

**Komposisi Nukleotida Sekuen Gen Mitokondria 16S dan COI Ikan Gabus  
(*Channa striata* Bloch,1793) dari Danau Sentani, Jayapura, Papua**

**The 16S and COI Mitochondrial DNA Nucleotide Composition of Stripped Snakehead  
(*Channa striata* Bloch,1793) from Lake Sentani, Jayapura, Papua**

**Christine Bawaeda Sitandung Kombong & Tuty Arisuryanti\***

Laboratorium Genetika dan Pemuliaan, Fakultas Biologi, Universitas Gadjah Mada

\*Corresponding author: tuty-arisuryanti@ugm.ac.id

**Abstrak**

Ikan gabus (*Channa striata* Bloch,1793) merupakan salah satu ikan air tawar yang memiliki prospek untuk dibudidayakan karena memiliki nilai gizi yang tinggi terutama mengandung omega-3 untuk nutrisi anak-anak dalam masa tumbuh kembang. Akan tetapi penelitian tentang komposisi nukleotida sekuen gen mitokondria 16S dan COI yang merupakan bagian dari kajian karakterisasi genetik ikan gabus dari Indonesia masih sangat minim dilakukan. Padahal penelitian karakterisasi genetik ikan gabus penting dilakukan untuk memperoleh informasi data yang dapat diaplikasikan dalam program pemuliaan maupun konservasi. Oleh karena itu, penelitian ini bertujuan untuk mengetahui komposisi nukleotida sekuen gen mitokondria 16S dan COI ikan gabus sebagai bagian dari kajian karakterisasi genetik ikan gabus (*Channa striata* Bloch, 1793) yang diambil dari Danau Sentani, Jayapura, Papua. Pada penelitian ini digunakan satu sampel ikan gabus (GBS-01) dari lokasi penelitian dan dibandingkan dengan *database* ikan gabus dari *GenBank*. Metode yang digunakan pada penelitian ini adalah metode PCR dan primer yang digunakan adalah 16Sar dan 16Sbr untuk gen mitokondria 16S, sedangkan primer FishF2 dan FishR2 untuk gen mitokondria COI. Hasil penelitian menunjukkan bahwa komposisi nukleotida gen mitokondria 16S ikan gabus yang diteliti (GBS-01) dari panjang fragmen partial sebesar 616 bp yaitu T=21,92%; C=25,49%; A=30,19%, dan G=22,40%; sedangkan komposisi nukleotida A+T=52,11% dan G+C=47,89%. Adapun komposisi gen mitokondria COI ikan gabus yang diteliti dari panjang fragmen partial sebesar 705 bp adalah T=29,93%; C=28,65%; A=24,26%; dan G=17,16%; sedangkan komposisi nukleotida A+T=54,48% dan G+C=45,52%. Data komposisi nukleotida dari dua gen mitokondria (16S dan COI) ikan gabus tersebut diharapkan dapat melengkapi data informasi genetik yang penting bagi program pemuliaan ikan gabus di masa yang akan datang.

**Kata kunci: Gen 16S; gen COI; ikan gabus; karakterisasi genetik; komposisi nukleotida**

**Abstract**

Stripped snakehead (*Channa striata* Bloch, 1793) has potency to be developed in Indonesia due to high nutritional value including omega 3 which is useful for children growth. However, study on composition of mitochondrial DNA nucleotide as a part of study on genetic characterization of stripped snakehead fish in Indonesia is poorly understood. Genetic characterization of stripped snakehead is important to obtain data information that can be applied for breeding and conservation program. Therefore, the objective of this study was to determine the 16S and COI mitochondrial DNA nucleotide of stripped snakehead collected from Lake Sentani, Jayapura, Papua. Method used in this research is PCR method using primer 16Sar and 16Sbr for 16S mitochondrial gene, and FishF2 and FishR2 for COI mitochondrial gene. The results showed that composition of 16S mtDNA nucleotide from 616 bp was T=21.92%, C=25.49%, A=30.19%, dan G=22.40%, whereas composition of A+T=52.11% and G+C=47.89%. In addition, composition of COI mtDNA nucleotide from 705 bp was T=29.93%, C=28.65%, A=24.26%, and G=17.16% while composition of A+T=54.48% and G+C=45.52%. Data of 16S and COI mitochondrial DNA nucleotide composition of the stripped snakehead collected from Lake Sentani gained in this study are to be expected to complete genetic information of the fish species which is useful to improve breeding program of this fish species in the future.

