

ANALISIS RAGAM GENOTIP RAPD DAN FENOTIP TRUSS MORFOMETRIK PADA TIGA POPULASI IKAN GABUS [*Channa striata* (Bloch, 1793)]* [Analysis of Genotype Variation and Truss Morphometric of Three Populations of Snakehead Fish [*Channa striata* (Bloch, 1793)]]

Rudhy Gustiano^{1✉}, Tia Oktaviani², Dinar Tri Soelistyowati³, Irian Iriana Kusmini⁴, Wahyutomo⁴ dan Gleni Hasan Huwoyon⁴

¹Balai Besar Penelitian dan Pengembangan Budidaya Laut, Gondol, Bali;

²Departemen Budidaya Perairan, Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan-IPB, Bogor;

³Balai Penelitian dan Pengembangan Budidaya Air Tawar, Bogor;

⁴Balai Budidaya Air Tawar Mandi Angin, Kalimantan Selatan

E-mail: rgustiano@yahoo.com

ABSTRACT

In order to manage genetic resources for aquaculture development of snakehead fish *Channa striata* (Bloch, 1793), genetic variability of three populations from different geographical areas is needed to be understood. The purpose of this study was to identify the genotype and phenotype of snakehead fish from Jawa, Sumatera and Kalimantan using RAPD and "Truss" morphometric. RAPD method used OPA-02, OPA-04 and OPA-07 primers. While twenty one measurement of truss morphometric was done on the body of fish observed. The results showed that population from Jawa had higher percentage of polymorphism and heterozygosity than those of Sumatera and Kalimantan, accounted for 83.33% and 0.3655 respectively. Population from Kalimantan and Sumatera had the lowest genetic distance of 0.1170. Meanwhile, the highest genetic distance (0.1908) was observed between population from Kalimantan and Jawa. Interpopulation relation based on the similarity of truss morphometric population from Sumatera and Kalimantan was 50%. However, those populations had similarity of 24.96% with population from Jawa. Coefficient variation of morphometric data showed that variation of population from Kalimantan was higher than those of Jawa and Sumatera.

Key words: RAPD, morphometric, snakehead fish, *Channa*

ABSTRAK

Dalam rangka pengelolaan sumber genetik jangka panjang dan pengembangan budidaya untuk kelestarian ikan gabus (*Channa striata* (Bloch, 1793)) maka evaluasi sumber daya genetik populasi berdasarkan lokasi geografis perlu dilakukan. Tujuan penelitian ini adalah untuk mengidentifikasi keragaman genotip dan fenotip ikan gabus yang berasal dari Pulau Jawa, Sumatera dan Kalimantan menggunakan metode RAPD dan "truss" morfometrik. Metode dilakukan dengan mengukur 21 karakter pada tubuh ikan yang diamati. Hasil yang diperoleh memperlihatkan bahwa ikan gabus Jawa memiliki persentase polimorfisme dan heterozigositas yang lebih tinggi dibandingkan populasi dari Sumatera dan Kalimantan, yaitu sebesar 83,33% dan 0,3655. Populasi Kalimantan dengan Sumatera memiliki nilai jarak genetik paling rendah yaitu sebesar 0,1170. Sedangkan nilai jarak tertinggi adalah antara populasi Kalimantan dan Jawa yaitu sebesar 0,1908. Hubungan interpopulasi berdasarkan kemiripan pengukuran truss morfometrik dari populasi Sumatera dan Kalimantan mencapai 50%. Tingkat kemiripan populasi Jawa dengan Sumatera dan Kalimantan adalah sebesar 24,96%. Koefisien keragaman fenotip morfometrik populasi Kalimantan memiliki nilai yang lebih tinggi dibandingkan dengan populasi dari Jawa dan Sumatera.

Kata kunci: RAPD, morfometrik, ikan gabus, *Channa*

PENDAHULUAN

Channa striata (Bloch, 1793) yang dikenal dengan beberapa nama lokal seperti gabus, haruan, gapo, delek atau jilo adalah salah satu ikan asli perairan Indonesia yang merupakan ikan konsumsi penting. Ikan gabus ini bernilai ekonomis. Di daerah Banjar, Kalimantan Selatan, harga ikan gabus ini berkisar Rp 25.000 – Rp 60.000 per kilogram (Bijaksana, 2010). Tingginya harga ikan gabus tidak lepas dari tradisi dan adat masyarakat di Kalimantan untuk mengkonsumsi ikan ini. Selain itu, analisa daging ikan gabus menyatakan bahwa kandungan

proteinnya hingga 70% dan albumin sebesar 21%. Menurut Shafri dan Abdul (2012), kandungan albumin yang tinggi dapat mempercepat proses penyembuhan luka, ketahanan tubuh, anti nyeri, anti jamur dan anti bakteri.

