

Original Research Paper

## POLIMORFISME GEN MITOKONDRIA 16S IKAN BAUNG (*Hemibagrus nemurus* Valenciennes, 1840) DARI SUNGAI PROGO, MAGELANG, JAWA-TENGAH

### 16S MITOCHONDRIAL GENE POLYMORPHISM OF ASIAN REDTAIL CATFISH (*Hemibagrus nemurus* Valenciennes, 1840) FROM PROGO RIVER, MAGELANG, CENTRAL JAVA

Ulfa Dianiputri<sup>1</sup>, Katon Waskito Aji<sup>1</sup>, Tuty Arisuryanti<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Laboratorium Genetika dan Pemuliaan, Fakultas Biologi Universitas Gadjah Mada, Jl. Teknika Selatan Sekip Utara, Sleman 55281, Yogyakarta, Indonesia.

\*Email penulis koresponding: tuty-arisuryanti@ugm.ac.id

**Abstract:** Ikan baung (*Hemibagrus nemurus* Valenciennes, 1840) merupakan salah satu ikan asli Indonesia yang memiliki potensi ekonomi tinggi. Namun demikian, studi variasi genetik ikan baung di Indonesia jumlahnya sangat terbatas. Oleh karena itu, penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi dan menganalisa polimorfisme gen mitokondria 16S ikan baung dari Sungai Progo, Magelang, Jawa-Tengah. Metode yang digunakan adalah metode PCR menggunakan primer universal 16Sar dan 16Sbr. Analisis variasi genetik intraspesies dilakukan dengan menggabungkan lima data sekuen gen mitokondria 16S ikan baung yang diteliti (BGM 02-06) dengan lima data sekuen gen mitokondria 16S ikan baung (*H.nemurus*) yang terdata di *GenBank*. Program BLAST, DnaSP, DNASTAR, GeneStudio., MEGA, Mesquite, and NETWORK digunakan untuk menganalisis data yang diperoleh. Hasil penelitian menunjukkan tidak ada perbedaan genetik antar sampel ikan baung dari Sungai Progo dan ini mengindikasikan tidak ada variasi genetik intrapopulasi ikan baung yang diteliti. Sebaliknya, hasil analisis menunjukkan adanya perbedaan genetik intraspesies antara 0,20%-2,21% dengan rata-rata 0,92%. Selain itu hasil analisis juga menunjukkan adanya 5 haplotipe dan 15 situs polimorfik dengan 5 *parsimony informative sites*. Selanjutnya nilai keragaman haplotipe adalah  $0.756 \pm 0.130$  dan keragaman nukleotida yaitu  $0.00812 \pm 0.00294$ . Analisis filogenetik dan hubungan antar haplotipe menunjukkan bahwa ikan baung dari Sungai Progo (BGM 02-06) membentuk haplotipe yang spesifik dan terpisah dengan haplotipe lainnya. Penanda molekuler untuk ikan baung (*H.nemurus*) dari Sungai Progo, Magelang, Jawa Tengah berdasarkan gen mitokondria 16S dapat menggunakan haplotipe yang spesifik tersebut.

**Kata Kunci:** 16S mtDNA; ikan baung; polimorfisme; Sungai Progo

**Abstract:** Asian redbtail catfish (*Hemibagrus nemurus* Valenciennes, 1840) is one of Indonesian native fish species with high economic potency. However research on genetic variation of Asian redbtail catfish in Indonesia is very limited. Therefore, this study purposed to identify and analyze the mitochondrial gene polymorphism 16S of Baung fish (*H. nemurus*) from the Progo River, Magelang, Central Java. The method used in this study was the PCR method with universal primers 16Sar and 16Sbr. Intraspecific genetic variation was conducted by combining mitochondrial gene 16S sequence data of five Asian redbtail fish (*H. nemurus*) samples from Progo River (BGM 02-06) and five Asian redbtail fish samples from GenBank. BLAST, DnaSP, DNASTAR, GeneStudio., MEGA, Mesquite, and NETWORK programs were used to analyze the data obtained. The results showed there were no genetic differences among the Asian redbtail fish from Progo River indicating no intrapopulation genetic variation of the fish species. Conversely, the intraspecific genetic divergence was between 0.20% and 2.21% with an average of 0.92%. Analysis of intraspecific genetic variations detected 5 different haplotypes and 15 variable sites with 5 *parsimony informative sites*. Haplotype diversity and nucleotide diversity values were  $0.756 \pm 0.130$  and  $0.00812 \pm 0.00294$  respectively. Analysis of phylogenetic and haplotype network revealed BGM 02-06 formed a specific haplotype that was separated from other haplotypes. Molecular markers for Asian redbtail fish (*H.nemurus*) from the Progo River, Magelang, Central Java based on the 16S mitochondrial gene can use this specific haplotype.