**Key words: 16S mtDNA; COI mtDNA; stripped snakehead; genetic characterization; nucleotide composition**

**Pengantar**

Indonesia merupakan negara kepulauan yang memiliki dua *hotspots* yaitu Sundaland dan Wallacea. Keberadaan dua hotspots tersebut menggambarkan

diversitas baik mikrobia, tumbuhan dan hewan yang ada di Indonesia, termasuk diversitas ikan air tawar (Lohman *et al.*, 2011; Hubert *et al.*, 2015). Salah satu ikan air tawar yang banyak dikonsumsi oleh masyarakat Indonesia adalah

Ikan gabus (*Channa striata* Bloch, 1793). Ikan gabus termasuk dalam ordo Perciformes, subordo Channoidei dan famili Channidae (Kottelat, 2013; Eschmeyer *et al.*, 2018). Ikan gabus memiliki distribusi yang cukup luas di Asia, terutama di Asia Barat (Pakistan, Bangladesh, dan India), Asia Timur (Cina Selatan dan Korea Selatan) dan Asia Tenggara (Indonesia, Kamboja, Myanmar, Filipina, Vietnam, Thailand dan Malaysia). Adapun di Indonesia ikan gabus banyak ditemukan di Sumatera, Kalimantan dan Jawa. Ikan gabus juga diintroduksi ke beberapa wilayah Indonesia antara lain ke Danau Sentani, Papua. Menurut Laksmana, 2010, Danau Sentani merupakan danau terbesar di Papua dengan luas 9.300 hektar dan terdapat 21 pulau kecil yang terdapat di danau ini. Danau Sentani terbentang antara Kota Jayapura dan kabupaten Jayapura. Di sisi utara danau terdapat pegunungan cagar alam Cyclops yang memiliki banyak sumber mata air sehingga aliran air dari sungai-sungai inilah yang mengisi Danau Sentani yang hingga kini tidak pernah menyusut. Hal ini memungkinkan banyaknya nutrisi dari pegunungan yang ikut terbawa oleh aliran air sungai, sehingga banyak organisme yang dapat beradaptasi dengan baik termasuk spesies ikan introduksi seperti ikan gabus.

Ikan gabus dikenal dengan ciri memiliki bentuk tubuh silindris dengan kepala yang agak pipih dan kedua mata terletak dorsolateral di bagian anterior kepala dan juga terdapat hidung dibagian anterior berbentuk tubular (Courtenay & Williams, 2004) dilengkapi sirip dorsal yang memanjang dan sirip anal yang dilengkapi dengan duri (spina). Warna tubuh ikan gabus yaitu coklat tua keabu-abuan gelap atau berwarna coklat zaitun pada bagian dorsal, sedangkan bagian ventral berwarna keputihan dan terdapat serangkaian bentuk seperti garis V (*chevron-shaped*) yang memanjang hingga *mid-lateral* (Bhat *et al.*, 2014; Tran *et al.*, 2013).

Ikan gabus merupakan ikan bento-pelagik (Phen *et al.*, 2005) yang dapat bertahan di daerah dengan kelembaban tinggi tanpa air dalam waktu yang panjang sebelum kemudian menemukan perairan baru untuk bermigrasi (Amilhat & Lorenzen, 2005). Oleh karena itu, ikan gabus termasuk dalam salah satu *air-breathing fis*. Selain itu juvenil ikan gabus dapat beradaptasi dan toleran terhadap air dengan kandungan oksigen rendah (Purnamawati *et al.*, 2017). Ikan gabus dapat hidup pada perairan asam dan alkali dengan rentang pH 4.25-9.45, sedangkan suhu optimal perairan bagi ikan gabus sekitar 20-35 °C tetapi juga dapat bertahan pada suhu lebih rendah dari 15 °C dan suhu maksimum mencapai 40 °C (Abol-Munafi *et al.*, 2004). Ikan gabus biasanya memijah pertengahan bulan April hingga Juli dengan

