel divisualisasi menggunakan *Gel Documentation*.

### Amplifikasi DNA

Barcoding DNA merupakan proyek global yang melibatkan ratusan laboratorium dalam registrasi keanekaragaman hayati. Metodologi ekstraksi DNA dan *Polymerase Chain Reaction* (PCR) (Handy *et al.*, 2016) telah semakin berkembang seiring dengan pengembangan primer barcode. Produk DNA yang diamplifikasi PCR, dimasukkan pada elektroforesis gel agarosa dengan penanda/marker standar (ukuran pasangan basa DNA yang diketahui), yaitu marker DNA 1-kilo pasang basa (kbp). Jika pita terang muncul pada ukuran yang diharapkan, produk PCR akan dilanjutkan dengan purifikasi (pemurnian). Proses amplifikasi gen COI mtDNA menggunakan metode *Polymerase Chain Reaction* (PCR) pada *thermo cycler*. PCR dilakukan dalam volume akhir 25-50  $\mu$ l. Setiap reaksi PCR mengandung bahan aquabidest, *Taq polymerase* (My Taq™ Red Mix), pasangan *primer* forward dan reverse serta *template* dari DNA hasil ekstraksi. Amplifikasi DNA dilakukan dengan tahapan: siklus inisiasi pada suhu 94-95 °C selama 4 menit, denaturasi pada suhu 94-95 °C selama 15-30 detik, *annealing* atau penempelan pada suhu 52-54 °C selama 15-30 detik, *extension* atau elongasi 72 °C selama 15 detik dalam 30-35 siklus dan perpanjangan akhir pada suhu 72 °C selama 4-5 menit. Selanjutnya produk PCR dielektroforesis.

### Purifikasi DNA dan sekuensing gen COI

Sampel DNA ikan yang berhasil diamplifikasi, selanjutnya dapat dipurifikasi. Ada beberapa kit pemurnian yang tersedia di pasar seperti Mega quick spin dari

Intron Biotechnology Inc. Setelah melakukan verifikasi kualitas dan kuantitas DNA yang dimurnikan, produk PCR selanjutnya dikirim ke laboratorium untuk disekuensing pada daerah target gen COI.

### **Data Analisis**

Hasil sekuensing dianalisis dengan menggunakan situs *National Center of Biotechnology Information* (NCBI) (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov>) atau situs web BOLD untuk menentukan identitas maksimum suatu organisme dengan urutan template. BOLD membandingkan urutan yang tidak diketahui dengan urutan yang paling mirip yang tersedia dalam database. Basis data ini memberikan output dalam bentuk persentase kemiripan. Prosedur laboratorium barcode DNA sudah mempunyai standar secara universal, namun organisme yang berbeda diperlukan beberapa modifikasi untuk mendapatkan kualitas hasil terbaik. Untuk kelengkapan catatan barcode, peneliti memerlukan nama spesies, data spesimen voucher (misalnya lokalitas, tanggal, repositori spesimen, dan foto), data sekuens, primer PCR dan file mentah (output asli hasil sekuensing). Sekuens DNA selanjutnya disimpan dalam bentuk fasta format dan dilakukan *alignment* menggunakan software MEGA 7.0, untuk menentukan homologi suatu urutan DNA atau asam amino dengan data yang terdapat di *Barcode of Life Database System* (BOLD System). Selanjutnya sekuens dapat dianalisis jarak genetik, keragaman genetik maupun filogenetik.

### **Hasil dan Pembahasan**

#### **Barkode DNA ikan di perairan tawar Sumatera**

Beberapa ikan air tawar di perairan Sumatera Selatan sudah dilakukan barkode DNA, terutama ikan-ikan yang khas/endemik wilayah ini. Jenis-jenis ikan tersebut tersaji dalam Tabel 9.2. Hasil studi menunjukkan persentase kemiripan DNA yang tinggi (95-100%) antara ikan gabus, serandang, baung, patin dan sepat yang digunakan terhadap spesies yang sama di pusat data GenBank NCBI, kecuali pada ikan beringit yang menunjukkan persentase lebih rendah (89%) terhadap

