

VARIASI GENETIK IKAN BAUNG (*Hemibagrus nemurus* Valenciennes, 1840) BERDASARKAN GEN MITOKONDRIA 16S

Khoirun An Nisaa

12/329975/BI/08869

INTISARI

Ikan baung (*Hemibagrus nemurus*) merupakan spesies ikan yang cukup populer di Indonesia sebagai ikan konsumsi dan memiliki nilai ekonomi tinggi. Ikan baung juga memiliki persebaran yang luas sehingga cukup mudah dijumpai di perairan air tawar Indonesia, tetapi ikan baung masih sulit dibudidayakan. Selain itu penelitian mengenai variasi genetik ikan baung, *H. nemurus*, masih sangat terbatas. Oleh karena itu penelitian variasi genetik ikan baung penting dilakukan untuk mendukung usaha konservasi dan budidayanya. Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui variasi genetik *H. nemurus* populasi Sungai Batanghari, Jambi dan Sungai Progo, Magelang berdasarkan gen mitokondria 16S. Metode yang digunakan pada penelitian ini adalah metode PCR dengan menggunakan primer *forward* 16Sar dan primer *reverse* 16Sbr. Hasil amplifikasi PCR menunjukkan bahwa ikan baung Jambi (BG1) memiliki panjang fragmen 611 bp, sedangkan ikan baung Magelang (BG2) adalah 570 bp. Kedua sampel penelitian dibandingkan dengan data sampel yang ada di *GenBank* pada laman NCBI. Nilai similaritas yang diperoleh menggunakan BLASTN sebesar 99% menunjukkan bahwa BG1 dan BG2 termasuk ke dalam spesies *Hemibagrus nemurus*. Analisis jarak genetik intraspesies *H. nemurus* BG1 dengan *H. nemurus* BG2 diperoleh hasil sebesar 0,62%. Rekonstruksi pohon filogenetik menggunakan *Neighbor-Joining* (NJ) dan *Maximum-Likelihood* (ML) dengan model Kimura-2-Parameter (K2P) memperlihatkan *H. nemurus* BG1 dengan *H. nemurus* BG2 terletak pada *clade* yang sama. Adapun variasi genetik yang diperoleh antara *H. nemurus* BG1 dengan *H. nemurus* BG2 yaitu keduanya memiliki haplotipe yang berbeda. Selain itu antara ikan baung BG1 dengan BG2 terdapat 4 situs polimorfik dan tidak ada situs parsimoni dengan nilai keragaman haplotipe (Hd) sebesar $1,000 \pm 0,25$ serta keragaman nukleotida (π) sebesar $0,00605 \pm 0,00302$.

Keywords: ikan baung, 16S mt-DNA, variasi genetik

GENETIC VARIATION OF BAUNG FISH (*Hemibagrus nemurus* Valenciennes, 1840) BASED ON 16S MITOCHONDRIAL GENE

Khoirun An Nisaa

12/329975/BI/08869

ABSTRACT

Baung fish (*Hemibagrus nemurus*) is quite popular in Indonesia as a consumption fish and has a high economic value. In addition, the fish species has a wide geographical distribution so it is easy to be found in rivers in Indonesia. However, the baung fish is still difficult to be domesticated. Moreover, research on the genetic variation of baung fish is quite limited. Genetic variation data of the baung fish will play an important role for conservation and breeding program. Therefore, the aim of this research was to determine the genetic variation of *H. nemurus* from Batanghari River (Jambi) and Progo River (Magelang) based on 16S mitochondrial gene. This research used a PCR method using 16Sar as a forward primer and 16Sbr as a reverse primer. The PCR amplification results showed that baung fish from Batanghari River (BG1) has 611 bp fragment length, while the baung fish from progo River (BG2) has 570 bp. Both samples were then compared with the existing sample data from *GenBank*. The similarity value obtained by BLASTN of 99% confirmed that *H. nemurus* BG1 and *H. nemurus* BG2 belong to the species *Hemibagrus nemurus*. Genetic distance between BG1 and BG2 was about 0.62%. The reconstruction of phylogenetic trees using Neighbor-Joining (NJ) and Maximum-Likelihood (ML) with Kimura-2-Parameter (K2P) model revealed that *H. nemurus*-BG1 and *H. nemurus*-BG2 were on the same clade. Analysis of two 16S-mt sequence baung fish revealed that both baung fish have different haplotypes with 4 polymorphic sites and no parsimony site. In addition, the haplotype diversity (Hd) and nucleotide diversity (π) values were $1,000 \pm 0.25$ and 0.00605 ± 0.00302 respectively.

Keywords: baung fish, 16S mt-DNA, genetic variation