



Analisis Identitas Genetik Ikan Gabus Sentani (*Oxyleotris heterodon*) berdasarkan Marka Gen Sitokrom Oksidase 1

Genetic Identity of Sentani Gudgeon (*Oxyleotris heterodon*) based on Cytochrome Oxidase 1 Gene Marker

Muhammad Dailami^{1*}, Antajala Rian Maulana¹, Marthin Daniel Theo Gratia Siahaan¹, Wahyu Endra Kusuma¹, Lalu Panji Imam Agamawan², Abdul Hamid A. Toha³, Ating Yuniarti¹

¹ Program Studi Budidaya Perairan, Departemen Manajemen Sumberdaya Perikanan dan Kelautan, Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan, Universitas Brawijaya, Jl. Veteran, Ketawanggede, Lowokwaru, Malang, Jawa Timur, 65145, Indonesia;

² Program Studi Ilmu Kelautan, Jurusan Ilmu Kelautan dan Perikanan, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Cenderawasih, Jl. Veteran, Ketawanggede, Lowokwaru, Malang, Jawa Timur, 65145, Indonesia;

³ Program Studi Manajemen Sumberdaya Perairan, Jurusan Perikanan, Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan, Universitas Papua, Jl. Gunung Salju, Amban, Manokwari, Papua Barat, 98314, Indonesia;

* Korespondensi: muhdailami@ub.ac.id;

PEER Review Process

Disubmit: 23/12/2024

Direview: /12/2024

Direvisi: 12/02/2025

Diterima: 19/03/2025

Diterbitkan: 20/03/2025

Doi: 10.64283/jotdiverse.2025.1(1):4

Sitasi: Dailami, M., Maulana, A. R., Siahaan, M. D. T. G., Kusuma, W. E., Agamawan, L. P. I., Toha, A. H. A., Yuniarti, A. 2025. Genetic Identity of Sentani Gudgeon (*Oxyleotris heterodon*) based on Cytochrome Oxidase 1 Gene Marker. Journal of Tropical Diversity. 1(1):24-32
doi:

[https://doi.org/10.64283/jotdiverse.2025.1\(1\):4](https://doi.org/10.64283/jotdiverse.2025.1(1):4)



Copyright: © 2025 by the authors.

This work is licensed under a

Creative Commons Attribution-

ShareAlike 4.0 International License

(CC BY SA)

<https://creativecommons.org/licenses/by-sa/4.0/>

Abstrak: Ikan Gabus Sentani (*Oxyleotris heterodon*) merupakan spesies ikan endemik yang menghuni Danau Sentani dan beberapa danau lain di Provinsi Papua, Indonesia. Spesies ini memiliki nilai ekologis dan ekonomis penting, namun rentan terhadap perubahan lingkungan dan eksploitasi berlebihan. Identifikasi genetik, terutama menggunakan gen Sitokrom Oksidase 1 (COI), sangat penting untuk upaya konservasi dan pemahaman keragaman genetik Ikan Gabus Sentani. Teknik DNA barcoding dengan gen COI telah menjadi metode standar dalam identifikasi molekuler spesies, memungkinkan identifikasi cepat dan akurat. Sayangnya, Ikan Gabus Sentani menghadapi berbagai ancaman seperti degradasi habitat, pencemaran, penangkapan berlebihan, dan introduksi spesies asing invasif. Oleh karena itu, penelitian genetik menjadi semakin penting untuk mendukung upaya konservasi, memberikan pemahaman mendalam tentang status populasi dan potensi adaptasi spesies. Hasil amplifikasi dan sekuensing DNA fragmen gen COI menunjukkan adanya sekuens DNA dengan panjang mencapai 619 pasang basa dengan komposisi A (23,9%), G (18,1%), C (29,1%), T (28,9%). Hasil identifikasi dengan analisis homologi pada database NCBI dan BOLD menunjukkan kemiripan tertinggi pada 97.58% dan 97.84% dengan sekuens *O. lineolate*. Hal ini dikarenakan belum adanya sekuens *O. heterodon* dari fragmen gen COI yang ditemukan di Genbank maupun BOLD system. Analisis pohon filogenetik dengan beberapa sekuens yang memiliki kemiripan dekat menunjukkan adanya perbedaan clade antara sekuens *O. heterodon* dari penelitian ini dengan sekuens *O. lineolate* dan spesies lain.

Kata kunci: Gen COI, ikan gabus sentani, keragaman genetik

Abstract: The Sentani gudgeon fish (*Oxyleotris heterodon*) is an endemic fish species that inhabits Lake Sentani and several other lakes in Papua Province, Indonesia. This species has important ecological and economic value, but is vulnerable to environmental change and overexploitation. Genetic identification, especially using the Cytochrome Oxidase 1 (COI) gene, is very important for conservation efforts and understanding the genetic diversity of Sentani Snakehead Fish. DNA barcoding techniques with the COI gene have become the standard method in molecular identification of species, allowing rapid and accurate identification. Unfortunately, the Sentani Snakehead Fish faces various threats such as habitat degradation, pollution, overfishing and the introduction of invasive foreign species. Therefore, genetic research is becoming increasingly important to support conservation efforts, providing in-depth understanding of the population

status and adaptive potential of species. The results of DNA amplification and sequencing of COI gene fragments showed a DNA sequence with a length of 619 base pairs with the composition A (23.9%), G (18.1%), C (29.1%), T (28.9%). The results of identification by homology analysis in the NCBI and BOLD databases showed the highest similarity at 97.58% and 97.84% with the *O. lineolate* sequence. This is because there is no *O. heterodon* sequence from the COI gene fragment found in Genbank or the BOLD system. Phylogenetic tree analysis with several sequences that have close similarities shows a difference in clade between the *O. heterodon* sequence from this study with the *O. lineolate* sequence and other species.

