

**Karakterisasi Genetik Ikan Baung (*Hemibagrus nemurus Valenciennes, 1840*)
dari Sungai Progo, Magelang, Jawa Tengah
Berdasarkan Gen Mitokondria 16S**

Ulfa Dianiputri

17/411745/BI/09885

INTISARI

Indonesia merupakan negara dengan megadiversitas ikan air tawar yang tinggi. Salah satu ikan asli Indonesia dengan nilai ekonomi tinggi yang dapat ditemui di sungai-sungai Pulau Jawa, Sumatra, dan Kalimantan adalah ikan baung (*Hemibagrus nemurus Valenciennes, 1840*). Namun demikian, penelitian karakterisasi genetik ikan baung belum banyak dilakukan. Penelitian karakterisasi genetik penting dilakukan karena berhubungan dengan usaha budidaya dan konservasi. Berdasarkan hal tersebut, penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi dan menganalisis karakter genetik ikan baung (*H. nemurus*) dari Sungai Progo, Magelang, Jawa Tengah berdasarkan gen mitokondria 16S. Pada penelitian ini metode PCR digunakan dengan primer universal 16Sar dan 16Sbr. Analisis genetik interpopulasi dengan membandingkan data sekuen gen mitokondria 16S lima sampel ikan baung dari Sungai Progo (BGM 02-06) dengan lima data pembanding berupa sekuen gen mitokondria 16S *H. nemurus* dari GenBank (*accession number* NC044863, KJ573466, HQ257344, MG076898, dan JQ248061). Data yang diperoleh selanjutnya dianalisis dengan GeneStudio, DNASTAR, BLAST, Mesquite, MEGA, DnaSP, dan NETWORK. Hasil penelitian menunjukkan bahwa jarak genetik intrapopulasi sampel BGM 02-06 adalah 0,00% yang menunjukkan tidak adanya variasi genetik intrapopulasi. Jarak genetik interpopulasi BGM 02-06 dengan sampel pembanding yaitu 0,20% sampai 2,21% dengan rata-rata 0,92%. Variasi genetik interpopulasi menunjukkan 5 haplotipe yang berbeda dan 15 *variable sites* dengan 5 *parsimony sites* dan 10 *singleton variable sites*. Nilai *haplotype diversity* dan *nucleotide diversity* adalah $0,756 \pm 0,130$ dan $0,00812 \pm 0,00294$. Hasil analisis pohon filogeni dan *haplotype network* menunjukkan kelima sampel ikan baung dari Sungai Progo membentuk haplotipe spesifik yang terpisah dengan populasi pembanding lainnya. Hal tersebut menunjukkan bahwa haplotipe spesifik tersebut dapat digunakan sebagai penanda molekuler ikan baung dari Sungai Progo, Magelang, Jawa Tengah berdasarkan gen mitokondria 16S.

Kata kunci : Ikan baung, Sungai Progo, karakterisasi genetik, gen mitokondria 16S

Genetic Characterization of Asian Redtail Catfish (*Hemibagrus nemurus* Valenciennes, 1840) from Progo River, Magelang, Central Java Based on 16S Mitochondrial Gene

Ulfa Dianiputri

17/411745/BI/09885

ABSTRACT

Indonesia is one of the megadiversity countries which has high diversity of freshwater fish. One of Indonesian native fish with a high economic potency that can be found in Java, Sumatra, and Kalimantan is Asian redbtail catfish (*Hemibagrus nemurus* Valenciennes, 1840). Nevertheless, research on the genetic characterization of the fish species has poorly known. Genetic characterization of the fish is important related to the breeding and conservation efforts. Therefore, this study aimed to identify and analyze the genetic characters of *H. nemurus* from Progo River, Magelang, Central Java based on 16S mitochondrial gene. PCR method was used in this study with universal primers *16Sar* and *16Sbr*. Interpopulation genetic variation was conducted by comparing 16S mitochondrial gene sequences of five samples *H. nemurus* from Progo River (BGM 02-06) with five 16S mitochondrial gene sequences of *H. nemurus* taken from GenBank (accession number NC044863, KJ573466, HQ257344, MG076898, and JQ248061) as comparison data. The data obtained were then analyzed with GeneStudio, DNASTAR, BLAST, Mesquite, MEGA, DnaSP, and NETWORK. The results revealed that the intrapopulation genetic distance of BGM 02-06 sample was 0.00% which indicated no intrapopulation genetic variation. The interpopulation genetic distance was between 0.20% and 2.21% with an average of 0.92%. Analysis of interpopulation genetic variations detected 5 different haplotypes and 15 variable sites with 5 parsimony informative sites and 10 singleton variable sites. Haplotype diversity and nucleotide diversity values were 0.756 ± 0.130 and 0.00812 ± 0.00294 respectively. Phylogenetic and haplotype network analysis showed that *H. nemurus* from Progo River formed a specific haplotype that was separated from other populations. The specific haplotype can be used as a molecular marker of *H. nemurus* from Progo River, Magelang, Central Java based on 16S mitochondrial gene.

Keywords : Asian redbtail catfish, Progo River, genetic characterization, 16S mitochondrial gene