Untuk kegiatan budidaya, ikan gabus sudah sejak lama dipelihara di Kalimantan, Sumatera, serta Sulawesi dengan cara membesarkan benih dari alam. Sedangkan upaya pembenihannya secara terkontrol kini telah dilakukan di lahan gambut Pulang Pisau, Kalimantan Tengah. Dalam rangka pengelolaan sumber genetik jangka panjang dan pengembangan

budidaya untuk kelestarian ikan gabus maka evaluasi sumber daya genetik populasi ikan gabus berdasarkan lokasi geografis perlu dilakukan.

Keragaman genetik mempengaruhi kemampuan adaptasi suatu populasi dalam merespon perubahan lingkungan untuk dapat hidup, baik di habitat asli maupun di luar lingkungan alaminya. Populasi dengan keragaman genetik yang tinggi memiliki peluang hidup yang lebih tinggi, karena banyak alternatif gen atau kombinasi gen yang tersedia untuk merespon perubahan kondisi lingkungan yang dihadapi (Dunham, 2011).

Informasi keragaman sumber daya genetik suatu populasi merupakan titik tolak dalam melakukan program budidaya yang lestari melalui program pemuliaan. *Random Amplified Polymorphic DNA* (RAPD) melalui teknik PCR (*Polymerase Chain Reaction*) adalah salah satu cara untuk mengetahui ragam genotip (Dunham, 2011). Metode RAPD memiliki beberapa keunggulan diantaranya mampu mendeteksi sekuen nukleotida hanya dengan menggunakan satu primer, polimorfismenya tinggi, dan dapat digunakan tanpa mengetahui latar belakang genom sebelumnya.

Keragaman genetik dapat pula diidentifikasi berdasarkan variasi fenotip morfologi diantaranya dengan metode truss morfometrik (Bookstein et al., 1985). Informasi dan data morfologi tetap dibutuhkan karena dapat dijadikan marka yang dapat dilihat secara langsung dan mudah dilakukan. Penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi keragaman genotip dan fenotip ikan gabus yang berasal dari Pulau Jawa, Sumatera, dan Kalimantan menggunakan metode RAPD dan truss morfometrik.

BAHAN DAN CARA KERJA

Ikan gabus yang digunakan pada penelitian ini berasal dari Pulau Jawa (Parung), Sumatera (Jambi), dan Kalimantan Selatan (Banjar). Jumlah sampel yang digunakan untuk analisis RAPD adalah sebanyak 10 ekor setiap populasi. Sedangkan untuk pengukuran karakteristik morfometrik, jumlah sampel yang digunakan sebanyak 22 ekor untuk

populasi gabus Jawa, 14 ekor untuk Sumatera, dan 30 ekor untuk Kalimantan.