Keywords: Cytochrome Oxidase 1 (COI) gene; snakehead fish; genetic diversity

1. Pendahuluan

Ikan Gabus Sentani (*O. heterodon*) merupakan spesies ikan endemik yang menghuni perairan Danau Sentani dan beberapa danau lainnya di Provinsi Papua, Indonesia. Spesies ini termasuk dalam famili Eleotrididae dan dikenal juga dengan nama lokal "gabus malas" (Kadariusman et al., 2018). Sebagai bagian dari kekayaan biodiversitas perairan tawar Indonesia, Ikan Gabus Sentani memiliki nilai ekologis dan ekonomis yang penting bagi masyarakat setempat. Keberadaannya yang terbatas pada habitat tertentu menjadikan spesies ini rentan terhadap perubahan lingkungan dan eksploitasi berlebihan.

Identifikasi genetik memegang peranan krusial dalam upaya konservasi spesies ikan endemik seperti Ikan Gabus Sentani. Analisis genetik dapat memberikan informasi penting tentang keragaman genetik, struktur populasi, dan hubungan filogenetik antar spesies (Losos & Glor, 2003). Informasi ini sangat berharga untuk merancang strategi konservasi yang efektif dan berkelanjutan. Selain itu, identifikasi genetik juga dapat membantu dalam mendeteksi adanya *cryptic species* atau variasi genetik yang tidak terlihat secara morfologis (Balart, 2004; Kurniasih et al., 2020), yang mungkin memerlukan pendekatan konservasi yang berbeda.

Salah satu marka genetik yang banyak digunakan dalam identifikasi spesies adalah gen Sitokrom Oksidase 1 (COI). Gen ini merupakan bagian dari DNA mitokondria yang memiliki tingkat variasi yang cukup untuk membedakan antar spesies, namun cukup konservatif dalam satu spesies (Ward et al., 2005). Penggunaan gen COI telah terbukti efektif dalam berbagai studi identifikasi spesies ikan air tawar, termasuk dalam mengungkap keragaman genetik dan hubungan filogenetik (Dailami et al., 2016; Saleky & Dailami, 2021).

Teknik DNA *barcoding*, yang menggunakan sekuen gen COI sebagai "barcode" genetik, telah menjadi metode standar dalam identifikasi molekuler spesies. Metode ini memungkinkan identifikasi spesies yang cepat dan akurat, bahkan untuk spesimen yang sulit diidentifikasi secara morfologis (Hubert et al., 2012). Dalam konteks Ikan Gabus Sentani, aplikasi DNA *barcoding* dapat membantu dalam memvalidasi status taksonominya, mengidentifikasi variasi genetik dalam populasi, dan mendeteksi potensi hibridisasi dengan spesies lain (Dahrudin et al., 2017; Wiadnya et al., 2023).

Meskipun memiliki nilai penting, Ikan Gabus Sentani menghadapi berbagai ancaman terhadap kelangsungan hidupnya. Degradasi habitat akibat pencemaran, sedimentasi, dan perubahan tata guna lahan di sekitar Danau Sentani merupakan tantangan utama bagi konservasi spesies ini (Kadariusman et al., 2018). Selain itu, penangkapan berlebihan dan introduksi spesies asing invasif juga dapat mengancam populasi Ikan Gabus Sentani (Warsa & Satria, 2008). Oleh karena itu, diperlukan upaya konservasi yang komprehensif dan berbasis ilmiah untuk melindungi spesies endemik ini.

Penelitian genetik menjadi semakin urgen dalam mendukung upaya konservasi Ikan Gabus Sentani. Analisis identitas genetik dapat memberikan pemahaman yang lebih mendalam tentang status populasi, tingkat keragaman genetik, dan potensi adaptasi spesies terhadap perubahan lingkungan. Informasi ini sangat penting untuk merancang strategi pengelolaan yang tepat, termasuk program pembiakan *ex-situ* dan restorasi

habitat. Selain itu, data genetik juga dapat digunakan untuk memonitor efektivitas upaya konservasi yang telah dilakukan dan mengidentifikasi populasi prioritas untuk perlindungan.

Berdasarkan latar belakang tersebut, penelitian ini bertujuan untuk menganalisis identitas genetik Ikan Gabus Sentani (*O. heterodon*) berdasarkan marka gen Sitokrom Oksidase 1. Hasil penelitian ini diharapkan dapat memberikan kontribusi signifikan terhadap pengetahuan tentang genetika populasi Ikan Gabus Sentani, yang pada gilirannya akan mendukung pengembangan strategi konservasi yang lebih efektif. Selain itu, penelitian ini juga dapat menjadi model untuk studi serupa pada spesies ikan endemik lainnya di Indonesia, sehingga berkontribusi pada upaya pelestarian keanekaragaman hayati perairan tawar nasional.