spesies yang sama dengan data di GenBank. Individu yang berbeda spesies menunjukkan persentase kemiripan yang lebih rendah. Urutan nukleotida spesies ikan air tawar tersebut disimpan dalam dua data base, yaitu BOLD (*Barcode of Life Data*) system dan Genbank. BOLD merupakan penyimpanan data berlandaskan cloud pada Pusat Biodiversitas Genomik di Kanada. Data spesies yang dibarkode disimpan dalam BIN (*Barcode Index Number*), sebuah sistem kluster sekuen menggunakan algoritma untuk menghasilkan unit taksonomik operasional yang berkaitan dengan spesies. Pusat data Genbank didesain untuk menyediakan dan mendorong akses pada komunitas ilmiah terhadap data terkini dan komprehensif informasi sekuen DNA. Sekuen nukleotida gen COI sebagai barcode spesies ikan air tawar juga didaftarkan dalam pusat data Genbank dengan pemberian nomor akses khusus untuk setiap spesimen pada laman <http://www.ncbi.nlm.nih.gov>.

Tabel 9.2. Barkode DNA ikan di perairan tawar Sumatera

No	Spesies	BIN/GenBank	Nukleotida (bp)	Kemiripan (%)	Referensi
1	<i>Trichopodus pectoralis</i>	BOLD:AAE8555/ MN992972-73	382	96-100	Syaifudin <i>et al.</i> (2019)
2	<i>Trichopodus trichopterus</i>	BOLD:AAW0021/ MN992974	479	96-100	Syaifudin <i>et al.</i> (2019)
3	<i>Channa pleurophthalma</i>	BOLD:AAI7162/ MN992962-65 KM213041	587-604 697	100	Syaifudin <i>et al.</i> (2019) Wibowo <i>et al.</i> (2015)
4	<i>Channa striata</i>	BOLD:AAB2497/ MN992966-69	604	97-100	Syaifudin <i>et al.</i> (2020)
5	<i>Mystus singaringan</i>	BOLD:ADN2664/ MN992970-71	573-633	89-92	Octrianie <i>et al.</i> (2018)
6	<i>Pangasius hypophthalmus</i>	Tidak ada	607	99-100	Pratama <i>et al.</i> (2017)
7	<i>Pangasius macronema</i>	Tidak ada	579	95	Pratama <i>et al.</i> (2017)
8	<i>Hemibagrus nemurus</i>	ACS4799/ MG521911-12 KM213058.1	572-596 667	100	Syaifudin <i>et al.</i> (2017) Wibowo <i>et al.</i> (2015)

Gen COI mampu menunjukkan perbedaan signifikan pada ikan di setiap tingkat taksonomi (Ward, 2009). Pada Tabel 9.1, jumlah nukleotida yang berhasil di-sequensing mencapai 650 pasang basa, namun setelah proses editing jumlah nukleotida yang diperoleh antara 479 pasang basa pada *Trichopodus pectoralis* hingga 607 pasang basa pada *Pangasius hypophthalmus*. Hal ini sangat tergantung dari kualitas produk DNA hasil PCR yang diperoleh. Meskipun demikian, urutan nukleotida yang diperoleh sudah mampu untuk digunakan dalam analisis BLASTn (*Basic Local Alignment Search Tool*) kategori nukleotida pada laman NCBI, dan menghasilkan akurasi yang cukup tinggi sebagai identifikasi spesies. Barcode juga melengkapi studi morfologi dalam kasus-kasus di mana taksa sulit diidentifikasi karena keberadaan spesies yang samar (Ward *et al.*, 2008). Jika sampel dari spesimen yang tidak teridentifikasi menunjukkan divergensi nol dari spesimen yang diidentifikasi sebelumnya, atau berbeda satu atau dua pasang basa, kemungkinannya merupakan spesies yang sama karena kemiripan yang tinggi dengan spesimen yang telah diidentifikasi (> 95%). Sebaliknya, jika spesimen yang tidak diketahui mempunyai perbedaan lebih dari 2 persen dari spesimen yang diketahui, sangat mungkin (probabilitas lebih besar dari 95%) merupakan spesies yang berbeda.