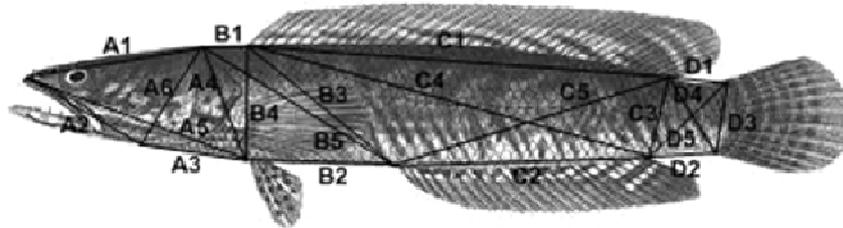
Ekstraksi DNA menggunakan sirip ikan sebanyak 5-10 mg dibilas dengan akuades sebanyak dua kali dan dikeringkan dengan kertas pengering. Sirip dimasukkan ke dalam tabung *ependorf* 1,5 ml, dilisis dengan menambahkan larutan urea sebanyak 500 µl dan protein kinase (K) 10 µl, kemudian divortex hingga homogen dan diinkubasi pada suhu 37°C selama 24 jam atau sampai sirip hancur. Setelah diinkubasi, ditambahkan larutan *phenol: chloroform: isoamilalkohol* (PCL) dengan perbandingan 25:24:1 sebanyak 1000 µl, divortex dan disentrifugasi dengan kecepatan 10.000 rpm selama 10 menit. Supernatan yang terbentuk dipindahkan ke dalam tabung baru dan ditambahkan etanol 90% sebanyak 1000 µl dan Na-asetat sebanyak 10 µl yang kemudian divortex dan disentrifugasi dengan kecepatan 10.000 rpm selama 10 menit. Setelah disentrifugasi, supernatan dibuang dan *pellet* DNA dikeringkan hingga etanol menguap. Terakhir *pellet* DNA dilarutkan dengan menambahkan *rehydration solution* atau TE-EDTA buffer sebanyak 100 µl. Selanjutnya, DNA disimpan pada suhu 2-8°C. Proses amplifikasi DNA dengan teknik PCR (*Polymerase Chain Reaction*) diawali dengan seleksi primer. Pengujian primer OPA-02, OPA-03, OPA-04, OPA-07, OPA-11, OPA-20, dan OPC-05 dengan PCR melalui pre denaturasi 94°C selama 5 menit, denaturasi suhu 94°C selama 40 detik, annealing 35°C selama 1 menit, elongasi 72°C selama 2 menit, elongasi akhir 72 °C selama 7 menit, dan proses penstabilan 4°C selama 3 menit. Proses PCR berlangsung sebanyak 40 siklus (Hassanien et al., 2004). Hasil PCR memperlihatkan bahwa OPA-02, OPA-04, dan OPA-07 menghasilkan amplifikasi DNA lebih banyak dibandingkan primer-primer yang lain.

Tabel 1. Deskripsi sekuen primer RAPD pada amplifikasi DNA ikan gabus.

Primer	Urutan Basa (5'-3')
OPA-02	GAAACGGGTG
OPA-04	AATCGGGCTG
OPA-07	TGCCGAGCTG

Amplifikasi DNA dilakukan menggunakan metode PCR dengan komposisi bahan 1 μ l DNA template, 1 μ l primer, 10,5 μ l akuades, dan 12,5 μ l *taq polymerase* dengan volume total sebanyak 25 μ l.

Setelah itu semua bahan divortex dan disentrifus lalu dimasukkan ke dalam mesin TAKARA PCR Thermal Cycler TP650.



Gambar 1. Pengukuran karakter truss morfometrik

Tabel 2. Deskripsi 21 karakter *truss* morfometrik ikan gabus

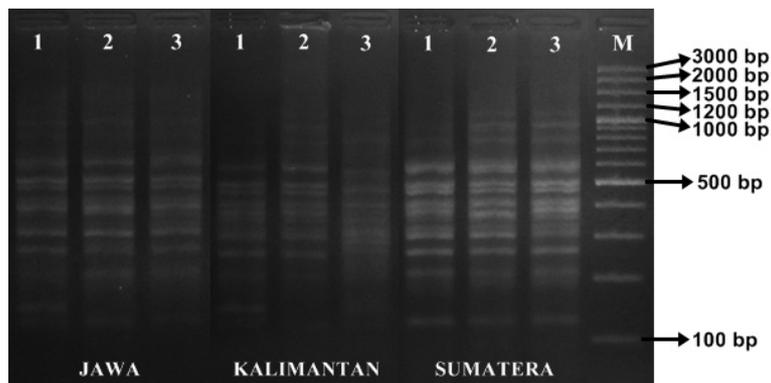
No	Bidang Truss	Kode	Deskripsi Jarak
1	Kepala	A1	Ujung mulut bagian atas - bagian akhir tulang kepala
2		A2	Ujung mulut bagian atas - ujung bawah operculum
3		A3	Ujung bawah operculum - awal sirip perut
4		A4	Bagian akhir tulang kepala - awal sirip perut
5		A5	Ujung mulut bagian atas - awal sirip perut
6		A6	Ujung bawah operculum - bagian akhir tulang kepala
7	Tengah Tubuh	B1	Bagian akhir tulang kepala - awal sirip punggung
8		B2	Awal sirip perut - awal sirip anal
9		B3	Awal sirip punggung - awal sirip anal
10		B4	Awal sirip perut - awal sirip punggung
11		B5	Bagian akhir tulang kepala - awal sirip anal
12	Tubuh Belakang	C1	Awal sirip punggung - akhir sirip punggung
13		C2	Awal sirip anal - akhir sirip anal
14		C3	Akhir sirip punggung - akhir sirip anal
15		C4	Awal sirip punggung- akhir sirip anal
16		C5	Awalsirip anal - akhirsirip punggung
17	Pangkal ekor	D1	Akhir sirip punggung - awal sirip ekor atas
18		D2	Akhir sirip anal - awal sirip ekor bawah
19		D3	Awal sirip ekor atas - awal sirip ekor bawah
20		D4	Akhir sirip punggung - awal sirip ekor bawah
21		D5	Akhir sirip anal – awal sirip ekor atas