2. Materials and Methods

2.1 Bahan

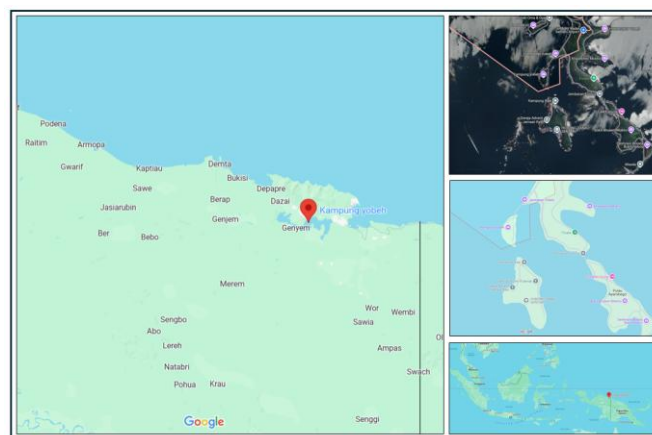
Penelitian ini menggunakan sampel pectoral fin ikan gabus sentani yang diambil dari Danau Sentani, Papua. Sampel jaringan diawetkan dalam etanol 96% hingga dilakukan isolasi DNA. Bahan-bahan lain meliputi kit isolasi DNA (GeneAid), kit PCR Gotaq green Mastermix, primer Fish F1 dan Fish R1 (Ward et al., 2005). agarose, Fluorose, ddH₂O, TBE buffer, dan DNA Marker 1 kb (Invitrogen).

2.2 Alat

Peralatan yang digunakan antara lain timbangan digital, kamera digital, pinset, pisau, pipet mikro, mesin PCR (thermal cycler), tangki elektroforesis, power supply elektroforesis, mikrosentrifugasi, dan UV transiluminator.

2.3 Pengambilan Sampel

Sampel ikan gabus diambil dari Danau Sentani, Jayapura Papua, dengan menggunakan alat tangkap sederhana yang ramah lingkungan. Sampel yang diperoleh selanjutnya difoto atau didokumentasikan. Setelah difoto, bagian fin pectoral sebelah kanan diambil sebagai sampel jaringan yang akan digunakan dalam Isolasi DNA. Untuk pengawetan selama pengiriman, sampel jaringan direndam dalam etanol 96%, dibungkus dengan tisu basah yang dicelupkan dalam etanol 96%, dan dimasukkan dalam plastik klip. Penggunaan tisu basah bertujuan untuk menjaga sampel tetap basah dengan etanol 96% namun aman selama proses pengiriman. Lokasi pengambilan sampel disajikan pada Gambar 1.



Gambar 1. Peta Lokasi pengambilan sampel ikan Gabus Sentani (*O. heterodon*), Kampung Yobeh, Danau Sentani, Jayapura, Papua, Indonesia

2.4 Isolasi DNA Genom

Isolasi genom DNA dari ikan gabus sentani dilakukan menggunakan kit isolasi DNA Geneaid sesuai prosedur standar produsen yang disesuaikan dengan metode Dailami et al., 2021). Proses isolasi DNA terdiri dari tiga tahap utama: lisis sel, pemurnian, dan presipitasi. Lisis sel dilakukan dengan menghancurkan 30 mg sampel jaringan dalam 200 μ L buffer lisis GT1 dan 10 μ L proteinase K. Untuk mengoptimalkan kinerja enzim proteinase, larutan sampel diinkubasi pada suhu 65°C selama 20 menit. Proses selanjutnya dilakukan sesuai dengan prosedur standar dari produsen kit.

2.5 Amplifikasi Fragmen Gen COI

Penggandaan fragmen gen COI dilakukan dengan teknik PCR menggunakan mesin thermal cycler. Reaksi PCR dilakukan dalam volume total 25 μ L, terdiri dari 12,5 μ L Go Taq Green Mastermix 2x, 1,125 μ L masing-masing primer (Fish F1 dan Fish R1), 2 μ L isolat DNA, 1 μ L DMSO, dan 7 μ L ddH₂O. Sekuens primer yang digunakan mengacu pada (Ward et al., 2005) Profil suhu PCR meliputi 80°C selama 30 detik, denaturasi awal 94°C selama 3 menit, diikuti 35 siklus (94°C 30 detik, 50°C 30 detik, 72°C 45 detik), extension akhir 94°C selama 5 menit, dan pendinginan pada suhu ruang (32°C) (Dailami et al., 2018, 2022, 2024).

2.6 Elektroforesis

Visualisasi hasil PCR dilakukan dengan elektroforesis gel agarose 1% untuk mengetahui keberhasilan proses PCR. Gel dibuat dengan mencampurkan 1 gram agarose dan 50 mL SB buffer, dipanaskan hingga bening, lalu dicetak. Produk PCR (4 μ L) dicampur dengan 1 μ L loading dye dan dimasukkan ke dalam sumuran gel. DNA marker 1 kb (Invitrogen) digunakan sebagai kontrol. Elektroforesis berlangsung selama 30 menit pada 100 volt. Pewarnaan pita DNA menggunakan fluorosafe yang dimasukkan dalam gel sebanyak 1 μ L sebelum gel dicetak. Visualisasi pita DNA dilakukan dengan UV transiluminator dan didokumentasikan menggunakan kamera digital.