### Filogenetik

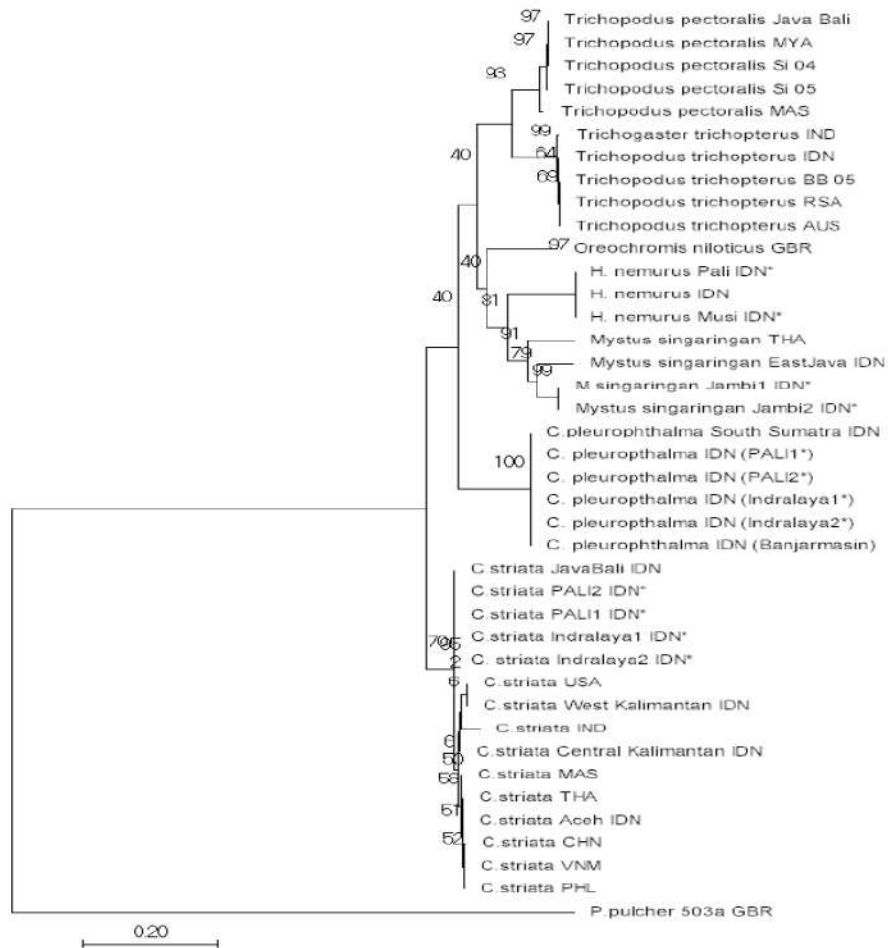
2 Data sekuens pada banyak spesies menyediakan data dasar untuk menentukan hubungan filogenetik antara spesies atau taksa terkait (Hedrick, 2005). 2 Pohon filogenetik diperoleh dengan mengidentifikasi urutan basa nukleotida yang homolog pada DNA mitokondria (Dawkin, 2000). Analisis ini 2 bertujuan mengetahui hubungan kekerabatan yang tepat antara organisme (Li dan Graur, 1991). Berdasarkan Gambar 9.2, terdapat dua clade yang membagi kelompok spesies dengan *Pelvicachromis pulcher* (Syaifudin *et al.*, 2015) sebagai spesies outgroup. Clade pertama (bagian atas) terbagi dalam 3 klaster yaitu ikan sepat siam *Trichopodus pectoralis*, sepat biru *Trichopodus trichopterus* pada klaster pertama, baung *Hemibagrus nemurus* dan beringit *Mystus singaringan*

pada klaster kedua, termasuk di dalamnya ikan nila *Oreochromis niloticus* koleksi Stirling (Syaifudin *et al.*, 2015), dan klaster ketiga yaitu ikan serandang (*Channa pleurophthalma*). Pada klade kedua, adalah ikan gabus (*Channa striata*) yang tersebar di Indonesia, Malaysia, Vietnam, Filipina, India dan China. Meskipun gabus dan serandang dalam satu genus yang sama, namun kedua spesies menunjukkan clade yang terpisah, tidak menunjukkan takson monofiletik yang mencakup sekelompok organisme yang diturunkan dari satu leluhur tunggal, sedangkan ikan sepat, nila, baung, beringit dan serandang menunjukkan kelompok takson polifiletik, yang terdiri dari organisme tidak terkait yang diturunkan lebih dari satu leluhur.