Keragaman genetik dianalisis menggunakan program TFPGA (*Tools for Population Genetic Analysis*) (Miler, 1997). Sedangkan hubungan kedekatan interpopulasi dianalisis berdasarkan jarak genetik dengan program UPGMA (*Unweight Pair Methods Arithmetic*) dan disajikan dalam bentuk dendrogram. Data pengukuran morfometrik dikonversi ke dalam rasio, setiap pengukuran dan dibagi dengan panjang standar. Data rasio ukuran dianalisis menggunakan analisa pengelompokkan (*cluster analysis*) untuk mengevaluasi keragaman intrapopulasi dan interpopulasi ikan gabus. Analisis keragaman morfologis antar lokasi dilakukan secara deskriptif dengan membandingkan koefisien keraga-

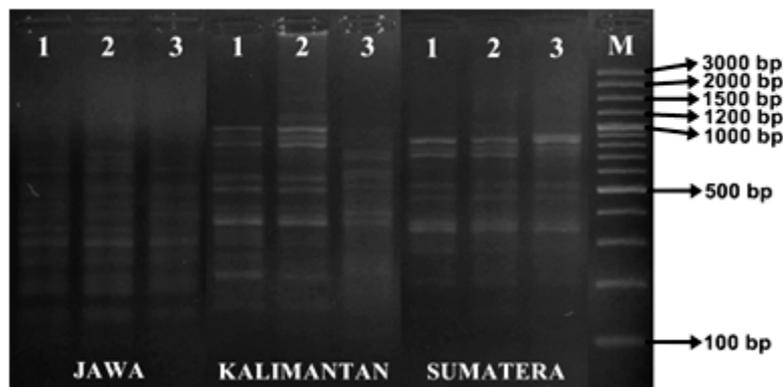
man (CV) (Falconer dan MacKay, 1996; Tave, 1993; Gjedrem, 2005).

HASIL

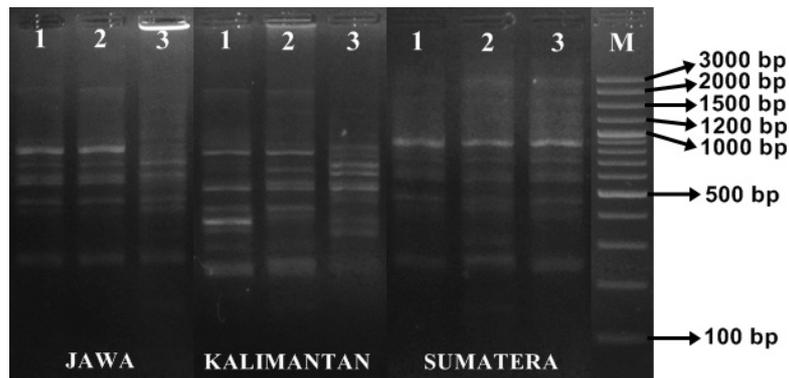
Amplifikasi DNA menggunakan tiga primer, yaitu OPA-02, OPA-04, dan OPA-07 pada ketiga populasi ikan gabus (Gambar 2, 3 dan 4) memperlihatkan bahwa DNA teramplifikasi pada setiap lokus populasi dan bervariasi dalam jumlah situs. Keragaman profil RAPD yang meliputi jumlah dan ukuran fragmen DNA pada 3 populasi ikan gabus (Tabel 3) menunjukkan jumlah fragmen dari titalokus RAPD pada ketiga populasi berkisar 13 sampai 27 fragmen dengan kisaran ukuran 120 hingga 3000 bp.



