

## INTISARI

Udang windu (*Penaeus monodon*) merupakan salah satu komoditas perikanan budidaya unggulan di Indonesia. Namun demikian, peningkatan produksi udang windu di Indonesia masih mengalami kendala dalam ketersediaan indukan. Salah satu solusi untuk menghasilkan indukan yaitu melalui program domestikasi. Oleh karena itu Kementerian Kelautan dan Perikanan melalui Balai Besar Perikanan Budidaya Air Payau (BBPBAP) Jepara melakukan program domestikasi *Penaeus monodon*. Namun *Penaeus monodon* yang digunakan untuk program domestikasi dan diambil dari berbagai wilayah perairan di Indonesia dimungkinkan merupakan spesies kriptik. Oleh karena itu penelitian ini difokuskan pada permasalahan spesies kriptik dan variasi genetik *P. monodon* yang digunakan sebagai sumber genetik dalam program domestikasi di BBPBAP Jepara, berdasarkan gen mitokondria *cytochrome c oxidase sub unit I (COI)*. Sampel udang windu pada penelitian ini diambil dari empat populasi yaitu, Ujung Batee (Aceh), Jepara (Jawa Tengah), Takalar (Sulawesi Selatan) dan induk udang windu hasil budidaya BBPBAP Jepara. Metode yang digunakan pada penelitian ini adalah metode *Polymerase Chain Reaction (PCR)*. Analisa dilakukan terhadap 558 pasangan basa dari 13 sekuen gen mitokondria COI sampel *P. monodon* dan empat sekuen *P. monodon* dari GenBank yang digunakan sebagai pembanding.

Hasil analisa sekuen gen mitokondria COI *P. monodon* terdapat 42 *polymorphic sites* dengan 37 *parsimony informative*. Selain itu juga terdapat enam haplotipe yang terbagi dalam dua *clade* berdasarkan analisa rekonstruksi pohon filogeni dengan metode *Neighbour-Joining*, *Maximum Parsimony* dan *Maximum Likelihood* dengan nilai bootstrap 100/100/100 (*clade A*) dan 100/99/87 (*clade B*) yang mengindikasikan adanya spesies kriptik. Analisa dengan *Bayesian Inference* juga menunjukkan dua *clade* dengan nilai *posterior probabilities* 1,00 pada *clade A* maupun pada *clade B*. Jarak genetik antara dua *clade* berdasarkan metode Kimura-2-Parameter (K2P) sangat signifikan yaitu 6,9%, jauh diatas *species delimiting threshold* 10 kali yaitu 1,99%. *Clade A* menunjukkan variasi genetik yang lebih tinggi dengan keanekaragaman haplotipe (*h*) 0,778 dibandingkan *clade B* dengan nilai 0,286. Namun *clade A* menunjukkan keanekaragaman nukleotida ( $\pi$ ) yang lebih rendah (0,002) dibandingkan dengan *clade B* (0,003). Hasil penelitian ini membuktikan terdapat dua spesies kriptik *P. monodon* yang digunakan dalam domestikasi di BBPBAP Jepara. Selain itu *P. monodon* dalam *clade A* menunjukkan variasi genetik yang lebih tinggi dari *clade B*. Berdasarkan hasil penelitian yang menunjukkan adanya spesies kriptik pada *P. monodon*, maka perlu dipertimbangkan penggunaan *P. monodon* dalam program pemuliaan.

Kata kunci : *Penaeus monodon*, spesies kriptik, variasi genetik, mt-DNA COI.



**VARIASI GENETIK UDANG WINDU (*Penaeus monodon* Fabricius, 1798) BERDASARKAN GEN MITOKONDRIA COI**

AMRI YUDHISTIRA, Dra. Tuty Arisuryanti, M.Sc., Ph.D

Universitas Gadjah Mada, 2017 | Diunduh dari <http://etd.repository.ugm.ac.id/>

**GENETIC DIVERSITY OF GIANT TIGER SHRIMP (*Penaeus monodon* Fabricius, 1798) BASED ON COI MITOCHONDRIAL GENE**

***ABSTRACT***

The giant tiger shrimp (*Penaeus monodon*) is an economically important penaeid species in Indonesia and is widely distributed in the Indo-pacific region. However, the productivity of giant tiger shrimp cannot be achieved due to the limitation of broodstock for this penaeid species in Indonesia. Therefore the aims of this research were to investigate genetic identification and genetic variation of *P. monodon* from four populations used in domestication program : Ujung Batee (Aceh), Jepara (Central Java), Takalar (South Sulawesi) and from BBPBAP Jepara based on COI mitochondrial gene as a DNA barcoding. The method used in this research was a PCR method. Four samples of *P. monodon* from GenBank (KP976330, KF714990, KC409381 and KM508845) were also included in the analysis for comparative purposes. The results showed that there were 42 variable sites with 37 parsimony informative sites found in 558- bp sequence, and six haplotypes were subsequently defined. The phylogeny analysis (NJ, MP and ML) revealed two clades (A and B) of *P. monodon* collected from Indonesia with high bootstrap value 100/100/100 and 100/99/87 respectively. In addition, genetic divergence between the two clades were high (6.9%) indicating that *P. monodon* from Indonesia is cryptic species. Haplotype diversity within clade A was higher (0.778) than that of clade B (0.286). Haplotype number in clade A was also higher (4) than that of clade B (2). Conversely, nucleotide diversity of clade A (0.002) was lower than that of clade B (0.003). Based on the data, it can be seen that clade A has higher genetic variation compared to clade B. Furthermore, the finding of cryptic species of *P. monodon* from Indonesia, it should be considered to use of this penaeid species for breeding program.

Key words : *Penaeus monodon*, cryptic species, genetic diversity, mt-DNA COI.