Mayoritas polimorfisme genetik terjadi secara random, namun demikian perubahan molekuler dapat terjadi karena proses seleksi. Namun demikian jika hanya menggunakan satu gen homolog maka pohon genetik akan dikonstruksi, namun tidak menunjukkan sejarah evolusi suatu kelompok spesies. Ketika satu spesies terpisah menjadi dua, polimorfisme dapat menunjukkan waktu asal usul spesies yang direpresentasikan dalam pohon spesies (populasi) (Nei dan Kumar, 2000). Identifikasi morfologi spesies secara tradisional membutuhkan ahli taksonomi berpengalaman, namun adanya plastisitas fenotipik suatu taksa dapat menyebabkan kesalahan identifikasi. DNA barkode merupakan metode yang telah terbukti efektif untuk identifikasi spesies, terutama terhadap spesimen yang rusak, tidak lengkap, atau spesies yang memiliki beberapa fase morfologis yang berbeda pada fase hidupnya. Namun demikian, barcode DNA juga memiliki keterbatasan. Dalam beberapa kasus, spesies terkait dapat menyajikan urutan identik yang sama persis, sehingga penggunaan barcode DNA menjadi kurang optimal untuk diskriminasi spesies sehingga diperlukan juga analisis taksonomi morfologis (Peñnikar dan Buzan, 2014) dan bahkan DNA marker dari inti sel. Studi tersebut menyatakan barcode DNA berdasarkan gen COI mampu mengidentifikasi sebagian besar ikan di Teluk Rongcheng, dimana hasil identifikasi sesuai dengan identifikasi morfologis. Barcode DNA juga berhasil digunakan untuk mengidentifikasi ichthyofauna laut di wilayah geografis lain, misalnya Laut

Mediterrania (Landi *et al.*, 2014). Informasi barcode DNA dari kumpulan spesies adalah dalam bentuk urutan genetik, yang diunggah di pusat data. Namun, panjang gen dari barcode DNA tidak cukup panjang untuk membangun pohon filogenetik yang lebih dalam dalam analisis hubungan evolusi organisme.

Data barcode DNA dapat memberikan informasi parsial tentang filogeni spesies dan dapat menggambarkan secara garis besar filogeni yang perlu didukung oleh data DNA inti (Imtiaz, 2017). Faith dan Williams (2005) berpendapat bahwa kontribusi paling signifikan dari barcode DNA untuk upaya konservasi adalah perannya dalam meningkatkan dan mempercepat analisis keanekaragaman filogenetik. Selain itu, pustaka referensi barcode DNA dapat digunakan untuk menetapkan spesies ikan dengan melakukan skreening sekuen di masa depan (Peñnikar dan Buzan, 2014), sehingga berkontribusi untuk pemantauan yang lebih baik, konservasi, dan pengelolaan perikanan di suatu wilayah.



Gambar 9.2. Hubungan filogenetik ikan berdasarkan gen COI.

Keterangan: \*Spesimen yang telah dibarkode dalam studi ini. *C. striata* (Indonesia KU692420, HM345931, MF495960, MF496954, Thailand JQ661364), Malaysia JF781203, Vietnam KT001935, China KC819506, Filipina HQ654692, and India KJ936901); *C. pleurophthalma* (Indonesia: KM213041, KJ937345); *Trichopodus pectoralis* (Java Bali\_KU692927.1, Malaysia KX817207.1, Myanmar LC190090.1); *Trichopodus trichopterus* (Republic South Africa KU569063.1, Australia KJ669650.1, Indonesia KU692940.1); *Mystus singaringan* (Jawa Timur, Indonesia KU692659.1, Thailand JQ289146.1; dan *Hemibagrus nemurus* Indonesia KM213068.1). Pendugaan sejarah evolusi menggunakan metode Neighbor-Joining [1]. Pohon genetik ditampilkan secara optimal dengan jumlah panjang cabang = 2.36530951. Persentase ulangan pohon genetik di mana taksa dikelompokkan ditunjukkan pada nilai bootstrap (1000 ulangan) di sebelah cabang [2]. Pohon genetik ditank ke skala, dengan panjang cabang dalam satuan yang sama dengan jarak evolusi yang digunakan untuk pendugaan pohon filogenetik. Jarak evolusi dihitung dengan menggunakan metode the Maximum Composite Likelihood [3]. Analisis ini melibatkan 40 sekuens nukleotida dengan posisi kodon yang dimasukkan adalah kodon ke-1 + 2 + 3 dan noncoding. Semua posisi yang menunjukkan gap/kesenjangan dan data hilang tidak disertakan dalam analisis. Ada total 336 posisi dalam dataset akhir pada analisis yang dilakukan dalam MEGA7 [4].