Gambar 2. Amplifikasi DNA ikan gabus menggunakan primer OPA-02



Gambar 3. Amplifikasi DNA ikan gabus menggunakan primer OPA-04



Gambar 4. Amplifikasi DNA ikan gabus menggunakan primer OPA-07

Persentase polimorfisme dan heterozigositas pada ketiga populasi ikan gabus (Tabel 4) memperlihatkan bahwa populasi Jawa memiliki persentase polimorfisme dan heterozigositas yang lebih tinggi dibandingkan populasi lainnya. Diikuti oleh ikan gabus Kalimantan dan Sumatera. Uji perbandingan berpasangan F_{st} pada tiga lokus dari ketiga populasi ikan gabus (Tabel 5) menunjukkan perbedaan keragaman genetik yang nyata antara populasi Jawa dengan Sumatera dan Kalimantan ($P \leq$

0,05). Namun tidak terdapat perbedaan yang nyata antara populasi gabus Kalimantan dengan Sumatera ($P > 0,05$).

Untuk jarak genetik masing masing populasi ikan gabus (Tabel 6), populasi Kalimantan dan Sumatera memiliki nilai terdekat. Sedangkan nilai terjauh adalah antara populasi Kalimantan dan Jawa (Gambar 5). Populasi Sumatera dengan gabus Kalimantan membentuk 1 cluster, sedangkan populasi gabus Jawa terpisah.

Tabel 3. Jumlah dan ukuran fragmen DNA (OPA-02, OPA-04, OPA-07) 3 populasi ikan gabus.

Populasi Ikan Gabus	Jumlah Fragmen	Kisaran Ukuran Fragmen (bp)
Jawa	13 – 25	120 - 3000
Sumatera	17 – 25	120 - 2000
Kalimantan	19 – 27	120 - 3000

Tabel 4. Persentase polimorfisme dan heterozigositas 3 populasi ikan gabus

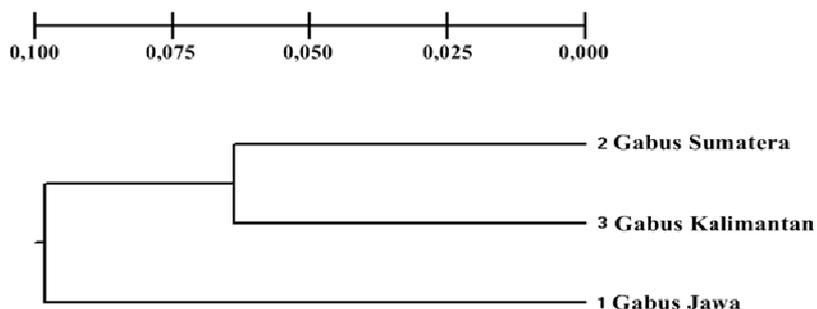
Populasi Ikan Gabus	Polimorfisme (%)	Heterozigositas
Jawa	83,3333	0,3655
Sumatera	69,4444	0,2811
Kalimantan	80,5556	0,3252

Tabel 5. Uji perbandingan berpasangan F_{st} pada 3 lokus

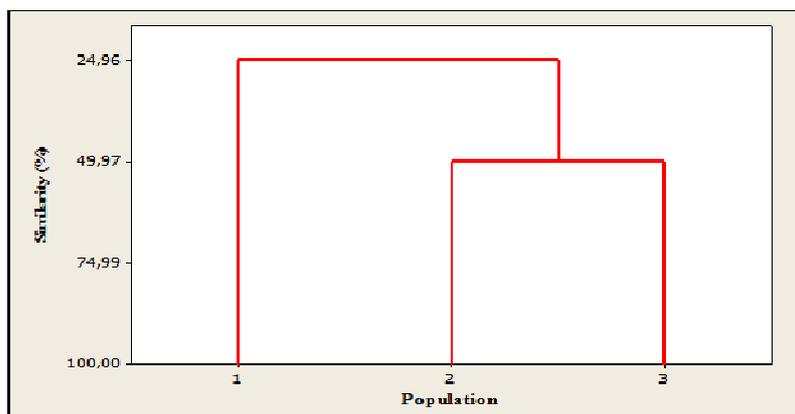
Populasi Ikan Gabus	Jawa	Sumatera	Kalimantan
Jawa	*****	*****	*****
Sumatera	0,0020*	*****	*****
Kalimantan	0,0137*	0,1003	*****