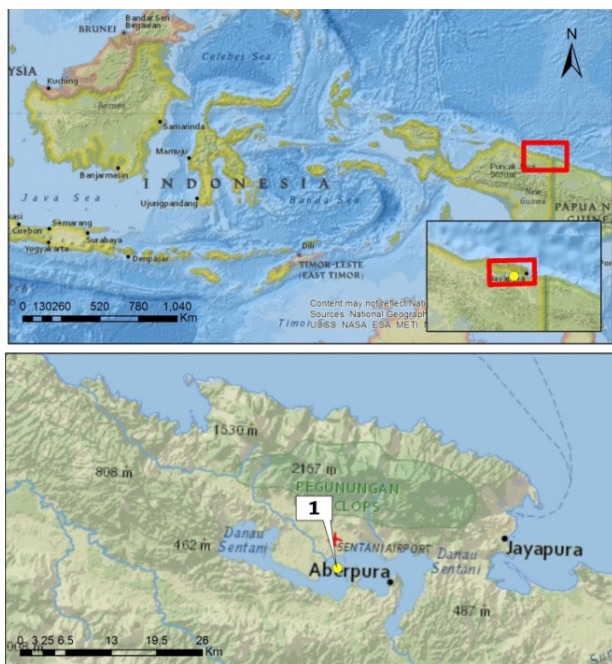
memijahan tertinggi berlangsung pada bulan Juni. Fekunditas individu betina ikan gabus cukup tinggi yaitu dapat mencapai >20.000 jika nutrisi dan kondisi lingkungan optimal (Ferdausi *et al.*, 2015). Ikan gabus merupakan karnivora yang memangsa insekta, molusca, dan zooplankton (Kakkaeo *et al.*, 2004).

Saat ini penggunaan DNA mitokondria untuk karakterisasi genetik pada ikan telah banyak dilakukan antara lain pada ikan belut (*Monopterus albus*) (Arisuryanti, 2016; Arisuryanti *et al.*, 2016); ikan arowana (*Scleropages formosus*) (Ngili *et al.*, 2015) dan ikan sidat (*Anguila* sp.) (Muchlisin *et al.*, 2017). Penelitian karakterisasi genetik ikan gabus menggunakan gen mitokondria *16S* yang dilakukan oleh Lakra *et al.* (2010) dan menggunakan gen mitokondria *COI* yang dilakukan oleh Aquino *et al.* (2011), Benziger *et al.* (2011), Serrao *et al.* (2014), Sood *et al.* (2015), Dhar & Ghosh (2015), dan Dahrudin *et al.* (2016) membuka kesempatan lebih jauh untuk melakukan kajian gen mitokondria yaitu dengan mengamati komposisi nukleotidanya terutama bagi ikan gabus yang ditemukan di Danau Sentani, Jayapura, Papua yang belum pernah diteliti sebelumnya. Penelitian ini diharapkan dapat melengkapi data karakterisasi genetik ikan gabus yang ada di Indonesia yang berguna bagi program pemuliaan ikan gabus di Indonesia pada masa yang akan datang.

## Bahan dan Metode

### *Pengambilan sampel dan penyimpanan sampel ikan gabus*

Pada penelitian ini sampel ikan gabus disampling dari Danau Sentani, Jayapura, Papua pada posisi geografis 2°36'36.7"S 140°31'11.6"E (Gambar 1) dengan menggunakan jaring/net. Ikan gabus yang ditangkap kemudian didokumentasi (Gambar 2) dan sekitar 50 g filet ikan gabus dimasukkan ke dalam tube 1,5 ml yang kemudian dipreservasi dengan menggunakan etanol absolut 99%. Spesimen ikan gabus tersebut selanjutnya diawetkan menggunakan *formaldehyde* untuk dijadikan *voucher specimen*. Filet dari sampel ikan gabus tersebut selanjutnya dibawa ke Laboratorium Genetika dan Pemuliaan, Fakultas Biologi UGM dan disimpan pada suhu 4°C hingga digunakan. Penelitian ini dilakukan pada bulan November 2017 sampai dengan Maret 2018.



Gambar 1. Lokasi pengambilan sampel ikan gabus (1) di Danau Sentani, Jayapura, Papua.



Gambar 2. Ikan gabus yang dikoleksi dari Danau Sentani, Jayapura, Papua.

