

**VARIASI GENETIK IKAN BAUNG (*Hemibagrus nemurus*
Valenciennes, 1840) BERDASARKAN GEN MITOKONDRIA
*CYTOCHROME OXIDASE SUBUNIT I (COI)***

Fitria Kurnia Nazira
14/366808/BI/09286

INTISARI

Ikan baung (*Hemibagrus nemurus*) merupakan ikan konsumsi yang memiliki potensi ekonomi tinggi karena memiliki rasa yang enak, namun terkendala ketersediannya yang terbatas di pasaran. Salah satu faktor yang penting untuk tersedianya ikan baung adalah dengan melakukan program pemuliaan. Oleh karena itu penelitian variasi genetik ikan baung menjadi hal yang penting untuk dilakukan. Berdasarkan hal tersebut maka penelitian ini bertujuan untuk menganalisis variasi genetik ikan baung yang dikoleksi dari Sungai Progo, Magelang dan Sungai Batanghari, Jambi berdasarkan gen mitokondria *COI*. Pada penelitian ini digunakan satu sampel ikan baung dari Magelang (BM) dan satu sampel ikan baung dari Jambi (BJ). Kedua sampel ikan baung tersebut juga dibandingkan dengan sembilan sekuen gen mitokondria *COI* milik *Hemibagrus nemurus* yang diambil dari *database GenBank* (KF805371, KF805370, KF805369, KF805368, KM213068, KM213067, JN646095, JQ289148, dan KM454860). Penelitian ini menggunakan metode PCR dan kedua sampel ikan baung diamplifikasi menggunakan primer *forward* FishF2 dan primer *reverse* FishR2. Hasil elektroforesis produk amplifikasi PCR menunjukkan bahwa panjang fragmen *partial* gen mitokondria *COI* pada BM dan BJ sebesar 705 bp yang ditranslasikan ke dalam 253 asam amino. Analisis menggunakan *online Nucleotide BLAST* menunjukkan bahwa sampel ikan baung BM dan BJ memiliki similaritas sebesar 97%-99% dengan sembilan sekuen *Hemibagrus nemurus* dari *database GenBank*. Analisis jarak genetik menunjukkan bahwa sampel ikan baung BM dan BJ memiliki jarak genetik 2,9%. Selain itu kedua sampel ikan baung tersebut memiliki dua haplotipe yang terdiri dari 20 *variable sites* dengan nilai keragaman haplotipe $1,00 \pm 0,500$ dan nilai keragaman nukleotida $0,02837 \pm 0,01418$. Perbedaan haplotipe kedua ikan baung tersebut juga didukung oleh dua kodon yang bersifat *nonsynonymous* yaitu kodon ke-1 dan ke-235 yang memperlihatkan adanya perbedaan runutan nukleotida yang menyebabkan perbedaan asam amino yang dibentuk. Berdasarkan pohon filogeni *Neighbor-Joining* dan *Maximum Likelihood*, ikan baung BM dan BJ berada dalam *clade* yang sama dengan *H. nemurus* dari Sumatra (KM213068, KM213067) dan Cina (KM454860) dan berbeda *clade* dengan *H. nemurus* dari Thailand dan Malaysia. Tingginya nilai jarak genetik antara sampel ikan baung yang diteliti dengan *H. nemurus* dari *database GenBank* (3,75%) mengindikasikan bahwa *H. nemurus* merupakan *species complex*.

Kata kunci: ikan baung, variasi genetik, *COI* mt-DNA

**GENETIC VARIATION OF ASIAN REDTAIL CATFISH
(*Hemibagrus nemurus* Valenciennes, 1840) BASED ON
MITOCHONDRIAL CYTOCHROME OXIDASE SUBUNIT I
(COI) GENE**

**Fitria Kurnia Nazira
14/366808/BI/09286**

ABSTRACT

Asian redbtail catfish (*Hemibagrus nemurus*) has an economic potency to be domesticated as fish consumption to fulfill market demands. This is due to the fish has a high nutritional value and a good taste. In order to develop breeding program of fish species, research on genetic variation of the fish should be done. Therefore, the aim of this research was to investigate genetic variation of Asian redbtail catfish collected from Batanghari River, Jambi (BJ) and Progo River, Magelang (BM) based on *COI* mitochondrial gene. This research used a PCR method with *COI* universal primers: FishF2 and FishR2. This research also used nine *H. nemurus* mitochondrial *COI* gene sequence from GenBank (KF805371, KF805370, KF805369, KF805368, KM213068, KM213067, JN646095, JQ289148, and KM454860) as comparison. The results showed that the two fish samples had fragment length 705 bp which translated to 235 amino acid. Online BLAST analysis revealed that the two samples had similarity 97-99% with *H. nemurus* deposited at GenBank. Genetic distance between the two samples was 2.9%. In addition, the two samples have two haplotypes consisting 20 variable sites with an overall haplotype diversity of 1.00 ± 0.500 and nucleotide diversity 0.02837 ± 0.01418 . The haplotype divergence between the two samples was supported by two nonsynonymous codons (i.e. codon 1 and 235). Phylogenetic analysis using Neighbor-Joining and Maximum Likelihood methods indicated that the samples of BM and BJ were in the same clade with *H. nemurus* from Sumatra (KM213068, KM213067) and China (KM454860) and separated with *H. nemurus* from Thailand (KF805371, KF805370, KF805369, KF805368 and JQ289148) and Malaysia (JN646095). Further, the high genetic divergence between the two samples examined in this study combined with *H. nemurus* from the GenBank database (3.75%) indicated that *H. nemurus* is a species complex.

Keywords: Asian redbtail catfish, genetic variation, *COI* mt-DNA