## Kesimpulan

Sekuen nukleotida gen *Cytochrome C Oxidase sub unit I* pada ikan baung, beringit, sepat, gabus dan serandang mempunyai persentase identitas yang tinggi



dengan data yang ada di pusat data GenBank NCBI. Pohon filogenetik menunjukkan bahwa ikan gabus berada pada *clade* yang terpisah, sedangkan ikan serandang memiliki kekerabatan yang lebih dekat dengan ikan baung, beringit, sepat, bahkan ikan nila jika dibandingkan ikan gabus.

### Daftar Pustaka

- Avise, J.C. 1994. Molecular markers, natural history and evolution. Chapman and Hall, New York, London.
- Bahri, S. 2006. Pengamatan jenis-jenis ikan di perairan Sungai Musi Sumatera Selatan. Buletin Teknik Litkayasa Sumber Daya dan Penangkapan, 4(1): 9-12.
- Brown, W., M. George, A. Wilson. 1979. Rapid evolution of animal mitochondrial DNA. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 76(4), 1967–71.
- Cawthorn, D.M., H.A. Steinman, R.C. Witthuhn. 2012. DNA barcoding reveals a high incidence of fish species misrepresentation and substitution on the South African market. Food Res Intl., 46(1): 30-40.
- D'Amato, M.E., M.M. Esterhuyse, B.C.W. Waal, D. Brink, F.A.M. Volckaert. 2007. Hybridization and phylogeography of the Mozambique tilapia *Oreochromis mossambicus* in Southern Africa evidenced by mitochondrial and microsatellite DNA genotyping. Conservation Genetics, 8(2): 475–488.
- Felsenstein, J. 1985. Confidence limits on phylogenies: An approach using the bootstrap. Evolution, 39: 783-791.
- Fisher, R.A. 1930. The genetical theory of natural selection. Oxford University Press, UK.
- Handy, S.M., S. Mueller, S.M. Jacob, S.Z. Paul, S.D. Garrett, J.R. Deeds. 2016. Evaluation of the agilent technologies bioanalyzer-based DNA fish identification solution. Food Control, 73: 627.
- Hedrick, P.W. 2005. Genetics of populations: third edition. Jones and Bartlett. p. 737.
- Imtiaz, A., M.N. Siti-Azizah, M.D. Naim. 2017. Progress and potential of DNA barcoding for species identification of fish species. Biodiversitas, 18(4): 1394-1405.
- Kottelat, A., S. Whitten, A. Wiryoatmodjo. 1993. Fresh water fishes of western Indonesia and Sulawesi. Periplus edition, Jakarta.
- Kucuktas, H., Z. Liu. 2007. Allozyme and mitochondrial DNA markers in aquaculture genome technologies. Blackwell Publishing Ltd.
- Kumar, S., G. Stecher, K. Tamura. 2016. MEGA7: molecular evolutionary genetics analysis version 7.0 for bigger datasets. Molecular Biology and Evolution, 33: 1870-1874.
- Li, W.H., D. Graur. 1991. Fundamentals of molecular evolution. Sinauer Associates,