#### Isolasi DNA dan amplifikasi DN ikan gabus

Isolasi DNA, amplifikasi DNA dan elektroforesis ikan gabus dilakukan di Laboratorium Genetika dan Pemuliaan, Fakultas Biologi UGM. Isolasi DNA filet ikan gabus yang dikoleksi dari Danau Sentani, Jayapura, Papua menggunakan Qiagen DNeasy blood and tissue kit (QIAGEN, Valencia, CA, USA). Selanjutnya hasil isolasi DNA dari tiap sampel ikan gabus diamplifikasi dengan menggunakan primer 16Sar (5'-CGCCTGTTTATCAAAAACAT-3') dan 16Sbr (5'-CCGGTCTGAACTCAGATCACGT-3') untuk sekuensing gen mitokondria 16S serta primer FishF2 (5'-TCGACTAATCATAAAGATATCGGCAC-3') dan FishR2 (5'-ACTTCAGGGTGACCGAAGAATCAGAA-3') untuk sekuensing gen mitokondria COI (Ward *et al.*, 2005). Selanjutnya untuk amplifikasi DNA pada penelitian ini digunakan MyTaq HS Red Mix PCR Kit (Bioline). Pada penelitian ini amplifikasi PCR menggunakan 50 $\mu$ L reaksi yang terdiri dari 10-100

ng DNA genom yang ditambahkan 25  $\mu$ L MyTaq HS Red Mix PCR Kit; 2 mM MgCl<sub>2</sub>; 0,6  $\mu$ M untuk tiap primer dan 11  $\mu$ L ddH<sub>2</sub>O. Sampel-sampel tersebut selanjutnya dimasukkan ke dalam alat *thermal cycler* (Biorad) dengan pengaturan siklus sebagai berikut : satu siklus pre-denaturasi pada suhu 95 °C selama 5 menit yang diikuti dengan 35 siklus yang terdiri dari tahap denaturasi pada suhu 95 °C selama 35 detik, *annealing* pada suhu 50 °C selama 30 detik, dan *extension* pada suhu 72 °C selama 30 detik dan bagian akhir dilakukan satu siklus dengan suhu 72 °C selama 7 menit yang diikuti dengan *hold* pada suhu 4 °C selama 4 menit. Selanjutnya hasil produk PCR sebanyak 2  $\mu$ L dielektroforesis pada gel agarose 1% yang ditambahkan dengan Gel Red untuk *staining*. Adapun DNA *ladder* (Bioline) digunakan sebagai marker untuk mendeteksi panjang fragmen PCR produk Selanjutnya elektroforesis dilakukan pada tegangan 100 V dengan arus 400 mA selama 12 menit. Visualisasi fragmen DNA dilakukan dengan menggunakan UV *lamp transilluminator* (Daihan, Korea) dan pita-pita yang terlihat didokumentasi dengan *GelDoc* camera. Sampel selanjutnya dikirim ke First Base Sdn Bhd. (Malaysia) melalui PT. Genetika Science untuk dipurifikasi dan disekuensing.

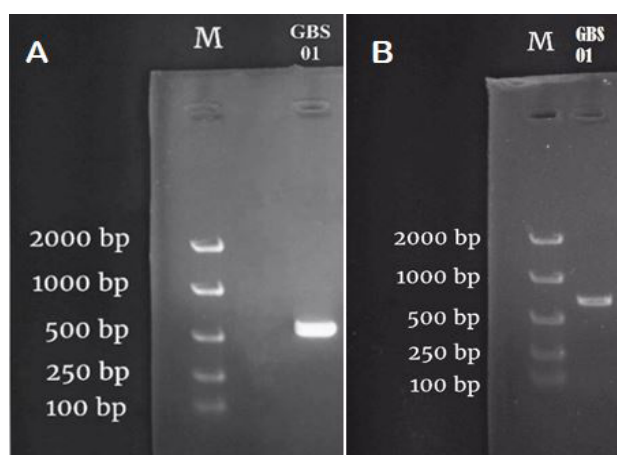
#### Analisis Data

Hasil sekuen gen mitokondria 16S dan COI ikan gabus diamati dengan menggunakan program *SeqMan* dan *EditSeq* yang terdapat pada software DNASTAR (DNASTAR Inc., Madison, USA). Pada penelitian ini lajur *forward* dan *reverse* diamati secara cermat untuk memastikan tidak ditemukan ketidaksesuaian pada *consensus sequence*. Khusus untuk sekuen gen mitokondria COI harus dipastikan tidak ditemukan *stop codon* maupun gap pada *consensus sequence* yang ditranslasi ke asam amino. Setelah hasil *consensus sequence* dapat ditranslasi ke asam amino tanpa *stop codon* maupun gap selanjutnya data sekuen masing-masing sampel dihitung komposisi nukleotidanya melalui program *EditSeq* pada menu *DNA Statistics*. Adapun komposisi C+G divalidasi menggunakan program DnaSP v.5.10.01 (Librado & Rozas, 2009). Selanjutnya untuk verifikasi spesies digunakan program *online BLAST nucleotide* pada *The National Center for Biotechnology Information* (<https://blast.ncbi.nlm.nih.gov/Blast.cgi>).

