

INTISARI

IDENTIFIKASI MOLEKULER IKAN BAUNG ASAL SUNGAI ELO, PROGO, MUSI, DAN KAMPAR BERDASARKAN SEKUEN GEN PENYANDI *Cytochrome Oxidase Sub-unit 2 (COX-2)*

Rachmawati Cahyaningtyas Arie Putri
14/364566/KH/8065

Indonesia adalah negara kepulauan yang memiliki sumber daya alam melimpah. Salah satu jenis sumberdaya perikanan di Indonesia adalah dari golongan *catfish*. Banyak dari spesies *catfish* di Indonesia terancam punah karena ancaman perburuan dan ketersediaan pangan bagi ikan tersebut yang mulai berkurang. Salah satu jenis *catfish* yang terancam punah adalah ikan baung (*Hemibagrus sp.*). Oleh karena itu, diperlukan usaha konservasi untuk menjaga kelestarian ikan baung. Usaha yang dilakukan untuk membedakan spesies ikan baung sehingga diketahui asalnya adalah dengan eksplorasi molekuler. Tujuan dari penelitian ini adalah untuk mengetahui keragaman genetik ikan baung asal Magelang dengan ikan baung asal Sumatera berdasarkan gen penyandi *COX-2*.

Sebanyak sebelas sampel ikan baung diperoleh dari tiga daerah di Indonesia, yaitu lima sampel berasal dari Magelang (X1, X2, M1, M2, M3), tiga sampel berasal dari Palembang (D, E, F), dan tiga sampel berasal dari Riau (R1, R2, R3). Sampel di isolasi DNA dan di amplifikasi dengan teknik PCR. Produk PCR sebesar 1.242 bp kemudian disekuensing. Hasil sekuensing gen *COX2* (691 bp) kemudian dianalisis keragaman genetik antar spesies dengan spesies ikan baung lain dari *Genbank* menggunakan program MEGA versi 6.06.

Hasil analisis berdasarkan sekuen gen *COX-2*, ikan baung asal Magelang (M1, M2, M3), Palembang (D, E, F), Riau (R1, R2, R3) teridentifikasi sebagai *Hemibagrus nemurus* dengan jarak genetik 0.7% terhadap *H. nemurus* (*Genbank*). Sampel ikan baung asal Magelang (X1 dan X2) teridentifikasi satu genus sebagai *Mystus sp* dengan jarak genetik 8.7% terhadap *Mystus cavasius* (*Genbank*). Sebanyak 55 nukleotida dan 1 asam amino sebagai penanda genetik pada sampel ikan baung Magelang (X1 dan X2) dengan *Mystus cavasius* serta terdapat 9 nukleotida sebagai penanda genetik pada sampel ikan baung Magelang (M1, M2, M3), Palembang (D, E, F), Riau (R1, R2, R3) dengan *Hemibagrus nemurus*.

Kata kunci : Ikan baung, *Hemibagrus nemurus*, gen penyandi *Cytochrome Oxidase Sub-unit 2 (COX-2)*, keragaman genetik, sekuen DNA.

ABSTRACT

MOLECULAR IDENTIFICATION OF BAUNG FISH FROM ELO, PROGO, MUSI, AND KAMPAR RIVERS BASED ON *Cytochrome Oxidase Sub-unit 2 (COX-2)* ENCODING GENE

Rachmawati Cahyaningtyas Arie Putri
14/364566/KH/8065

Indonesia is an archipelagic country with abundant natural resources. One type of fishery resources in Indonesia is from catfish class. Many of the species of catfish in Indonesia are threatened with extinction because of the threat of hunting and food availability for these fish are starting to decrease. One type of endangered catfish is baung fish (*Hemibagrus sp.*). Therefore, conservation efforts are needed to preserve the baung fish. Efforts are made to distinguish the species of baung fish so that the known origin is by molecular exploration. The purpose of this study is to determine the genetic diversity of baung fish from Magelang with baung fish from Sumatra based on *COX-2* encoding gene.

A total of eleven baung fish samples were obtained from three regions in Indonesia, which were five samples from Magelang (X1, X2, M1, M2, M3), three samples from Palembang (D, E, F), and three samples from Riau (R1, R2, R3). The sample DNA was isolated and amplified by PCR technique. The PCR product of 1.242 bp is then sequenced. The result of *COX2* gene sequencing (691 bp) was then analyzed genetic diversity among species with other species of baung fish from Genbank using MEGA program version 6.06.

The results of analysis based on sequences of *COX-2* gene, baung fish from Magelang (M1, M2, M3), Palembang (D, E, F), Riau (R1, R2, R3) were identified as *Hemibagrus nemurus* with a genetic distance of 0.7% to *H. nemurus* (Genbank). The sample of baung fish from Magelang (X1 and X2) identified one genus as *Mystus sp* with 8.7% genetic distance to *Mystus cavasius* (Genbank). A total of 55 nucleotides and 1 amino acids as genetic markers on baung fish samples of Magelang (X1 and X2) with *Mystus cavasius* and there are nine nucleotides as genetic markers on baung fish samples Magelang (M1, M2, M3), Palembang (D, E, F), Riau (R1, R2, R3) with *Hemibagrus nemurus*.

Keywords : Baung fish, *Hemibagrus nemurus*, *Cytochrome Oxidase Sub-unit 2 (COX-2)*, genetic diversity, DNA sequence.