**Keywords:** 16S mtDNA; Asian redbtail catfish; polymorphism; Progo River.

Dikirimkan: 17 Maret 2022    Direvisi: 12 April 2022    Diterima: 24 April 2022    Dipublikasikan: 30 April 2022

## Pendahuluan

Indonesia merupakan negara dengan megadiversitas ikan di antaranya 1.248 jenis ikan air tawar dan 243 jenis di antaranya merupakan ikan air tawar endemik (Widjaja et al., 2014). Ikan baung adalah salah satu ikan air tawar asli Indonesia yang memiliki potensi tinggi dalam bidang ekonomi dan bisa dijumpai pada sungai-sungai di Pulau Jawa, Kalimantan dan Sumatra, (*Hemibagrus nemurus* Valenciennes, 1840) (Kottelat, 2013). Ikan baung banyak diminati karena memiliki kandungan gizi tinggi, rasa yang enak, ukuran tubuh yang besar, daging yang tebal dengan duri yang sedikit (Aryani dan Suharman, 2014).

Ikan baung termasuk dalam Famili Bagridae yang memiliki tubuh memanjang dengan sedikit pipih, tanpa sisik, dan ukuran tubuh yang cukup besar yaitu mampu mencapai panjang 83 cm saat dewasa. (Khairuman dan Amri, 2014). Warna tubuh bagian dorsal coklat keabu-abuan, dan bagian ventral berwarna putih kusam. Kepala ikan baung terkalsifikasi dengan bentuk segitiga saat dilihat dari samping (lateral), memiliki empat pasang barbel, sirip pectoral dengan patil, sirip adiposa pendek, sirip ekor bercabang dengan lobus atas bawah membulat (Ng dan Kottelat, 2013).

Domestikasi atau budidaya ikan baung masih sulit untuk dilakukan karena sulitnya memperoleh indukan yang berkualitas, sehingga banyak dilakukan penangkapan ikan baung dari populasi alami (Arifin et al., 2020). Penelitian terhadap keragaman genetik perlu dilakukan untuk diaplikasikan pada usaha-usaha konservasi dan pemuliaan. Hal ini disebabkan karena ikan baung diminati oleh masyarakat sebagai ikan konsumsi untuk memenuhi kebutuhan protein hewani.

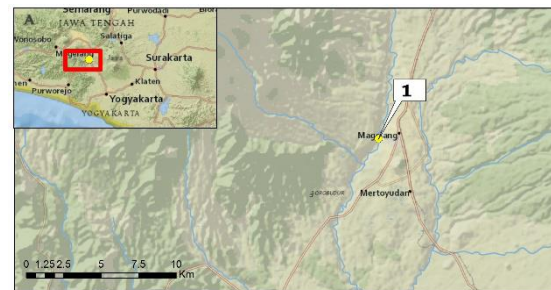
Penelitian keragaman genetik ikan baung di Indonesia menggunakan penanda molekuler gen mitokondria masih terbatas. Penggunaan penanda molekuler gen mitokondria *12S* dan *COIII* telah dilakukan oleh Widayanti et al. (2019, 2021) dan *COI* (Nuryanto et al., 2019). Namun demikian belum pernah dilakukan penelitian keragaman genetik ikan baung dari Sungai Progo menggunakan gen mitokondria *16S*. Oleh karena itu tujuan dari penelitian ini yaitu untuk mengidentifikasi dan menganalisa keragaman genetik berdasarkan gen mitokondria

*16S* dari ikan baung (*H. nemurus*) yang ditemukan di Sungai Progo, Kabupaten Magelang, Jawa Tengah. Gen mitokondria *16S* merupakan gen yang bersifat lestari (*conserved*), sehingga jika ditemukan adanya perbedaan nukleotida antarsampel dalam suatu populasi, maka hal tersebut dapat mengindikasikan adanya variasi genetik (Yang et al., 2014). Hasil penelitian ini untuk melengkapi penyusunan pustaka gen *16S* ikan baung yang ada di Indonesia.

## Bahan dan Metode

### 1. Koleksi Sampel

Lima ekor Ikan baung dikoleksi dari Sungai Progo, Magelang, Jawa Tengah (8°0'34.99" S, 110°16'59.02" E) (Gambar 1). Sampel ikan baung yang diperoleh (kode : BGM-02, BGM-03, BGM-04, BGM-05, dan BGM-06) kemudian didokumentasi (Gambar 2), diberi label, dan dipreservasi dengan menggunakan etanol absolut.



Gambar 1. Peta lokasi pengambilan sampel ikan baung di Sungai Progo, Magelang, Jawa Tengah. Keterangan: angka 1 merupakan lokasi pengambilan sampel.