#### Hasil dan Pembahasan

Hasil penelitian menunjukkan bahwa hasil amplifikasi gen mitokondria 16S ikan gabus menghasilkan panjang fragmen 616 bp dan panjang fragmen gen mitokondria COI adalah 705 bp yang ditranslasi ke 235 asam amino. Berdasarkan analisis menggunakan *online BLAST nucleotide*, sampel ikan gabus yang diteliti memiliki similaritas 98-100% dengan *Channa*

*striata* yang ada di *database GenBank*. Oleh karena itu, sampel ikan gabus yang diteliti termasuk spesies *C. striata*. Selanjutnya hasil amplifikasi gen mitokondria *16S* dan *COI* dapat dilihat pada Gambar 3. Dari panjang fragmen 616 bp tersebut, komposisi nukleotida gen mitokondria *16S* ikan gabus yang diteliti (GBS-01) adalah T=21,92%; C=25,49%; A=30,19%, dan G=22,40%; sedangkan komposisi nukleotida A+T=52,11% dan G+C=47,89%. Adapun dari panjang fragmen 705 bp, komposisi nukleotida gen mitokondria *COI* ikan gabus yang diteliti (GBS-01) adalah T=29,93%; C=28,65%; A=24,26%; dan G=17,16%; sedangkan komposisi nukleotida A+T=54,48% dan G+C=45,52%.



Gambar 3. Hasil amplifikasi PCR ikan gabus yang diteliti (GBS-01). (A) Hasil amplifikasi gen mitokondria *16S* dan (B) Hasil amplifikasi gen mitokondria *COI*.

Apabila data sekuen gen mitokondria *16S* dan *COI* ikan gabus yang diteliti (GBS-01) dan data sekuen ikan gabus (*C. striata*) dari *database GenBank* disejajarkan (*alignment*), maka panjang fragmen untuk gen mitokondria *16S* adalah 519 bp dan panjang fragmen gen mitokondria *COI* adalah 558 bp. Adapun komposisi nukleotida dari masing-masing sekuen gen mitokondria dapat dilihat pada Tabel 1 dan Tabel 2.

Pada Tabel 1 terlihat bahwa perbedaan komposisi nukleotida T dan C pada sekuen gen mitokondria *16S* antara ikan gabus yang diteliti (GBS-01) dengan ikan gabus (*C. striata*) dari *database GenBank* adalah sama yaitu 0-0,39%. Adapun perbedaan komposisi nukleotida A berkisar 0,13-0,39% dan nukleotida G adalah 0,19-0,38%. Adapun perbedaan komposisi A+T adalah 0-0,38%, sedangkan perbedaan komposisi G+C berkisar 0-0,39%. Selain itu pada Tabel 1 terlihat bahwa komposisi nukleotida G pada ikan gabus (GBS-01) paling tinggi (23,12%) dibanding ikan gabus dari *database GenBank* namun komposisi

nukleotida A (30,25%) paling rendah dibandingkan dengan ikan gabus lainnya dari *database GenBank*.

Tabel 1. Persentase komposisi nukleotida gen mitokondria *16S* ikan gabus yang diteliti (GBS-01) dibandingkan dengan *C. striata* dari *database GenBank* dengan panjang fragmen 519 bp.

Sampel	T(U)	C	A	G	A+T	C+G
GBS-01	21,20	25,43	30,25	23,12	51,45	48,56
KU986899*	20,97	25,77	30,38	22,88	51,35	48,65
KX177965*	21,20	25,43	30,44	22,93	51,64	48,36
KT358478*	21,20	25,43	30,63	22,74	51,83	48,17
KT358477*	21,01	25,63	30,44	22,93	51,45	48,55
HM117233*	21,24	25,48	30,50	22,78	51,74	48,26
HM117222*	21,20	25,43	30,44	22,93	51,64	48,36
KC200559*	21,01	25,63	30,44	22,93	51,45	48,56
KC200558*	20,81	25,82	30,44	22,93	51,25	48,75

**Keterangan**

\* sampel ikan gabus (*C. striata*) dari *database Genbank*.

Tabel 2. Persentase komposisi nukleotida gen mitokondria *COI* ikan gabus yang diteliti (GBS-01) dibandingkan dengan *C. striata* dari *database GenBank* dengan panjang fragmen 558 bp.