2.7 Sekuensing DNA

Sekuensing DNA dilakukan menggunakan metode dideoksi terminasi Sanger oleh pihak ketiga, 1st Base Malaysia, melalui jasa PT Genetika Sains Indonesia. Hasil sekuensing berupa elektroforegram dikirimkan dalam format file *.ab1 untuk digunakan dalam analisis data selanjutnya.

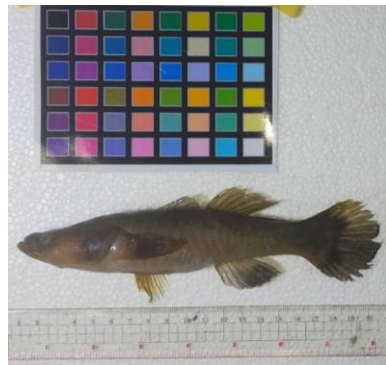
2.8 Analisis Data

Hasil sekuensing berupa elektroforegram diedit dan diproofreading menggunakan MEGA X (Kumar et al., 2018). Proses ini memastikan kebenaran sekuens DNA yang terbaca dengan peak elektroforegram. Setiap sekuens dipotong pada bagian ujung 5' dan 3' sejajar dengan posisi penempelan primer Fish F1 dan Fish R1, lalu disimpan dalam format fasta. Sekuens disejajarkan menggunakan metode Clustal W dalam MEGA X dan dibandingkan dengan database NCBI dan BOLD system. Analisis filogenetik dan jarak genetik dilakukan dengan metode maksimum likelihood menggunakan model substitusi terbaik berdasarkan nilai Bayesian Information Criterion (BIC) terkecil, yang dipilih menggunakan modeltest dalam MEGA X (Kumar et al., 2018).

3. Hasil dan Pembahasan

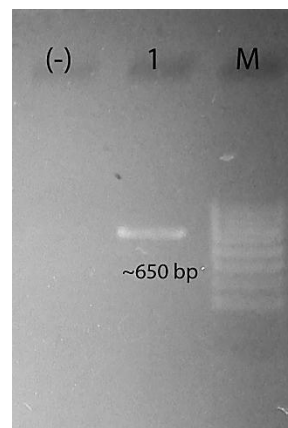
3.1 Amplikon Fragmen Gen COI

Ikan gabus sentani yang dikoleksi dari danau sentani didokumentasikan dengan kamera digital dan disajikan dalam Gambar 2. Sampel yang diperoleh diawetkan dalam etanol 96% dan spesimennya disimpan pada Laboratorium PSP FPIK UB.



Gambar 2. Sampel Ikan Gabus sentani yang berhasil dikoleksi

Hasil amplifikasi gen COI divisualisasikan dengan menggunakan gel elektroforesis dan menunjukkan adanya pita DNA dengan panjang sekitar 600-700 pasang basa. Foto gel elektroforesis disajikan Pada Gambar 3.