Gambar 2. Ikan baung yang diambil dari Sungai Progo, Magelang, Jawa Tengah.

### 2. Isolasi DNA, Amplifikasi, dan Sekuensing Gen Mitokondria 16S

Proses isolasi DNA menggunakan *Tissue Kit* (Qiagen, USA) and *Qiagen DNEasy Blood*. Amplifikasi DNA dilakukan dengan metode PCR menggunakan *MyTaq HS Red Mix PCR kit* (Bioline) dengan primer universal 16Sar (5'-CGCCTGTTTATCAAAAACAT-3') dan 16Sbr (5'-CCGGTCTGAACTCAGATCACGT-3') (Palumbi et al., 1996). Pada penelitian ini 50µL reaksi yang terdiri dari 10-100 ng DNA genom yang ditambahkan 25 µL *MyTaq HS Red Mix PCR Kit*; 2 mM MgCl<sub>2</sub>; 0,6 µM untuk tiap primer dan 11 µL ddH<sub>2</sub>O digunakan untuk amplifikasi PCR. Sampel-sampel tersebut selanjutnya dimasukkan ke dalam alat *thermal cycler* (Biorad) menggunakan pengaturan siklus sesuai protokol yang dilakukan oleh Arisuryanti et al. (2020).

Selanjutnya, hasil produk PCR sebanyak 2 µL dimigrasikan secara elektroforesis pada gel agarosa 1% yang ditambahkan dengan *Florosafe* (First Base) untuk *staining*. Adapun DNA *ladder* (Bioline) digunakan sebagai marker untuk mendeteksi panjang fragmen PCR produk. Proses elektroforesis dilakukan pada tegangan 100 volt dengan arus 400mA selama 12 menit. Visualisasi fragmen DNA dilakukan dengan menggunakan *UV lamp transilluminator* (Daihan, Korea) dan pita-pita yang terlihat didokumentasi dengan *Geldoc*. Sampel selanjutnya dikirim ke First Base Sdn Bhd. (Malaysia) melalui PT Genetika Science untuk dipurifikasi dan disekuensing. Sekuensing dilakukan menggunakan primer 16Sar dan 16Sbr secara *bi-direction* dengan alat *Genetic Analyzer* seri ABI 3730xl (Applied Biosystem).

### 3. Analisis Data

Analisis dan edit data sekuen dilakukan dengan SeqMan dan EditSeq (DNASTAR Inc., Madison, USA). Sekuen selanjutnya diverifikasi menggunakan *Nucleotide BLAST* di NCBI. Pensejajaran (*alignment*) sampel dilakukan dengan Opal pada program Mesquite v.3.51 (Maddison dan Maddison, 2018) dan ClustalW pada program MEGAX (Kumar et al., 2018).

Karakterisasi genetik dan variasi genetik seperti komposisi nukleotida, jarak genetik, jumlah haplotipe, jumlah situs polimorfik, *parsimony informative site*, keragaman haplotipe, dan keragaman nukleotida diperoleh

menggunakan program DnaSP ver. 6 (Rozas et al., 2017). *Haplotype network* dianalisis menggunakan *Median Joining Network* pada program Network 10.2.0.0. (*Fluxus Technology Ltd.*).

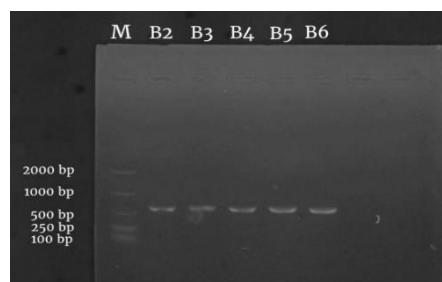
Rekonstruksi pohon filogeni *Neighbour Joining* (NJ) dan *Maximum Likelihood* (ML) menggunakan metode *Kimura-2-Parameter* dengan *bootstrap* 1000 pada program MEGAX. Lima sampel pembandingan sekuen gen mitokondria *16s* yang digunakan pada penelitian ini yaitu: Dua *outgroup Clarias batrachus* (KY767672), *H. nemurus* (*accession number* NC044863, KJ573466, HQ257344, MG076898, dan JQ248061) dan *H. penguensis* (KT878168) yang diperoleh dari *GenBank*.

## Hasil dan Pembahasan

### A. Hasil

#### 1. Hasil Amplifikasi PCR dan Nilai Similaritas BLAST

Hasil amplifikasi gen mitokondria *16S* sampel ikan baung (BGM) menghasilkan panjang fragmen 588 bp (Gambar 3). Hasil analisis *Nucleotide BLAST* menunjukkan bahwa kelima sampel ikan baung (BGM 02, BGM-03, BGM-04, BGM-05, dan BGM-06) memiliki nilai similaritas tertinggi sebesar 99,35% terhadap spesies *Hemibagrus nemurus* yang berasal dari Cina dengan *accession number* NC044863.