Sampel	T(U)	C	A	G	A+T	C+G
GBS-01	30,11	29,21	24,37	16,31	54,48	45,52
KP842444*	30,29	29,03	24,55	16,13	54,84	45,16
KP842432*	30,29	29,03	24,55	16,13	54,84	45,16
KP842426*	30,29	29,03	24,73	15,95	55,02	44,98
KP842457*	30,11	29,21	24,37	16,31	54,48	45,52
KP842455*	30,29	29,03	24,37	16,31	54,66	45,34
KF511507*	30,12	29,21	24,37	16,31	54,48	45,52
HM117202*	30,11	29,21	24,37	16,31	54,48	45,52
KJ847132*	30,29	29,03	24,37	16,31	54,66	45,34
KP226701*	30,29	29,03	24,37	16,31	54,66	45,34
LN890329*	30,47	28,32	25,27	15,95	55,74	44,27
KP842447*	30,65	28,32	24,73	16,31	55,38	44,62
EU342203*	30,65	28,32	24,73	16,31	55,38	44,62
HQ682672*	29,75	28,85	24,55	16,85	54,30	45,70
KU692420*	29,93	29,39	24,55	16,13	54,48	45,52
KU692414*	30,29	29,03	24,38	16,31	54,66	45,34
KJ937425*	29,93	29,39	24,37	16,31	54,30	45,70
KJ937376*	29,57	29,39	24,38	16,67	53,94	46,06
KC789522*	29,75	28,85	24,55	16,85	54,30	45,70
JQ661368*	29,75	28,85	24,55	16,85	54,30	45,70

**Keterangan:**

\* sampel ikan gabus (*C. striata*) dari *database Genbank*.

Pada Tabel 2 tampak bahwa perbedaan komposisi nukleotida sekuen gen mitokondria *COI* antara ikan gabus yang diteliti (GBS-01) dengan komposisi nukleotida ikan gabus dari *database GenBank* berturut-turut sebagai berikut : T=0-0,54%; C=0-0,89%; A=0-0,9%, dan G=0-0,54%, sedangkan perbedaan komposisi A+T dan C+G hampir sama

yaitu 0-1,26%.

Apabila dikaji lebih lanjut tampak bahwa perbedaan komposisi nukleotida pada sekuen gen mitokondria *COI* ikan gabus lebih tinggi dibandingkan pada komposisi nukleotida sekuen gen mitokondria 16S. Hal ini disebabkan karena gen mitokondria *COI* lebih variabel dan laju evolusinya lebih cepat dibandingkan gen mitokondria 16S yang lebih bersifat *conserve* atau laju evolusi berjalan lebih lambat (Chauhan & Rajiv, 2010; Arif *et al.*, 2011). Perbedaan komposisi nukleotida gen mitokondria 16S dan *COI* tersebut mengindikasikan adanya variasi genetik pada ikan gabus. Data komposisi nukleotida sekuen gen mitokondria 16S dan *COI* ikan gabus tersebut diharapkan dapat melengkapi data karakterisasi genetik ikan gabus yang penting bagi program pemuliaan ikan gabus dimasa yang akan datang maupun untuk upaya konservasi ikan gabus yang ada di Danau Sentani, Jayapura, Papua.

### Kesimpulan

Komposisi nukleotida gen mitokondria 16S ikan gabus yang diteliti (GBS-01) dari panjang fragmen partial sebesar 616 bp yaitu T=21,92%; C=25,49%; A=30,19%, dan G=22,40%; sedangkan komposisi nukleotida A+T=52,11% dan G+C=47,89%. Adapun komposisi gen mitokondria *COI* ikan gabus yang diteliti dari panjang fragmen partial sebesar 705 bp adalah T=29,93%; C=28,65%; A=24,26%; dan G=17,16%; sedangkan komposisi nukleotida A+T=54,48% dan G+C=45,52%. Selain itu terdapat perbedaan komposisi nukleotida sekuen gen mitokondria 16S dan *COI* antara ikan gabus yang disampling dari Danau Sentani, Jayapura, Papua dengan komposisi nukleotida ikan gabus yang ada di *database GenBank*. Perbedaan komposisi nukleotida ini menunjukkan adanya variasi genetik ikan gabus.