Gambar 3. Elektroforesis hasil amplifikasi DNA

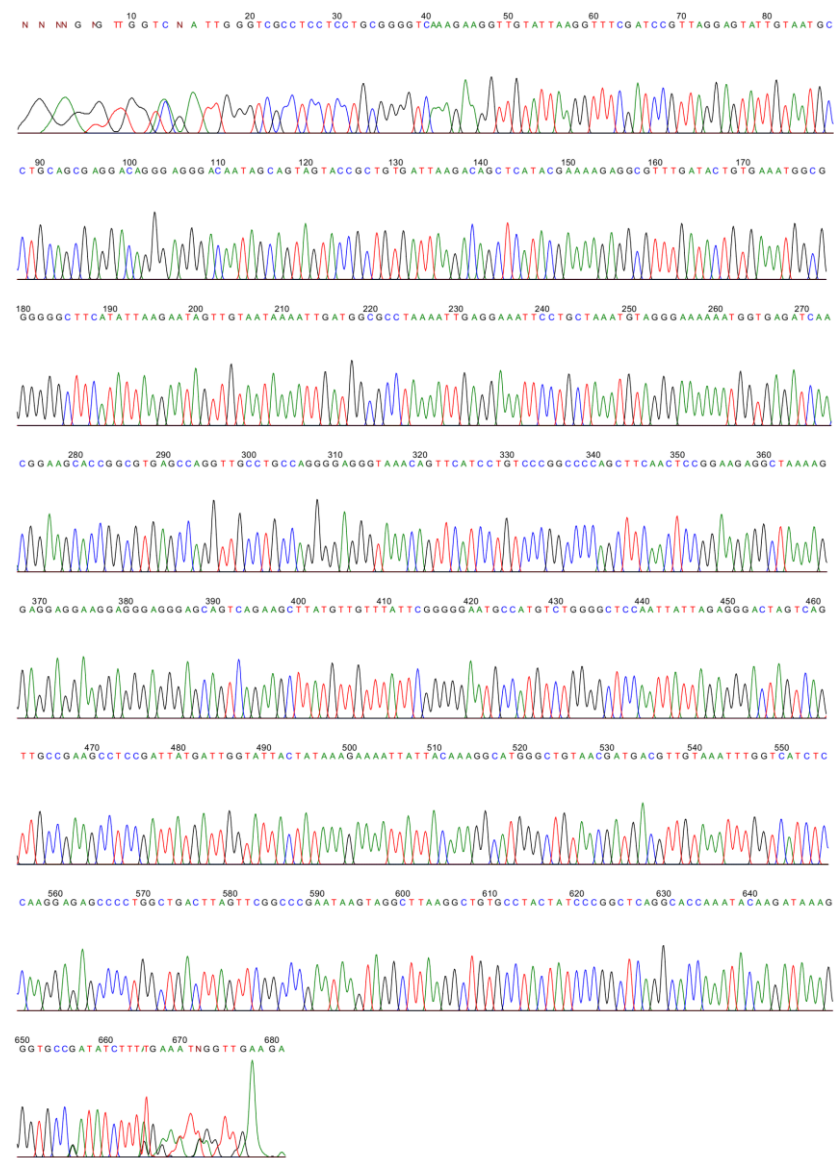
3.2 Urutan Nukleotida Fragmen Gen COI

Sekuens sampel ikan gabus sentani yang dikoleksi memiliki komposisi nukleotida A (23,9%), G (18,1%), C (29,1%), T (28,9%) dengan Panjang basa 619 pasang basa dengan urutan nukleotida dapat dilihat pada Gambar 4. Sekuens ini telah disubmit ke NCBI dengan kode akses [PV414513](https://doi.org/10.4154513).

```
TAAAGATATCGGCACCCCTTTATCTTGTATTTGGTGCCTGAGCCGGGATAGTAGGC
ACAGCCTTAAGCCTACTTATTCGGGCCGAACCTAAGTCAGCCAGGGGCTCTCCTTG
GAGATGACCAAATTTACAACGTCATCGTTACAGCCCATGCCTTTGTAATAATTTT
CTTTATAGTAATACCAATCATAATCGGAGGCTTCGGCAACTGACTAGTCCCTCTA
ATAATTGGAGCCCCAGACATGGCATTCCCCCGAATAAACAACATAAGCTTCTGA
CTGCTCCCTCCCTCCTTCCTCCTCTTTAGCCTCTTCCGGAGTTGAAGCTGGGGC
CGGGACAGGATGAAGTGTTCACCTCCCTGCGCAGGCAACCTGGCTCACGCCGG
TGCTTCCGTTGATCTCACCATTTTTTCCCTACATTTAGCAGGAATTTCTCAATTTT
AGGCGCCATCAATTTTATTACAACATTTCTTAATATGAAGCCCCCGCCATTTC
CAGTATCAAACGCCTCTTTTCGTATGAGCTGTCTTAATCACAGCGGTACTACTGC
TATGTGCCCTCCCTGTCTCGCTGCAGGCATTACAATACTCCTAACGGATCGAAA
CCTTAATACAACC
```

Gambar 4. Urutan Nukleotida Fragmen Gen COI ikan gabus sentani

Sekuens DNA yang diperoleh dalam format ab1 file menunjukkan adanya kualitas elektroferogram yang berkualitas baik dengan puncak dan lembah yang terpisah dengan baik tanpa ada banyak puncak pengotor. Hal ini dapat dilihat pada Gambar 5.



Gambar 5. Elektroferogram Sampel Ikan Gabus Sentani yang berhasil dikoleksi

3.3 Identifikasi Molekuler

Temuan-temuan ilmiah tersebut harus dijelaskan secara saintifik meliputi: Apakah temuan ilmiah yang diperoleh? Mengapa hal itu bisa terjadi? Mengapa tren variabel seperti itu? Semua pertanyaan tersebut harus dijelaskan secara saintifik, tidak hanya deskriptif, bila perlu ditunjang oleh fenomena-fenomena dasar ilmiah yang memadai. Selain itu, harus dijelaskan juga perbandingannya dengan hasil-hasil para peneliti lain yang hampir sama topiknya. Hasil-hasil penelitian dan temuan harus bisa menjawab hipotesis penelitian di bagian pendahuluan.

Tabel 1. Hasil BLAST sampel dengan data GenBank NCBI dan BOLD System

BLAST NCBI			BOLD System		
ID Sampel					
Kemiripan	Spesies	Accession Number	Kemiripan	Spesies	Accession Number
97.58%	<i>Oxyeleotris lineolata</i>	AY722165.1	97.84%	<i>Oxyeleotris lineolata</i>	GOBY022-07
97.42%	<i>Oxyeleotris lineolata</i>	AY722139.1	97.84%	<i>Oxyeleotris lineolata</i>	GOBY023-07

<i>O. heterodon</i>	97.35%	<i>Oxyeleotris lineolata</i>	KJ669574.1	97.84%	<i>Oxyeleotris selheimi</i>	GOBY028-07
Asal Danau	96.93%	<i>Oxyeleotris lineolata</i>	NC_026886.1	97.84%	<i>Oxyeleotris selheimi</i>	GOBY117-07
Sentani	92.08%	<i>Oxyeleotris selheimi</i>	AY722166.1	97.56%	<i>Oxyeleotris lineolata</i>	ANGBF1457
						9-19