Gambar 3. Hasil gen mitokondria 16S teramplifikasi pada ikan baung (*H. nemurus*) yang diambil dari Sungai Progo, Magelang, Jawa Tengah (M adalah marker menggunakan DNA ladder 2000).

#### 2. Analisis Intrapopulasi

##### a. Komposisi Nukleotida

Rata-rata komposisi nukleotida intrapopulasi 5 sampel ikan baung menggunakan

gen mitokondria *16S rRNA* dengan panjang fragmen 588 bp, yaitu T=23,81%; C=23,13%; A=30,78%, dan G=22,28%; sedangkan komposisi nukleotida A+T=54,59% dan G+C=45,41%.

### b. Perbedaan sekuen nukleotida 16S

Persentase perbedaan nukleotida gen 16S antarsampel ikan baung yang diteliti dengan panjang fragmen 588 bp adalah 0%.

## 3. Analisis Intraspecies

### a. Komposisi Nukleotida

Hasil analisis komposisi nukleotida gen mitokondria *16S* antara sampel *H. nemurus* (BGM 02-06) dari Sungai Progo dengan 5 sampel *H. nemurus* dari database *GenBank* dengan panjang fragmen 515 bp dapat dilihat pada Tabel 1. Selisih persentase komposisi nukleotida T, C, A, dan G berturut-turut yaitu sebesar 0,07%-0,27%; 0,05%-0,32; 0,74%-1,14%; dan 0,20%-1,09%.

Tabel 1. Persentase (%) komposisi nukleotida *H. nemurus* (BGM 02-06) yang dibandingkan dengan *H. nemurus* dari *GenBank* dengan panjang fragmen 515 bp.

Sampel	T(U)	C	A	G	A+T	C+G	Lokasi Sungai Progo, Magelang, Jawa Tengah
BGM 02-06	23,47	23,03	30,77	22,68	54,24	45,76	
NC044863*	23,47	23,08	30,57	22,88	54,04	45,96	China
KJ573466*	23,47	23,08	30,57	22,88	54,04	45,96	Malaysia
HQ257344*	23,67	22,88	30,97	22,49	54,64	45,36	Thailand
MG076898*	23,47	23,08	30,77	22,68	54,24	45,76	Vietnam
JQ248061*	23,74	22,76	31,71	21,79	55,45	44,55	Thailand

### b. Perbedaan nukleotida sekuen gen 16S

Hasil analisis intraspecies 5 sampel *H. nemurus* dari Sungai Progo dengan 5 sekuen *H. nemurus* dari *GenBank* menunjukkan nilai antara 0,20% hingga 2,21% dengan rata-rata 0,92% pada perbedaan genetik. Nilai 0,20% menjadi perbedaan genetik antara *H. nemurus* dari Sungai Progo dengan *H. nemurus* dari *GenBank* yang berasal dari Malaysia dan Cina.

### c. Variasi Genetik

Terdapat 5 haplotipe yang tidak sama dan 15 situs polimorfik (*variable sites*) dengan *singleton variable sites* 10 buah dan *parsimony informative sites* sebanyak 5 buah yang ditunjukkan dari hasil analisis variasi genetik intraspecies. Kelimabelas situs polimorfik tersebut terdiri dari 9 insersi/delesi (indel), 12 transisi, dan 3 transversasi (Tabel 2). Hasil penelitian juga menunjukkan nilai  $0,756 \pm 0,130$  untuk keragaman haplotipe (Hd) dan nilai  $0,00812 \pm 0,00294$  untuk keragaman nukleotida ( $\pi$ ).

Analisis sekuen gen mitokondria 16S dengan *Median Joining Network* memperlihatkan rekonstruksi hubungan antarhaplotipe (*haplotype network*) antara sampel *H. nemurus* dari Sungai Progo dengan *H. nemurus* dari Cina, Malaysia, Vietnam, dan Thailand yang diperoleh dari *GenBank* (Gambar 4). Setiap haplotipe ditampilkan dalam bentuk lingkaran, ukuran lingkaran relatif terhadap jumlah sampel setiap haplotipe, warna diberikan sebagai penanda lokasi dari populasi sampel, dan nodes yang menandakan situs polimorfik/*mutation point* antara satu haplotipe dengan haplotipe lainnya.