### Ucapan Terima Kasih

Penulis mengucapkan terima kasih kepada Lukman Hakim, S.Si. yang membantu dan mendampingi dalam melakukan penelitian di Laboratorium Genetika dan Pemuliaan Fakultas Biologi UGM. Terima kasih juga penulis haturkan kepada Kepala Laboratorium Genetika dan Pemuliaan yang telah menyediakan fasilitas bagi berlangsungnya penelitian ini.

### Daftar Pustaka

Abol-Munafi, A.B., Tarn, B.M., Ambak, M.A., & Ismail, P. 2004. Effect of different diets on growth and survival rates of snakehead (*channa striatabloch*, 1797) larvae. Korean Journal of Biological Sciences. 8 (4): 313-317. DOI:

10.1080/12265071.2004.9647766.

Amilhat, E. & Lorenzen, K. 2005. Habitat use, migration pattern and population dynamics of chevron snakehead *Channa striata* in a rainfed rice farming landscape. Journal of Fish Biology. 67 (supplement B): 23-24. DOI: 10.1111/j.1095-8649.2005.00927.x.

Aquino, L.M., Tango, J.M., Canoy, R.J., Fontanilla, I.K., Basiao, Z.U., Ong, P.S., Quilang, J.P. 2011. DNA barcoding of fishes of Laguna de Bay, Phillipines. Mitochondrial DNA. 22 (4): 143-153. DOI: 10.3109/19401736.2011.624613.

Arif, I. A., Khan, H. A., Bahkali, A. H., Al Homaidan, A. A., Al Farhan, A. H., Al Sadoon, M., & Shobrak, M. 2011. DNA marker technology for wildlife conservation. Saudi Journal of Biological Science. 18 (3): 219-225. DOI: 10.1016/j.sjbs.2011.03.002.

Arisuryanti, T. 2016. Molecular genetic and taxonomic studies of the swamp eel (*Monopterus albus* Zuiew, 1793). Ph.D. Thesis. Charles Darwin University, Australia.

Arisuryanti, T., Wei, N-W.V., & Austin, C. 2016. Molecular evidence for determination cryptic species of Indonesian swamp eel populations using denaturing gradient gel electrophoresis (DGGE). AIP Conferences Proceedings. 1744 (020060). DOI: 10.1063/1.4953534.

Benziger, A., Philip, S., Raghavan, R., Anvar Ali, P.H., Sukumaran, M., Tharian, J.C., Antunes, A. 2011. Unraveling a 146 years old taxonomic puzzle: validation of Malabar snakehead, species-status and its relevance for channid systematics and evolution. Public Library of Science One. 6 (6): e21272. DOI: 10.1371/journal.pone.0021272.

Bhat, A.A., Haniffa, M.A., Milton, M.J., Paray, B.A., Divya, P.R., & Gopalakrishnan, A. 2014. Genetic variation of striped snakehead (*Channa striatus* Bloch, 1793) populations using random amplified polymorphic DNA (RAPD) markers. International Journal of Biodiversity and Conservation. 6 (5): 363-372. DOI: 10.5897/ijbc2013.0649.

Chauhan, T., & Rajiv, K. 2010. Molecular markers and their applications in fisherie and aquaculture. Advances in Bioscience and Biotechnology. 1 (4): 281-291. DOI: 10.4236/abb.2010.14037.

Courtenay, W.R., & Williams, J.D. 2004. Snakeheads (*Pisces, Channidae*) - A Biological Synopsis and Risk Assessment. U.S Geological Survey Circular 1251. Florida. page 6.