- Sunderland, Massachusetts.
- Linda, K.P., M. Paul. 1995. Developments in molecular genetic techniques in fisheries. In: G.R. Carvalho and T.J. Pitcher, Eds., *Molecular Genetics in Fisheries*, Chapman and hall, London, 1-28 p.
- Liu, Z.J., J.F. Cordes. 2004. DNA marker technologies and their applications in aquaculture genetics. *Aquaculture*, 238: 1-37.
- Liu, Z.J. 2011. *Next generation sequencing and whole genome selection in aquaculture*. Wiley-Blackwell. 232 p.
- McCusker, M.R., D. Denti, L. Van-Guelpen, E. Kenchington, P. Bentzen. 2013. Barcoding Atlantic Canada's commonly encountered marine fishes. *Molecular Ecology Resources*, 13(2): 177-88.
- Nagl, S., H. Tichy, W.E. Mayer, I.E. Samonte, B.J. McAndrew, J. Klein. 2001. Classification and phylogenetic relationships of African tilapiine fishes inferred from mitochondrial DNA sequences. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 20(3): 361-74.
- Nei, M., S. Kumar. 2000. *Molecular evolution and phylogenetics*. Oxford University Press, New York.
- O'Brien, S.J. 1991. Molecular genome mapping: lessons and prospects. *Current Opinion in Genetic Development*, 1(1): 105-111
- Octriane, N., M. Syaifudin, D. Jubaedah. 2018. DNA barcoding ikan beringit (*Mystus singaringan*) asal Sungai Batanghari berdasarkan gen Sitokrom C Oksidase Subunit I. Skripsi, Universitas Sriwijaya.
- Peloa, A., S. Wullur, C.A. Sinjal. 2015. Amplifikasi gen cytochrome oxidase subunit I (COI) dari sampel sirip ikan hiu dengan menggunakan beberapa pasangan primer. *Jurnal Pesisir dan Laut Tropis*, (1): 38.
- PeEnikar, F., E.V. Buzan. 2014. 20 years since the introduction of DNA barcoding: from theory to application. *Journal of Applied Genetics*, 55: 43-52.
- Pratama, M.R.N., M. Syaifudin, M. Muslim. 2017. Aplikasi DNA barcode pada ikan patin siam (*Pangasius hypophthalmus*) dan ikan riu (*Pangasius macronema*) berdasarkan gen sitokrom C oksidase subunit I (COI) DNA barcode. *Prosiding Seminar Nasional Lahan Suboptimal 2017*, Palembang 19-20 Oktober 2017 "Pengembangan Ilmu dan Teknologi Pertanian Bersama Petani Lokal untuk Optimalisasi Lahan Suboptimal", 472-481.
- Rognon, X., R. Guyomard. 1997. Mitochondrial DNA differentiation among East and West African Nile tilapia populations. *Journal of Fish Biology*, 51(1): 204-207.
- Saitou, N., M. Nei. 1987. The neighbor-joining method: A new method for reconstructing phylogenetic trees. *Molecular Biology and Evolution*, 4: 406-425.
- Syaifudin, M., D. Penman, B. McAndrew. 2015. Species-specific DNA markers for improving the genetic management of Tilapia. PhD thesis, Institute of Aquaculture, University of Stirling, Scotland, United Kingdom.