Jumlah perbedaan nukleotida (*mutation point*) yang memisahkan antarhaplotipe yaitu sekitar 1 sampai 16 nukleotida. Haplotipe 4 (H\_4) dan haplotipe 2 (H\_2) yang merupakan sampel asal Thailand dipisahkan dengan 16 *mutation point*. Selanjutnya sebanyak 4 *mutation point* memisahkan antara haplotipe 3 (H\_3) dan haplotipe 2 (H\_2) dan antara haplotipe 5 (H\_5) dan haplotipe 2 (H\_2), sedangkan haplotipe 1 (H\_1) dan haplotipe 5 (H\_5) terpisahkan oleh 1 *mutation point*.

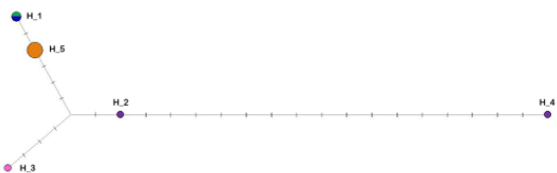
Tabel 2. Situs polimorfik sampel ikan baung (*H. nemurus*) yang berasal dari Sungai Progo, Magelang, Jawa Tengah dan ikan baung (*H. nemurus*) *GenBank* (NC044863, KJ573466, HQ257344, MG076898, dan JQ248061) dengan panjang fragmen 515 bp.

Samples	Polymorphic Sites																							
	1	1	2	2	2	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	4	4	4	4	4	4
NC044863*	G	C	G	A	C	T	-	T	G	-	-	-	T	-	C	-	-	G	-	A	G	T	G	G
KJ573466*	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
HQ257344*	A	T	A	.	T	.	.	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
MG076898*	A	T	A	G	T	C	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
JQ248061*	A	T	A	.	T	.	C	C	A	G	A	G	.	T	A	C	A	A	T	G	T	A	-	A
BGM-02	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
BGM-03	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
BGM-04	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
BGM-05	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
BGM-06	.	.	A	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.

\*Sampel dari GenBank

Tabel 3. Data haplotype pada *H. nemurus* yang berasal dari Sungai Progo, Magelang, Jawa Tengah dan *H. nemurus* GenBank (NC044863, KJ573466, HQ257344, MG076898, dan JQ248061).

Haplotype	Jumlah Sampel	Accession Number / Kode sampel	Lokasi	Author
H <sub>1</sub>	2	NC044863	Cina	Wu <i>et al.</i> , 2014 (published)
		KJ573466	Malaysia	Meganathan <i>et al.</i> , 2014 (unpublished)
H <sub>2</sub>	1	HQ257344	Thailand	Karinthanyakit dan Jondeung, 2010 (published)
H <sub>3</sub>	1	MG076898	Vietnam	Vu <i>et al.</i> , 2017 (published)
H <sub>4</sub>	1	JQ248061	Thailand	Supiwong <i>et al.</i> , 2011 (unpublished)
H <sub>5</sub>	5	BGM-02 BGM-03 BGM-04 BGM-05 BGM-06	Sungai Progo, Magelang, Jawa Tengah	Pada penelitian ini



Warna lokasi	Jumlah sampel setiap haplotype	Skala
<span style="color: orange;">●</span> Sungai Progo, Magelang, Jawa Tengah, Indonesia	H <sub>1</sub> = 2 H <sub>2</sub> = 1	5, 2, 1
<span style="color: green;">●</span> Malaysia	H <sub>3</sub> = 1	
<span style="color: blue;">●</span> China	H <sub>4</sub> = 1	
<span style="color: purple;">●</span> Thailand	H <sub>5</sub> = 5	
<span style="color: pink;">●</span> Vietnam		

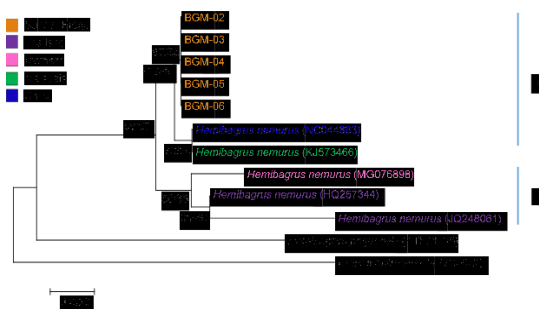
Gambar 4. *Haplotype Network* sampel ikan baung yang berasal dari Sungai Progo, Magelang, Jawa Tengah dan ikan baung GenBank (NC044863, KJ573466, HQ257344, MG076898, dan JQ248061).

#### d. Analisis Filogenetik

Rekonstruksi pohon filogeni *Neighbor Joining* (NJ) dan *Maximum Likelihood* (ML) dari 10 sampel ikan baung (*H. nemurus*) dan 2 sampel *outgroup* menunjukkan adanya pemisahan dua *clade* besar (*clade* A dan B) yang didukung nilai bootstrap 98/97 (NJ/ML) dan jarak genetik 1,54%. Pohon filogeni juga memperlihatkan

pemisahan antara haplotype yaitu pemisahan H<sub>1</sub> (NC044863 dan KJ573466), H<sub>2</sub> (HQ257344), H<sub>3</sub> (MG076898), H<sub>4</sub> (JQ248061), dan H<sub>5</sub> (BGM 02-06).