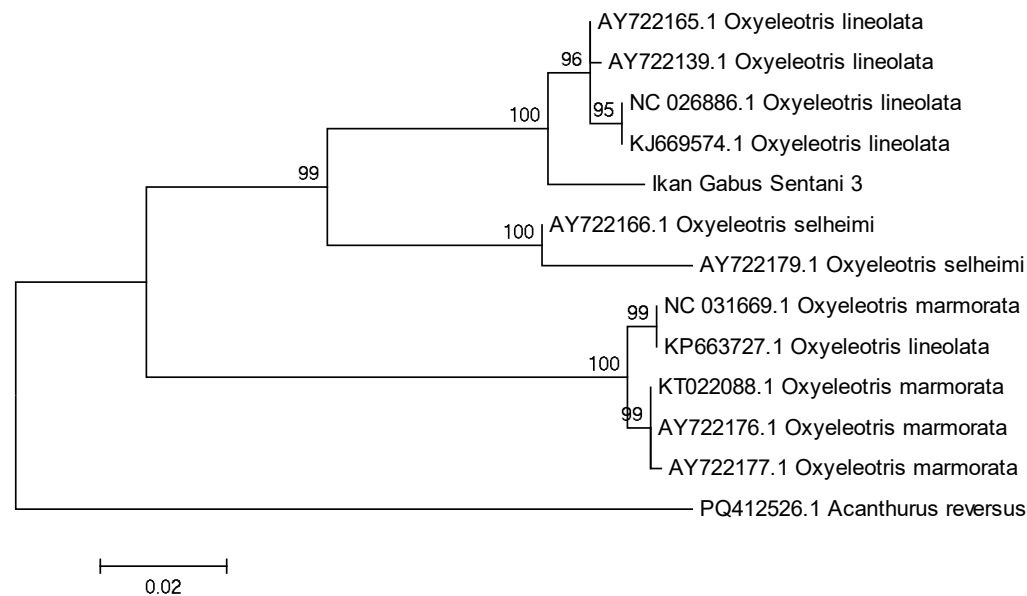
Hasil identifikasi dengan menggunakan BLAST pada data NCBI dan BOLD tidak menunjukkan adanya kemiripan dengan spesies *O. heterodon* dikarenakan belum ditemukan adanya sekuens gen COI dari spesies ini pada database NCBI maupun BOLD. Sekuens ini merupakan sekuens pertama yang dilaporkan dari gen COI untuk spesies *O. Heterodon*.

Analisis lebih lanjut dilakukan dengan membandingkan sekuens *O. Heterodon* dengan sekuens pembanding yang terdapat di database GenBank. Sebanyak 12 sekuens digunakan dalam proses analisis selanjutnya. Adapun daftar sekuens yang digunakan dalam analisis ini disajikan pada Tabel 2.

Tabel 2. Daftar sekuens NCBI yang digunakan sebagai pembanding

No	Spesies	Accession Number	Referensi
1	<i>Oxyeleotris lineolata</i>	AY722165.1	Thacker & Hardman, 2005
2	<i>Oxyeleotris lineolata</i>	AY722139.1	Thacker & Hardman, 2005
3	<i>Oxyeleotris lineolata</i>	KJ669574.1	Hardy, 2014
4	<i>Oxyeleotris lineolata</i>	NC_026886.1	Chen, Li, and Zhu, 2015
5	<i>Oxyeleotris selheimi</i>	AY722166.1	Thacker & Hardman, 2005
6	<i>Oxyeleotris selheimi</i>	AY722179.1	Thacker & Hardman, 2005
7	<i>Oxyeleotris marmorata</i>	NC031669.1	Yang, 2016
8	<i>Oxyeleotris lineolata</i>	KP663727.1	Zhang, et al, 2015
9	<i>Oxyeleotris marmorata</i>	AY722176.1	Thacker & Hardman, 2005
10	<i>Oxyeleotris marmorata</i>	KT022088.1	Meganathan, et al, 2015
11	<i>Oxyeleotris marmorata</i>	AY722177.1	Thacker & Hardman, 2005
12	<i>Achanturus reversus</i>	PQ412526.1	Azami Ghazal and Pirro, 2024

Pohon filogenetik dibuat dengan menambahkan data sekuens dari GenBank sebagai pembanding sejumlah 12 sekuens dengan panjang mencapai 604 pasang basa. Model HKY+I merupakan model terbaik untuk dataset DNA yang telah dibuat dengan nilai BIC terendah yaitu 3751. Pohon filogenetik dibuat dengan menggunakan metode maksimumlikelihood dengan bootstrapt 1000 replikasi menunjukkan pohon filogenetik yang ditampilkan pada Gambar 6. Adapun Jarak genetik disajikan pada Tabel 3.



