UNIVERSITAS
GADJAH MADA
IDENTIFIKASI MOLEKULER DAN ANALISIS KEKERABATAN IKAN BAUNG ASAL JAWA DAN SUMATERA BERDASAR SEKUEN GEN NADH DEHYDROGENASE SUBUNIT 1 (ND1)
SITI QOIROTUN NAIMAH, Prof. Dr. drh. Rini Widayanti, M.P.
Universitas Gadjah Mada, 2021 | Diunduh dari http://etd.repository.ugm.ac.id/

ABSTRAK

IDENTIFIKASI MOLEKULER DAN ANALISIS KEKERABATAN IKAN BAUNG ASAL JAWA DAN SUMATERA BERDASARKAN GEN NADH DEHYDROGENASE SUBUNIT 1 (ND1)

Siti Qoirotun Naimah
17/409279/KH/09280

Keberagaman jenis ikan baung dalam kelompok Siluriformes tersebar di Indonesia termasuk Pulau Sumatera dan Jawa. Eksistensi keberagaman ikan baung mengalami penyusutan akibat kerusakan ekosistem dan penangkapan ikan berlebihan. Upaya konservasi ikan baung untuk mempertahankan keberagamannya perlu dilakukan melalui kajian genetik molekuler. Tujuan penelitian ini adalah mengidentifikasi gen ND1 secara molekuler dan menganalisis kekerabatan ikan baung yang berasal dari beberapa sungai di Jawa dan Sumatera berdasar sekuen nukleotida dan asam amino ND1.

Sampel ikan baung asal Pulau Jawa dan Sumatera sebanyak 13 sampel diperoleh dari yaitu Sungai Bengawan Solo Bojonegoro (BO1, BO2, dan BO3), Sungai Elo Magelang (X1 dan X2), Sungai Progo Magelang (1.4, 2.4, dan 3.4), Sungai Musi Palembang (D, E, dan F), dan Sungai Kampar Riau (B1 dan B2). Hasil isolasi DNA diamplifikasi segmen gen ND1 dengan metode PCR. Produk PCR sebesar 1327 bp kemudian dilakukan sekuensing DNA. Hasil sekuensing gen ND1 dianalisis keragaman genetik dan filogenetik bersama spesies lain dari *Genbank* dengan menggunakan program MEGA X.

Hasil analisis data diperoleh susunan gen ND1 terdiri dari 975 nukleotida yang diterjemahkan menjadi 325 asam amino. Penanda genetik diperoleh dari adanya variasi nukleotida sampel dengan pembanding yaitu sejumlah 65 situs terhadap *H. nemurus*, 131 situs *M. cavasius*, dan 102 situs *P. pangasius* sedangkan jumlah variasi asam amino yaitu 8 situs terhadap *H. nemurus*, 21 situs *M. rhegma* dan *M. cavasius*, serta 15 situs *P. pangasius* dan *P. gigas*. Ikan baung asal Jawa (Sungai Progo) dan Sumatera (Sungai Musi dan Sungai Kampar) berkerabat dekat dan teridentifikasi sebagai *Hemibagrus sp* dengan jarak genetik 2,9–4,9%. Ikan baung asal Jawa (Sungai Elo) teridentifikasi sebagai *Mystus sp.* dengan jarak genetik 15-15,2%. Ikan baung asal Jawa (Sungai Bengawan Solo) teridentifikasi sebagai *Pangasius sp.* dengan jarak genetik 11,4-11,6%.

Kata kunci: ikan baung, ND1, nukleotida, asam amino, kekerabatan

UNIVERSITAS
GADJAH MADA
IDENTIFIKASI MOLEKULER DAN ANALISIS KEKERABATAN IKAN BAUNG ASAL JAWA DAN SUMATERA BERDASAR SEKUEN GEN NADH DEHYDROGENASE SUBUNIT 1 (ND1)
SITI QOIROTUN NAIMAH, Prof. Dr. drh. Rini Widayanti, M.P.
Universitas Gadjah Mada, 2021 | Diunduh dari http://etd.repository.ugm.ac.id/

ABSTRACT

MOLECULAR IDENTIFICATION AND PHYLOGENETIC ANALYSIS OF BAUNG FISH FROM JAVA AND SUMATERA BASED ON NADH DEHYDROGENASE SUBUNIT 1 (ND1) GENE SEQUENCES

Siti Qoirotun Naimah
17/409279 / KH / 09280

Diversity of baung fish in the Siluriformes group is spread across Indonesia, including Sumatra and Java. The existence of baung fish diversity has decreased due to ecosystem damage and overfishing. The conservation of baung fish to maintain its diversity needs to be done through molecular genetic studies. The purpose of this study is to molecularly identify the ND1 gene and to analyze the relationship between the fish from several rivers in Java and Sumatra based on the nucleotides and amino acids sequences of ND1.

Thirteen samples of baung fish from Java and Sumatra are obtained from the Bengawan Solo Bojonegoro River (BO1, BO2, and BO3), the Elo Magelang River (X1 and X2), the Progo Magelang River (1.4, 2.4, and 3.4), the Musi Palembang River (D, E, and F), and Kampar Riau River (B1 and B2). The results of DNA isolation are amplified by the ND1 gene segment using the PCR method. The PCR product is 1327 bp and then DNA sequenced. The results of ND1 gene sequencing are analyzed for genetic and phylogenetic diversity with other species from Genbank using the MEGA X program.

The results of the data analysis showed that the ND1 gene array consisted of 975 nucleotides which are translated into 325 amino acids. Genetic markers are obtained from the variation of nucleotide samples with a comparison, 65 sites for *H. nemurus*, 131 sites for *M. cavasius*, and 102 sites for *P. pangasius*, while the number of variations in amino acids is 8 sites for *H. nemurus*, 21 sites for *M. rhegma* and *M. cavasius*, and 15 sites for *P. pangasius* and *P. gigas*. Baung fish from Java (Progo River) and Sumatra (Musi River and Kampar River) are closely related and identified as *Hemibagrus sp* with a genetic distance of 2.9-4.9%. Baung fish from Java (Elo River) is identified as *Mystus sp*. with a genetic distance of 15-15.2%. Baung fish from Java (Bengawan Solo River) is identified as *Pangasius sp*. with a genetic distance of 11.4-11.6%.

Key words: baung fish, ND1, nucleotide, amino acid, phylogenetic