Sampel ikan baung pada penelitian ini membentuk subclade tersendiri didukung dengan jarak genetik 0,00% antara BGM 02-06. BGM termasuk dalam *clade* A didukung dengan jarak genetik 0,20% dengan sampel dari Cina dan Malaysia (Gambar 5).



Gambar 5. Rekonstruksi pohon filogeni *Neighbor Joining* (NJ) dan *Maximum Likelihood* (ML) sampel *H. nemurus* berdasarkan gen mitokondria 16S dengan model Kimura-2-Parameter dan bootstrap 1000. Angka bootstrap bagian kiri adalah NJ dan kanan adalah ML.

## B. Pembahasan

Analisis menggunakan mitokondria 16S pada intrapopulasi sampel baung dari Sungai Progo, Magelang menunjukkan bahwa tidak ditemukan adanya perbedaan komposisi nukleotida dari kelima sampel ikan baung yang diteliti. Hasil analisis tersebut menunjukkan indikasi bahwa tidak ada keragaman genetik intrapopulasi pada ikan baung yang dikoleksi dari Sungai Progo, Magelang. Hal ini disebabkan karena gen 16S bersifat lestari (conserved). Namun demikian jika ditemukan adanya perbedaan nukleotida antarsampel pada gen 16S mengindikasikan adanya keragaman genetik seperti pada ikan wader bintang-dua dari Danau Lebo Taliwang (Arisuryanti *et al.*, 2020) dan ikan tembakang dari Sungai Ogan (Arisuryanti *et al.*, 2019).

Kemungkinan penyebab tidak adanya variasi genetik pada kelima sampel ikan baung

dapat disebabkan karena ikan baung yang hidup pada habitat air tawar mempunyai tingkat migrasi yang rendah sehingga peluang untuk terjadinya kawin silang dan percampuran gen antarpopulasi semakin kecil (Arifin & Kurniasih, 2007; Akbar *et al.*, 2014). Selain itu gen *16S* yang digunakan pada penelitian ini merupakan salah satu gen yang *conserve* di mitokondria, dan memiliki laju mutasi yang rendah bahkan pada tingkat taksa yang berbeda. Namun demikian adanya perbedaan nukleotida pada gen *16S* dapat dikategorikan adanya indikasi variasi genetik (Yang, 2014).

Komposisi nukleotida dan jarak genetik intraspecies antara sampel *H. nemurus* dari GenBank dengan *H. nemurus* dari Sungai Progo yang dianalisis menunjukkan hasil adanya indikasi variasi genetik intraspecies. Indikasi ini didukung oleh hasil analisis variasi genetik intraspecies pada keragaman haplotipe ( $H_d$ ) dengan nilai sebesar  $0,756 \pm 0,130$  dan keragaman nukleotida ( $\pi$ ) dengan nilai sebesar  $0,00812 \pm 0,00294$ .

Menurut Fakhri dkk. (2015) nilai  $0,5 < H_d \leq 1$  menunjukkan keragaman haplotipe tinggi, sedangkan nilai  $0 \leq H_d < 0,5$  keragaman haplotipe rendah. Menurut Grant dan Bowen (1998), kisaran keragaman nukleotida yaitu 0,00 untuk tidak adanya perbedaan, dan  $> 0,10$  untuk tingginya keragaman nukleotida. Berdasarkan hal tersebut diketahui hasil yang diperoleh berupa nilai keragaman haplotipe tinggi dan nilai keragaman nukleotida rendah.

Nilai  $H_d$  yang tinggi dan  $\pi$  yang rendah dapat disebabkan karena populasi ikan baung baru saja terpisah satu sama lain secara genetik. Selain itu, adanya kemungkinan pertumbuhan populasi yang cepat dari populasi *ancestral* dengan ukuran populasi yang kecil (*bottleneck*), dan laju mutasi yang tidak cukup lama untuk terjadinya akumulasi perbedaan yang besar antarsekuen (Grant dan Bowen, 1998; Avise, 2000; Song *et al.*, 2014).

Jumlah perbedaan nukleotida (*mutation point*) pada analisis *haplotype network* yang memisahkan antarhaplotipe mendukung data jarak genetik 0,20% yang menandakan bahwa sampel BGM 02-06 memiliki hubungan kekerabatan yang lebih dekat dengan sampel *H. nemurus* dari Cina dan Malaysia. Haplotipe 5 ( $H_5$ ) yang merupakan haplotipe spesifik dari sampel BGM 02-06 terlihat terpisah dari

haplotipe lainnya. Hal ini didukung dengan jarak genetik dari sampel BGM 02-06 sebesar 0,00% dan juga didukung oleh pemisahan *clade* antara BGM 02-06 dengan *H. nemurus* dari GenBank pada analisis filogenetik.