Gambar 6. Pohon filogenetik sekuens ikan gabus sentani dengan data GenBank

Tabel 3. Jarak Genetik

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13
1 Oxyeleotris_heterodon_Oh3		0.006	0.007	0.007	0.007	0.016	0.019	0.025	0.025	0.025	0.025	0.025	0.030
2 AY722165.1_Oxyeleotris_lineolata	0.022		0.001	0.003	0.003	0.014	0.018	0.025	0.025	0.026	0.026	0.026	0.032
3 AY722139.1_Oxyeleotris_lineolata	0.024	0.002		0.003	0.003	0.015	0.018	0.026	0.026	0.026	0.026	0.026	0.032
4 NC_026886.1_Oxyeleotris_lineolata	0.027	0.005	0.007		0.000	0.015	0.018	0.026	0.026	0.026	0.026	0.026	0.031
5 KJ669574.1_Oxyeleotris_lineolata	0.027	0.005	0.007	0.000		0.015	0.018	0.026	0.026	0.026	0.026	0.026	0.031
6 AY722166.1_Oxyeleotris_selheimi	0.083	0.074	0.076	0.075	0.075		0.007	0.023	0.023	0.024	0.024	0.024	0.031
7 AY722179.1_Oxyeleotris_selheimi	0.108	0.099	0.097	0.097	0.097	0.024		0.027	0.027	0.028	0.028	0.028	0.034
8 KT022088.1_Oxyeleotris_marmorata	0.145	0.145	0.147	0.147	0.147	0.136	0.165		0.000	0.004	0.002	0.004	0.034
9 AY722176.1_Oxyeleotris_marmorata	0.145	0.145	0.147	0.147	0.147	0.136	0.165	0.000		0.004	0.002	0.004	0.034
10 NC_031669.1_Oxyeleotris_marmorata	0.147	0.147	0.149	0.149	0.149	0.138	0.167	0.008	0.008		0.004	0.000	0.034
11 AY722177.1_Oxyeleotris_marmorata	0.147	0.147	0.150	0.149	0.149	0.139	0.167	0.002	0.002	0.010		0.004	0.035
12 KP663727.1_Oxyeleotris_lineolata	0.147	0.147	0.149	0.149	0.149	0.138	0.167	0.008	0.008	0.000	0.010		0.034
13 PQ412526.1_Acanthurus_reversus	0.175	0.184	0.187	0.182	0.182	0.182	0.203	0.203	0.203	0.197	0.206	0.197	

Pohon filogenetik menunjukkan bahwa sekuens *O. heterodon* berada dalam clade tersendiri yang terpisah dari *O. lineolata*, *O. sleheimi* dan *O. marmorata*. Hal ini menunjukkan bahwa sampel yang diperoleh dalam penelitian ini adalah berbeda spesies dengan sekuens-sekuens lain dari spesies lain dalam genus *Oxyeleotris*. Hasil dari pohon filogenetik juga sejalan dengan hasil BLAST pada NCBI maupun BOLD system yang menunjukkan bahwa sekuens sampel ini berbeda spesies dari sekuens sampel yang ada dalam GenBank. Sekuens sampel penelitian ini merupakan sekuens gen COI pertama kali yang disubmit ke NCBI.

Jarak genetik menunjukkan bahwa jarak antara sekuens *O. heterodon* dibandingkan dengan sekuens *O. lineolata* adalah 0.022-0.027, dengan *O. selheimi* (0.083 – 0.0108), dengan *O. marmorata* (0.145 – 0.147). Selain itu terdapat 1 sekuens *O. lineolata* yang berasal dari GenBank memiliki jarak genetik dengan *O. heterodon* mencapai 0.0147, yang menunjukkan adanya dugaan kesalahan dalam penamaan spesies tersebut untuk sekuens KP663727.1.

Hal ini didukung dengan hasil pohon filogenetik yang menunjukkan bahwa sekuens tersebut berada dalam 1 clade yang sama dengan sekuens *O. marmorata* dan berbeda clade dengan kelompok *O. lineolata* lainnya.

4. Kesimpulan

Fragmen gen COI ikan gabus sentani yang berhasil disekuens pada penelitian ini memiliki panjang 619 pasang basa dengan komposisi nukleotida A (23,9%), G (18,1%), C (29,1%), T (28,9%). Hasil identifikasi dengan analisis homologi pada database NCBI dan BOLD menunjukkan kemiripan tertinggi pada 97.58% dan 97.84% dengan sekuens *O. lineolata*. Hal ini dikarenakan belum adanya sekuens *O. heterodon* dari fragmen gen COI yang ditemukan di Genbank maupun BOLD system. Analisis pohon filogenetik dengan beberapa sekuens yang memiliki kemiripan dekat menunjukkan adanya perbedaan clade antara sekuens *O. heterodon* dari penelitian ini dengan sekuens *O. lineolata* dan spesies lain.

5. Ucapan Terimakasih

Ucapan terima kasih kepada Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan Universitas Brawijaya yang telah memberikan dana penelitian melalui hibah penelitian dosen FPIK UB tahun anggaran 2024 dengan kontrak nomor 3957/UN10.06/KS/2024.