Tabel 6. Jarak genetik 3 populasi ikan gabus

Populasi ikan Gabus	Jawa	Sumatera	Kalimantan
Jawa	*****	*****	*****
Sumatera	0,1755	*****	*****
Kalimantan	0,1908	0,1170	*****



Gambar 5. Dendrogram hubungan kekerabatan tiga populasi ikan gabus berdasarkan keragaman OPA-02, OPA-04, OPA-07.1= Gabus Jawa; 2= Gabus Sumatera; 3= Gabus Kalimantan



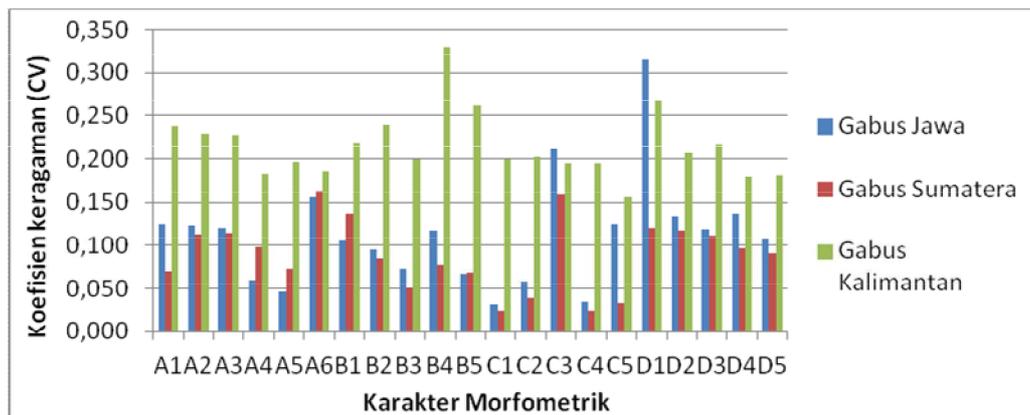
Gambar 6. Dendrogram hubungan interpopulasi tiga populasi ikan gabus berdasarkan kemiripan 21 karakter *truss* morfometrik

Hubungan karakter morfometrik tiga populasi ikan gabus (Gambar 6) menunjukkan kemiripan yang besar antara populasi Sumatera dan Kalimantan. Sedangkan populasi Jawa memiliki kemiripan yang lebih kecil dengan populasi Sumatera dan Kalimantan.

Hubungan interpopulasi berdasarkan kemiripan morfometrik dari populasi Sumatera dan

Kalimantan mencapai 50%, dan tingkat kemiripan populasi Jawa dengan dua populasi lainnya mencapai 24,96%.

Koefisien keragaman karakter (CV, Gambar 7) ikan gabus jawa berkisar antara 0,031-0,315, populasi gabus sumatera berkisar 0,024-0,163, dan populasi gabus kalimantan berkisar 0,157-0,329.



Gambar 7. Koefisien Keragaman (CV) pada 21 karakter morfometrik

PEMBAHASAN

Adanya perbedaan jumlah fragmen dan kisaran situs fragmen sangat menentukan tingkat polimorfisme. Secara umum, perbedaan polimorfisme pita DNA yang dihasilkan tergantung pada situs penempelan primer dan dapat digunakan untuk memberikan gambaran mengenai tingkat keragaman genetik suatu populasi. Dalam penelitian ini metode yang digunakan Ambak *et al.* (2006) tidak dapat digunakan karena waktu penempelan terlalu cepat dibandingkan dengan Hassanien *et al.* (2004). Populasi ikan gabus Jawa memiliki persentase polimorfisme dan heterozigositas paling tinggi dibandingkan populasi lainnya. Heterozigositas menunjukkan potensi kemampuan adaptasi terhadap lingkungannya, karena semakin tinggi heterozigositas maka semakin banyak gen yang terlibat dalam menyumbangkan tingkat kebugaran suatu populasi (Kapusinski dan Jacobson, 1987; Kirpichnikov, 1981; Tave, 1993).