Menurut Arisuryanti *et al.* (2020) satu populasi yang mempunyai haplotipe terpisah dan tidak *overlapping* dengan haplotype yang lain dapat menjadi penanda molekuler dari populasi tersebut. Hal ini menunjukkan bahwa marker molekuler sampel baung di Sungai Progo, Magelang, Jawa Tengah dapat menggunakan haplotipe spesifik.

## Kesimpulan

Hasil perhitungan analisis dari gen mitokondria *16S* diketahui bahwa tidak ditemukan adanya variasi genetik intrapopulasi *H. nemurus* dari Sungai Progo. Haplotipe spesifik yang terbentuk dari sampel *H. nemurus* di Sungai Progo dapat menjadi penanda molekuler ikan baung yang berada di Sungai Progo, Magelang, Jawa Tengah.

## Ucapan terima kasih

Terima kasih kepada Khoirun Annisa, S.Si. dan Rika Lathif Hasan, S.Si. yang telah membantu dalam pengambilan sampel ikan baung di Sungai Progo, Magelang, Jawa Tengah.

## Referensi

- Akbar, N., Zamani, N.P., & Madduppa, H.H. (2014). Keragaman genetik ikan tuna sirip kuning (*Thunnus albacares*) dari dua populasi di Laut Maluku, Indonesia. *Depik*, 3(1): 65-73. DOI: <https://doi.org/10.13170/depik.3.1.1304>.
- Arifin, O.Z. & Kurniasih, T. (2007). Variasi genetik tiga populasi ikan nila (*Oreochromis niloticus*) berdasarkan polimorfisme mt-DNA. *Jurnal Riset Akuakultur*, 2(1) : 67-75. DOI: <http://dx.doi.org/10.15578/jra.2.1.2007.67-75>.
- Arifin, O.Z., Prakoso, V.A., Suhud, E.H., & Subagja, J. (2020). Growth performance of domesticated Asian redtail catfish *Hemibagrus nemurus* Fingerlings

- Reared at Different Stocking Densities. *Indonesian Aquaculture Journal*, 15 (1) : 1-6. DOI: <http://dx.doi.org/10.15578/iaj.15.1.2020.1-6>.
- Arisuryanti, T., Agiestina, P., Fajar, I., & Firdaus, N.U.N. (2020). 16S mitochondrial sequence characterization of striped snakehead (*Channa striata* Bloch, 1793) from Ogan River, South Sumatra. *AIP Conference Proceedings*, 2260 : 020002-1–020002-8. DOI: <https://doi.org/10.1063/5.0015906>.
- Arisuryanti, T., Pratama, G.A., Hakim, L., Koentjana, J.P., & Nazira, F.K. (2019). Genetic characterization of kissing gourami (*Helostoma temminckii* Cuvier, 1829) in Ogan River, South Sumatra inferred from 16S rRNA and COI mitochondrial genes. *Indonesian Fisheries Research Journal*, 25(1): 37-44. <http://dx.doi.org/10.15578/ifrj.25.1.2019.%25p>
- Arisuryanti, T., Alfianti, A., Firdaus, N.U.N., Hakim, L. 2020. Detection of 16S mitochondrial gene polymorphism on barb fish (*Barbodes binotatus* Valenciennes, 1842) from Lake Lebo Taliwang, West Nusa Tenggara. *Jurnal Perikanan UGM*, 22(2): 123-126. <https://doi.org/10.22146/jfs.54064>
- Aryani, N. & Suharman, I. (2014). Effects of 17 $\beta$ -estradiol on the reproduction of green catfish (*Hemibagrus nemurus*, Bagridae). *Journal of Fisheries and Aquaculture*, 5 (1): 163-166. <http://www.bioinfopublication.org/jourarchive.php?opt=&jouid=BPJ0000265>
- Avise, J.C. (2000). *Phylogeography: The History and Formation of Species*. Harvard University Press, Cambridge, pp: 59-60. ISBN: 0674666380.
- Dianiputri, U. (2021). Karakterisasi Genetik Ikan Baung (*Hemibagrus nemurus Valenciennes*, 1840) dari Sungai Progo, Magelang, Jawa-Tengah Berdasarkan Gen Mitokondria 16S. Naskah Skripsi tidak dipublikasi untuk memenuhi syarat program Sarjana, Fakultas Biologi, Universitas Gadjah Mada.
- Fakhri, F., Narayani, I., & Mahardika, I.G.N.K. (2015). Keragaman genetik ikan cakalang (*Katsuwonus pelamis*) dari Kabupaten Jembrana dan Karangasem, Bali. *Jurnal Biologi*, 19(1) : 11-14. <https://ojs.unud.ac.id/index.php/BIO/article/download/16493/10782/>
- Grant, W.S. & Bowen, B.W. (1998). Shallow population histories in deep evolutionary lineages of marine fishes: insights from sardines and anchovies and lessons for conservation. *Journal of Heredity*, 89 (5) : 415-426. DOI: <https://doi.org/10.1093/jhered/89.5.415>
- Khairuman, H. & Amri, K. (2014). *Buku Pintar Bisnis Pembelian Ikan Konsumsi*. PT Gramedia Pustaka Utama, Jakarta. ISBN : 6020306747, pp: 165.
- Kottelat, M. (2013). The fishes of the inland waters of Southeast Asia: A catalogue and core bibliography of the fishes known to occur in freshwater, mangroves, and estuaries. *The Raffles Bulletin of Zoology*, 27: 1-663. <https://lkcnm.nus.edu.sg/publications/raffles-bulletin-of-zoology/supplements/4005-2/>
- Kumar S., Stecher G., Li M., Knyaz C., & Tamura K. (2018). MEGAX: Molecular Evolutionary Genetics Analysis across computing platforms. *Molecular Biology and Evolution*, 35: 1547-1549. DOI: 10.1093/molbev/msy096.
- Maddison, W.P., & Maddison, D.R. (2018). *Mesquite: a modular system for evolutionary analysis. Version 3.6*. <http://www.mesquiteproject.org> (Accessed on June 21, 2021)
- Ng, H.H. & Kottelat, M. (2013). Revision of the Asian catfish genus *Hemibagrus* Bleeker, 1862 (Teleostei: Siluriformes: Bagridae). *The Raffles Bulletin of Zoology*, 61(1): 205–291. <https://lkcnm.nus.edu.sg/wp-content/uploads/sites/10/app/uploads/2017/04/61rbz205-291.pdf>
- Nuryanto, A., Komalawati, N., Sugiharto. (2019). Genetic diversity assessment of *Hemibagrus nemurus* from rivers in Java Island, Indonesia using COI gene. *Biodiversitas* 20: 2707-2717.

