

INTISARI

IDENTIFIKASI MOLEKULER DAN ANALISIS KEKERBATAN IKAN BAUNG (*Bagridae*) ASAL KALIMANTAN DAN JAWA BERDASARKAN SEKUEN GEN *NADH DEHIDROGENASE* SUBUNIT 6 (ND 6)

Danastri Hanida Nur Arifah
17/412411/KH/09307

Ikan baung merupakan ikan yang mudah beradaptasi dengan berbagai lingkungan dan dapat ditemukan di seluruh wilayah perairan tawar Indonesia. Ikan ini memiliki bentuk tubuh yang panjang, tidak bersisik, dan memiliki sepasang sungut hidung serta sungut rahang. Ikan baung memiliki potensi budidaya dan nilai ekonomi yang tinggi, namun memiliki jumlah produksi yang rendah karena masih mengandalkan hasil tangkapan alam. Hal ini dapat menurunkan jumlah populasi dan tingkat keberagaman ikan baung. Analisis genetika perlu dilakukan untuk mendeteksi keberagaman genetik dan kekerabatan antara ikan baung asal Kalimantan dan ikan baung asal Jawa. Hasil analisis ini diharapkan dapat digunakan untuk keperluan pengembangan proses budidaya dan konservasi ikan baung.

Penelitian dilakukan dengan memeriksa hubungan kekerabatan ikan baung asal Kalimantan dan Jawa dengan 10 spesies pembanding yang terdata pada *Genbank* berdasarkan sekuen gen ND 6. Sebanyak 14 sampel yang digunakan berasal dari Banjarmasin (BJ1, BJ2, dan BJ3), Samarinda (KM1, KM2, dan KM3), Sungai Bengawan Solo, Bojonegoro (BO1, BO2, dan BO3), Sungai Elo, Magelang (X1 dan X2), dan Sungai Progo, Magelang (1.4, 2.4, dan 3.4). Muskulus epaksial dan hepaksial ikan baung digunakan untuk isolasi DNA yang diamplifikasi dengan teknik PCR untuk memperoleh sekuen gen ND 6. Kemudian, hasil PCR dilakukan sekuensing dan dianalisis menggunakan perangkat lunak MEGA X untuk melihat variasi nukleotida, asam amino, dan jarak genetik yang digunakan dalam penyusunan pohon filogenetik.

Hasil sekuensing dari produk PCR menunjukkan sekuen gen ND 6 yang mengandung 516-519 nukleotida yang menyandi 171-173 asam amino. Terdapat perbedaan pada 130 situs nukleotida dan 27 asam amino yang menunjukkan adanya variasi genetik antar sampel. Hasil analisis menunjukkan sampel asal Banjarmasin (BJ1, BJ2, dan BJ3), Samarinda (KM1, KM2, dan KM3), dan Sungai Progo, Magelang (1.4, 2.4, dan 3.4) termasuk ke dalam genus *Hemibagrus* dengan jarak genetik 3-3,4%. Sampel ikan baung asal Sungai Elo, Magelang (X1 dan X2) termasuk ke dalam genus *Mystus* dengan jarak genetik 16%, sedangkan sampel asal Sungai Bengawan Solo, Bojonegoro (BO1, BO2, dan BO3) termasuk ke dalam genus *Pangasius* dengan jarak genetik 9%.

Kata kunci: ikan baung, gen ND 6, PCR, sekuensing, pohon filogenetik, *Hemibagrus*, *Mystus*, *Pangasius*.

ABSTRACT

MOLECULAR IDENTIFICATION AND GENETIC RELATIONSHIP ANALYSIS OF BAUNG FISH (*Bagridae*) FROM BORNEO AND JAVA BASED ON *NADH DEHIDROGENASE* SUBUNIT 6 (ND 6) GENE SEQUENCES

Danastri Hanida Nur Arifah
17/412411/KH/09307

Baung is a fish that can adapt to a variety of conditions and can be found throughout Indonesia's freshwater area. This fish has a long, scaleless body, and a pair of nasal and maxillary label. Baung has a high value potential for cultivation and economy, but the supply numbers remain low as they rely much on wild catches. This circumstance may reduce the population and biodiversity of Baung. Genetic study is required to determine genetic variation and genetic links between Baung fish from Borneo and Java. This research findings hopefully can be applied to improve cultivation and conservation practice.

This study analyzes the genetic link between Baung fish from Borneo, Java, and ten comparative species recorded in Genbank based on ND 6 gene sequences. The 14 samples analyzed were collected from Banjarmasin (BJ1, BJ2, and BJ3), Samarinda (KM1, KM2, and KM3), Bengawan Solo River in Bojonegoro (BO1, BO2, and BO3), Elo River in Magelang (X1 and X2), and Progo River in Magelang (1.4, 2.4, and, 3.4). The epaxial and hypaxial muscullus of Baung was used to isolate DNA, which was then amplified using PCR technique to get the ND 6 gene sequences. Following PCR, the DNA is sequenced, and the sequences are examined with MEGA X software to see nucleotide, amino acid, and genetic distance variation that is used to create phylogenetic trees.

The sequencing result suggests that the ND 6 gene sequence contains 516-519 nucleotide that encodes 171-173 amino acids. There are 130 different nucleotide citations and 27 amino acids can be seen in the genetic variance across samples. The results suggest sample from Banjarmasin (BJ1, BJ2, and BJ3), Samarinda (KM1, KM2, and KM3), and Progo river in Magelang (1.4, 2.4, and 3.4) belong to *Hemibagrus* with a genetic distance of 3-3,4%. Baung samples' from Elo river in Magelang (X1 and X2) belong to the genus *Mystus* with a genetic distance of 16%, whereas sample from Bengawan Solo river in Bojonegoro (BO1, BO2, and BO3) belong to genus *Pangasius* with a genetic distance of 9%.

Keywords: Baung fish, ND 6 gene, PCR, sequencing, phylogenetic tree, *Hemibagrus*, *Mystus*, *Pangasius*.