Daftar Pustaka

- Balart, C. V. Æ. E. (2004). Cryptic isolation of Gulf of California shovelnose guitarfish evidenced by mitochondrial DNA. *Revista de Biologia Tropical*, 983–988. <https://doi.org/10.1007/s00227-004-1378-7>
- Dahrudin, H., Hutama, A., Busson, F., Sauri, S., Hanner, R., Keith, P., Hadiaty, R., & Hubert, N. (2017). Revisiting the ichthyodiversity of Java and Bali through DNA barcodes: taxonomic coverage, identification accuracy, cryptic diversity and identification of exotic species. *Molecular Ecology Resources*, 17(2), 288–299. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.12528>
- Dailami, M., Artika, I. M., Kusrini, M. D., & Safari, D. (2016). Phylogenetic Analysis of Cytochrome Oxidase I from Buduk Toads *Duttaphrynus melanostictus* and *Phrynodis asper* from Bogor. *Current Biochemistry*, 3(2), 54–65. <https://doi.org/10.29244/54-65>
- Dailami, M., Rahmawati, A., Saleky, D., & Toha, A. H. A. (2021). DNA barcoding of tilapia fish from Merauke, Papua and Malang, East Java-Indonesia. *AACL Bioflux*, 14(2), 849–858.
- Dailami, M., Saleky, D., Toha, A. H. A., & Agamawan, L. P. I. (2022). Identifikasi Genetik Udang Mantis Dengan Pendekatan DNA Barcoding Gen Sitokrom Oksidase 1 (CO1). *ACROPORA: Jurnal Ilmu Kelautan Dan Perikanan Papua*, 5(1). <https://doi.org/10.31957/acr.v5i1.2269>
- Dailami, M., Santi, D., Murthihapsari, ., Abubakar, H., & Toha, A. H. A. (2018). Genetic analysis of cytochrome oxidase sub unit 1 gene fragment from *Cirrhitilabrus cf. ryukyuensis* (Labridae) from Cenderawasih Bay and Raja Ampat. *Jurnal Iktiologi Indonesia*, 18(3), 209. <https://doi.org/10.32491/jii.v18i3.347>
- Dailami, M., Yuniarti, A., Saleky, D., & Toha, A. H. A. (2024). Identifikasi Genetik Ikan Gabus Asal Merauke dengan Menggunakan Fragmen Gen Sitokrom Oksidase Sub Unit I. *Bioscientist: Jurnal Ilmiah Biologi*, 12(1), 1252. <https://doi.org/10.33394/bioscientist.v12i1.11446>
- Hubert, N., Meyer, C. P., Bruggemann, H. J., Guérin, F., Komeno, R. J. L., Espiau, B., Causse, R., Williams, J. T., & Planes, S. (2012). Cryptic diversity in indo-pacific coral-reef fishes revealed by DNA-barcoding provides new support to the centre-of-overlap hypothesis. *PLoS ONE*, 7(3). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0028987>
- Kadariusman, Hismayasari, I. B., Supriatna, I., Sayuti, Moch., & Setiabadi, A. (2018). *Kajian Strategis Domestikasi Ikan Gabus Sentani Oxyeleotris heterodon (Weber, 1907)*. Badan Penelitian Dan Pengembangan Daerah, Kabupaten Jayapura Dan Politeknik Kelautan Dan Perikanan Sorong.

- Kumar, S., Stecher, G., Li, M., Knyaz, C., & Tamura, K. (2018). MEGA X: Molecular evolutionary genetics analysis across computing platforms. *Molecular Biology and Evolution*, 35(6), 1547–1549. <https://doi.org/10.1093/molbev/msy096>
- Kurniasih, E. M., Sembiring, A., Pertiwi, N. P. D., Anggoro, A. W., Cahyani, N. K. D., Dailami, M., Ambariyanto, A., Wijayanti, D. P., & Meyer, C. P. (2020). Cryptic Species from Biodiversity Hotspot: Estimation of Decapoda on Dead Coral Head Pocillopora in Raja Ampat Papua. *ILMU KELAUTAN: Indonesian Journal of Marine Sciences*, 25(1), 1–6. <https://doi.org/10.14710/ik.ijms.25.1.1-6>
- Losos, J. B., & Glor, R. E. (2003). Phylogenetic comparative methods and the geography of speciation. *Evolution*, 18(5), 220–227. [https://doi.org/10.1016/S0169-5347\(03\)00037-5](https://doi.org/10.1016/S0169-5347(03)00037-5)
- Saleky, D., & Dailami, M. (2021). Konservasi Genetik Ikan Kakap Putih (*Lates calcarifer*, Bloch, 1790) Melalui Pendekatan DNA Barcoding dan Analisis Filogenetik di Sungai Kumbe Merauke Papua. *Jurnal Kelautan Tropis*, 24(2), 141–150. <https://doi.org/10.14710/jkt.v24i2.10760>
- Ward, R. D., Zemlak, T. S., Innes, B. H., Last, P. R., & Hebert, P. D. N. (2005). DNA barcoding Australia's fish species. *Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences*, 360(1462), 1847–1857. <https://doi.org/10.1098/rstb.2005.1716>
- Warsa, A., & Satria, H. (2008). Sebaran Beberapa Jenis Ikan Ekonomis Penting di Danau Sentani, Papua. *Proceeding Seminar Nasional Ikan V, Jurnal Iktiologi Indonesia*.
- Wiadnya, D. G. R., Kurniawan, N., Hariati, A. M., Astuti, S. S., Paricahya, A. F., Dailami, M., & Kusuma, W. E. (2023). DNA barcoding of the most common marine ornamental fish species spilled over from a small-sized marine protected area, Bali Barat National Park, Indonesia. *Biodiversitas, Journal of Biological Diversity*, 24(1), 47–54.