- <https://doi.org/10.13057/biodiv/d200936>
- Palumbi, S.R. (1996). Nucleic Acids II : The Polymerase Chain Reaction. In : Hillis, D.M., Moritz, C., & Mable, B.K. (eds) *Molecular Systematics*. Sinauer Associates, Massachusetts, pp. 205-247. ISBN: 978-0878932825.
- Rozas, J., Ferrer-Mata, A., Sánchez-DelBarrio, J. C., Guirao-Rico, S., Librado, P., Ramos-Onsins, S. E., & Sánchez-Gracia, A. (2017). DnaSP 6: DNA Sequence Polymorphism analysis of large data sets. *Molecular Biology and Evolution*, 34(12) : 3299–3302. DOI: 10.1093/molbev/msx248.
- Song, J., Hou, F., Zhang, X., Yue, B., & Song, Z. (2014). Mitochondrial genetic diversity and population structure of a vulnerable freshwater fish, rock carp (*Procypris rabaudi*) in upper Yangtze River drainage. *Biochemical Systematics and Ecology*, 55 : 1–9. DOI: 10.1016/j.bse.2014.02.008.
- Widayanti R, Kusumaastuti, K.A, Novi, J.M, Adani, F.K, Gultom, C.R.P., Prastiti, A.D., Nugroho, H.A., Pakpahan, S. (2021). Genetic variation and phylogenetic analysis of Indonesian indigenous catfish (baung fish) based on mitochondrial *12S rRNA* gene, *Veterinary World*, 14(3): 751-757.
- Widayanti, R., Haryanto, A., Artama, W.T., Pakpahan, S. 2019. Genetic variation and phylogenetic analysis of Indonesian indigenous catfish based on mitochondrial cytochrome oxidase subunit III gene. *Veterinary World*, 12(6): 896-900.
- Widjaja, E.A., Rahayuningsih, Y., Rahajoe, J.S., Ubaidillah, R., Maryanto, I., Walujo, E.B. & Semiadi, G. (2014). *Kekinian Keragaman Hayati Indonesia*. LIPI Press, Jakarta, pp: 60-70. ISBN 9789797998011.
- Yang, L., Tan, Z., Wang, D., Xue, X., Guan, M., T., H., Li, R. (2014). Species identification through mitochondrial rRNA genetic analysis. *Scientific Reports*, 4: 4089. DOI: 10.1038/srep04089.