Kondisi keragaman genetik dipengaruhi oleh ukuran populasi dan sistem pengembangbiakan yang dilakukan. Ukuran populasi yang besar dan persilangan bebas (acak) dapat mempertahankan ragam genetik (Falconer dan MacKay, 1996). Sebaliknya ukuran populasi yang terbatas dan silang dalam dapat menyebabkan reduksi ragam genetik karena penghanyutan (*drift*) (Allendorf dan Utter,

1979; Hallerman, 2003). Berdasarkan hasil yang diperoleh, ketiga populasi ikan gabus yang diamati memiliki nilai polimorfisme dan heterozigositas yang tinggi dan diharapkan memiliki peluang hidup yang lebih baik untuk beradaptasi terhadap perubahan lingkungan.

Uji perbandingan berpasangan F_{st} menunjukkan perbedaan keragaman genetik yang nyata antara populasi Sumatera dengan Jawa, dan antara populasi Kalimantan dengan Jawa. Sedangkan populasi Kalimantan dengan Sumatera tidak berbeda nyata. Hasil uji F_{st} memberikan indikasi bahwa populasi ikan gabus di Jawa telah dikelola lebih baik dibandingkan dengan di Kalimantan dan Sumatera yang masih sangat alami. Akibat perdagangan yang intensitasnya tinggi di Jawa, kemungkinan perpaduan populasi-populasi yang berada di Jawa telah dapat meningkatkan keragaman genetik melalui *outbreeding* yang dapat memberikan penyisipan gen asing.

Analisa pengelompokkan memperlihatkan bahwa jarak genetik populasi ikan gabus Kalimantan dan Sumatera lebih dekat dibandingkan dengan populasi dari Jawa (Gambar 5). Secara umum semakin rendah jarak genetik diantara populasi-populasi yang diamati, maka semakin banyak kemiripan antar populasi tersebut. Jarak genetik yang dekat antar populasi ini menunjukkan adanya aliran

genetik antar populasi tersebut, serta adanya interaksi genetik dari reproduksi. Sedangkan kemiripan fenotip dapat memberikan arti bahwa kondisi lingkungan Kalimantan dan Sumatera lebih serupa dan tidak memberikan kontribusi terhadap perbedaan sebagaimana dikemukakan oleh Gustiano dan Pouyaud (2005).

Untuk analisa RAPD, pada populasi gabus Sumatera diduga telah terjadi penghanyutan genkarena ukuran populasinya yang kecil akibat tingkat eksploitasi berlebih, dan sudah mulai banyak yang dibudidayakan sehingga menyebabkan terjadinya penurunan ragam genetik. Penghanyutan gen adalah pencuplikan materi genetik yang berlangsung tidak biasa pada saat pembentukan gamet dan fertilisasi sehingga menyebabkan menurunnya keragaman genetik suatu populasi. Penghanyutan gen terjadi jika sebagian kecil dari populasi terpisah dari populasi asal yang besar. Populasi kecil yang terpisah ini akan membawa sebagian kecil keragaman genetik dari populasi asalnya sehingga kedua populasi itu akan memiliki *gene pool* yang berbeda (Allendorf dan Utter, 1979). Penghanyutan gen dapat pula terjadi karena sebagian besar populasi mati sehingga populasi yang tersisa akan membentuk populasi baru. Akibatnya populasi baru akan memiliki *gene pool* yang lebih terbatas dibanding dengan populasi asal.

Populasi gabus Kalimantan memiliki koefisien keragaman lebih tinggi dibanding dua populasi lainnya. Fenomena ini dapat terjadi karena adanya ekspresi fenotip pada populasi gabus Kalimantan yang dipengaruhi oleh lingkungannya. Menurut Tave (1993), koefisien keragaman fenotip dipengaruhi oleh faktor genetik, lingkungan, dan interaksi genetik dengan lingkungan.