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. DOI: 10.1111/1755-0998.12528
- Dhar, B., & Ghosh, S.K. 2015. Genetic assessment of ornamental fish species from North East India. *Gene*. 555 (2): 382-392. DOI: 10.1016/j.gene.2014.11.037
- Eschmeyer, W.N. & R. Fricke, and R. van der Laan (eds). 2018. *Catalog of Fishes: Classification*. <http://www.calacademy.org/scientists/catalog-of-fishes-classification> . diakses tanggal 24 Januari 2018
- Ferdousi, H.J., Roy, N.C., Ferdous, M.J., Hossain, M.A., Hasan, M.M., Trina, B.D., Hossain, M.M. 2015. Reproductive biology of striped snakehead (*Channa striata*) from Wetlands of Sylhet, Bangladesh. *Annals of Veterinary and Animal Science*. 2 (6): 162-169.
- Hubert, N., Calcagno, V., Etienne, R.S., & Mouquet, N. 2015. Metacommunity speciation models and their implications for diversification theory. [Research Support, Non-U.S. Ecology Letter. 18 (8): 864-881. DOI: 10.1111/ele.12458.
- Kakkaeo, M., Chittapalapong, T., & Villanueva, M. C. 2004. Food habits, daily ration and relative food consumption in some fish populations in Ubolratana reservoir, Thailand. *Asian Fisheries Science*. 17: 249-259.
- Kottelat, M. 2013. *The Fishes of the Inland Waters of Southeast Asia: A Catalogue and Core Bibliography of the Fishes Known to Occur in Freshwaters, Mangroves and Estuaries Supplement 27*. The Raffle Bulletin of Zoology. page 446 & 458.
- Lakra, W.S., Goswami, M., Gopalakrishnan, A., Singh, D.P., Singh, A., & Nagpure, N.S. 2010. Genetic relatedness among fish species of Genus *Channa* using mitochondrial DNA genes. *Biochemical Systematics and Ecology*. 38 (6): 1212-1219. DOI: 10.1016/j.bse.2010.12.012.
- Laksmana, Y. 2010. *Jelajah Jayapura: Eksotisme Alam Budaya di Pintu Gerbang Papua*. PT.Gramedia Pustaka Utama. Jakarta. halaman 63-65
- Librado, P & Rozas, J. 2009. DnaSP v5: a software for comprehensive analysis of DNA polymorphism data. *Bioinformatics*. 25 (11), 1451-1452. DOI: 10.1093/bioinformatics/btp187.
- Lohman, D. J., de Bruyn, M., Page, T., von Rintelen, K., Hall, R., Ng, P.K.L., von Rintelen, T. 2011. Biogeography of the Indo-Australian Archipelago. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics*. 42 (1): 205-226. DOI: 10.1146/annurev-ecolsys-102710-145001.
- Muchlisin, Z.A., Batubara, A.S., Fadli, N., Muhammadar, A.A., Utami, A.I., Farhana, N., & Siti-Azizah, M.N. 2017. Assessing the species composition of tropical eels (*Anguillidae*) in Aceh Waters, Indonesia, with DNA barcoding gene *cox1*. *F1000 Research*. 6: 258. DOI: 10.12688/f1000research.10715.1.
- Ngili, Y., Lantang, D., Ubyaan, R., Imelda, E., & Palit, I.Y. 2015. Mitochondrial DNA genetic diversity of arowana fish local variants on the D-loop hypervariable region: Study in the southern region of Papua-Indonesia. *Der Pharma Chemica*, 7 (10): 223-228.
- Phen, C., Thang, T.B., Baran, E & Vann, L.S. 2005. WorldFish Center and Inland Fisheries Research and Development Institute. Cambodia. page 2-6
- Purnamawati, Djokosetiyanto, D., Nirmala, K., Harris, E., & Affandi, R. 2017. Survival and growth of striped snakehead fish (*Channa striata* Bloch.) juvenile reared in acid sulfate water and rainwater medium. *Aquaculture, Aquarium, Conservation & Legislation-International Journal of Bioflux Societ* . 10 (2): 265-273.
- Serrao, N.R., Steinke, D., & Hanner, R.H. 2014. Calibrating snakehead diversity with DNA Barcodes: Expanding Taxonomic coverage to enable identification of potential and established invasive species. *Public Library of Science one*. 9 (6): e99546. DOI: 10.1371/journal.pone.0099546.
- Sood, N., Chaudhary, D.K., Pradhan, P.K., Verma, D. K., Raja Swaminathan, T., Kushwaha, B., Jena, J. K. 2015. Establishment and characterization of a continuous cell line from thymus of striped snakehead, *Channa striatus* (Bloch 1793). *In Vitro Cellular & Developmental Biology- Animal*. 51 (8): 787-796. DOI: 10.1007/s11626-015-9891-1.
- Tran, D.D., Shibukawa, K., Nguyen, T.P., Ha, P.H., Tran, X.L., Mai, V.H., & Utsugi, K. 2013. *Fishes of the Mekong Delta, Vietnam*. Can Tho University Publishing House. Can Tho City. p125.
- Ward, R.D., Zemlak, T.S., Innes, B.H., Last, P.R., & Hebert, P.D. (2005). DNA barcoding Australia's fish species. *Philosophical Transactions of the Royal Society of London series B Biological Sciences*. 360 (1462). 1847-1857. DOI: 10.1098/rstb.2005.1716.