- Syaifudin, M., J. Dade, M. Muslim, D. Ayu. 2017. DNA authentication of Asian redbtail catfish *Hemibragus nemurus* from Musi and Penukal River, South Sumatra Indonesia. *Genetic of Aquatic Organism*, 1: 43-48.
- Syaifudin, M, B. Bekaert, J.B. Taggart, K.L. Bartie, S. Wehner, C. Palaiokostas, M.G.Q. Khan, S.L.C. Selly, G. Hulata, H. D’Cotta, J.F. Baroiller, B.J McAndrew, D.J. Penman. 2019. Species-specific marker discovery in Tilapia. *Sci. Rep.*, 9: 13001.
- Syaifudin, M., D. Jubaedah, D. Yonarta, Z. Hastuti. 2019. DNA barcoding of snakesk in gourami *Trichogaster pectoralis* and blue gourami *Trichogaster trichopterus* based on cytochrome C oxidase subunit I (COI) gene. *IOP Conf. Ser: Earth Environ Sci.*, 348: 01203.
- Syaifudin, M, M. Wijayanti, S.H. Dwinanti, M. Muslim, M. Mahendra, S. Marliana. 2020. Short communication: DNA barcodes and phylogenetic of striped snakehead and ocellated snakehead fish from South Sumatra, Indonesia. *Biodiversitas*, 21(3): 1227-1235
- Tamura K., M. Nei, S. Kumar. 2004. Prospects for inferring very large phylogenies by using the neighbor-joining method. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 101: 11030-11035.
- Toniato, J., D.J. Penman, C. Martins. 2010. Discrimination of tilapia species of the genera *Oreochromis*, *Tilapia* and *Sarotherodon* by PCR-RFLP of 5S rDNA. *Aquaculture Research*, 41(6): 934–938.
- Wasko, A.P., C. Martins, C. Oliveira, F. Foresti. 2003. Non-destructive genetic sampling in fish. An improved method for DNA extraction from fish fins and scales. *Hereditas*, 138(3): 161-165.
- Ward, R.D., T.S. Zemlak, B.H. Innes, P.R. Last, P.D.N. Hebert. 2005. DNA barcoding Australia’s fish species. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London. Series B, Biological Sciences*, 360(1462): 1847–57.
- Ward, R.D., B.H. Holmes, W.T. White, P.R. Last. 2008. DNA barcoding Australasian chondrichthyans: results and potential uses in conservation. *Mar. Freshw. Res.*, 59(1): 57-71.
- Ward, R.D. 2009. DNA barcode divergence among species and genera of birds and fishes. *Mol. Ecol. Res.*, 9(4): 1077-1085.
- Wibowo, A., H. Sloterdijk, S.P. Ulrich. 2015. Identifying Sumatran Peat swamp fish larvae through DNA barcoding, evidence of complete life history pattern. *Procedia Chemistry*, 14: 76-84.
- Wong, L.L., E. Peatman, J. Lu, H. Kucuktas, S. He, C. Zhou, Z. Liu. 2011. DNA barcoding of catfish: species authentication and phylogenetic assessment. *PLoS One*, 6(3): e17812.
- Wu, L., J. Yang. 2012. Identifications of captive and wild tilapia species existing in Hawaii by mitochondrial DNA control region sequence. *PLoS One*, 7(12): e51731.

*How to cite this paper:*

Syaifudin, M., H. Herpandi, D. Jubaedah, R. Rinto. 2020. Barkod dna dan kekerabatan ikan di perairan tawar Sumatera Selatan (DNA barcoding and phylogenetic of freshwater fishes in Sumatera Selatan). In: Z. A. Muchlisin, Agustiana, B. Amin, A.D. Syakti, L. Adrianto (eds). Ikan natif dan endemic Indonesia: Biologi, konservasi dan pemanfaatan. Bandar Publishing, Banda Aceh.



# Book Chapter

---

## ORIGINALITY REPORT

---

15%

SIMILARITY INDEX

---

### PRIMARY SOURCES

---

1	<a href="http://www.e3s-conferences.org">www.e3s-conferences.org</a> Internet	225 words — 4%
2	<a href="http://ejournal.unsri.ac.id">ejournal.unsri.ac.id</a> Internet	146 words — 2%
3	<a href="http://republika.co.id">republika.co.id</a> Internet	145 words — 2%
4	<a href="http://core.ac.uk">core.ac.uk</a> Internet	128 words — 2%
5	<a href="http://neriynra.blogspot.com">neriynra.blogspot.com</a> Internet	73 words — 1%
6	<a href="http://humaniora.journal.ugm.ac.id">humaniora.journal.ugm.ac.id</a> Internet	44 words — 1%
7	<a href="http://repository.ar-raniry.ac.id">repository.ar-raniry.ac.id</a> Internet	44 words — 1%
8	Lumbantobing, Daniel Nata. "Phylogenetic Systematics of the Supragenus Rasbora (Teleostei: Cyprinidae)", Proquest, 2014. ProQuest	42 words — 1%
9	<a href="http://repository.ub.ac.id">repository.ub.ac.id</a> Internet	42 words — 1%

---

10

repository.unsri.ac.id

Internet

42 words — 1%

11

Rini Widayanti, Ken Ayik Kusumaastuti, Joana Martha Novi, Fadila Khairuna Adani et al. "Genetic variation and phylogenetic analysis of Indonesian indigenous catfish (baung fish) based on mitochondrial 12S rRNA gene", Veterinary World, 2021

Crossref

36 words — 1%

EXCLUDE QUOTES ON

EXCLUDE SOURCES < 1%

EXCLUDE BIBLIOGRAPHY ON

EXCLUDE MATCHES < 9 WORDS