Nilai koefisien variasi suatu karakter mengindikasikan tingkat variabilitas karakter yang bersangkutan pada suatu populasi. Tingkat variabilitas suatu karakter fenotip mencerminkan variabilitas genotip populasi tersebut dan sekaligus menggambarkan variabilitas genetiknya (Falconer and MacKay, 1996; Gjedrem, 2005). Nilai variabilitas genetik berhubungan dengan proporsi gen-gen ho-

mozigot dan heterozigot. Semakin banyak proporsi gen yang homozigot maka variabilitas genetiknya semakin rendah. Sebaliknya, semakin banyak proporsi gen yang heterozigot maka variabilitas genetiknya semakin tinggi.

KESIMPULAN

Ikan gabus Jawa memiliki persentase polimorfisme dan heterozigositas yang lebih tinggi dibandingkan populasi gabus Kalimantan dan gabus Sumatera, yaitu masing-masing sebesar 83,33% dan 0,3655. Populasi ikan gabus Kalimantan dan gabus Sumatera memiliki nilai jarak genetik paling rendah yaitu sebesar 0,1170. Sedangkan nilai jarak tertinggi terdapat pada populasi ikan gabus Kalimantan dan gabus Jawa yaitu sebesar 0,1908. Hubungan interpolasi berdasarkan kemiripan karakter *truss* dari gabus Sumatera dan gabus Kalimantan mencapai 50%, dan tingkat kemiripan gabus Jawa dengan dua populasi lainnya mencapai 24,96%. Koefisien keragaman fenotif morfometrik ikan gabus Kalimantan memiliki koefisien keragaman yang lebih tinggi dibanding dua populasi lainnya.

DAFTAR PUSTAKA

- Allendorf FW and FM Utter. 1979. Population Genetics. In: *Fish Physiology 8: Bioenergetics and Growth*. WS Hoar, DJ Randall and JR Brett (Eds), 407-454. Academic Press, NY.
- Ambak MA, MAB Abol, I Patimah and MT Bui. 2006. Genetic variation of snakehead fish (*Channa striata*) population using random amplified polymorphic DNA. *Biotechnol.* 5, 104-110.
- Bijaksana U. 2010. Kajian fisiologi reproduksi ikan gabus, *Channa striata* Blkr di dalam wadah dan perairan rawa sebagai upaya domestikasi. *Disertasi*. Sekolah Pascasarjana-Institut Pertanian Bogor.
- Bookstein FL, B Chernoff, R Elder, J Humphries, G Smith and R. Strauss. 1985. Morphometric in Evolutionary Biology. *Academy of Natural Sciences of Philadelphia* 15, 1-277.
- Dunham RA. 2011. *Aquaculture and Fisheries Biotechnology: Genetic Approach*. CAB International, 456. Wellingford, UK.
- Falconer FS and TFC MacKay. 1996. *Introduction to Quantitative Genetics*, 464. Longman, England.
- Gjedrem T. 2005. *Selection and Breeding Program in Aquaculture*, 364. Akvaforsk, As, Norway.
- Gustiano R and L Pouyaud. 2005. Phenetic analysis of 28 species pangasiid catfishes from Asia. *Zurvat* 16, 66-72.
- Hallerman EM. 2003. *Population Genetics: Principles and Applications for Fisheries Scientist*, 458. American Fisheries Society. University of California, USA

- Hassanien HA, E Mohamad, O Ali and I Hania. 2004.** Genetic diversity of Nile tilapia population revealed by randomly amplified polymorphic DNA (RAPD). *Aquacult. Res.* **35**, 587-593.
- Kapuscinski AR and LD Jacobson. 1987.** Genetic guide lines for fisheries management. University of Minnesota, Minnesota Sea Grant College Program, *Sea Grant Research Report* **17**, 1- 66.
- Kirpichnikov VS. 1981.** *Genetic Bases of Fish Selection*, 410. Springer Verlag, Berlin.
- Miler P. 1997.** *Tools for population genetic analyses (TFPGA): A window program for the analysis of allozymes and molecular population genetic data*, 30. Northern California University. USA.
- Shafri MA and M Abdul. 2012.** Therapeutic potential of haruan (*Channa striata*): from food to medicinal uses. *Mal. J. Nutr.* **18**, 125-136.
- Strauss RE and FL Bookstein. 1982.** The *truss*: body form reconstructions in *morphometrics*. *Syst. Zool.* **31**, 113-135.
- Tave D. 1993.** *Genetics for Fish Hatchery Managers*, 415. Kluwer Acad. Publ. Netherland.