iii

Keanekaragaman Genetika Ikan Lais Cryptopterus spp. dari Propinsi Riau

Berdasarkan Sitokrom-b DNA Mitokondria

Yusnarti Yus<sup>1</sup> dan Roza Elvyra<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Program Studi Biologi, Fakultas MIPA, Universitas Riau, 28293

e-mail: yusnarti yus@yahoo.com

roza elvyra@yahoo.com

RINGKASAN

Ikan Lais Cryptopterus spp. biasa hidup pada ekosistem sungai rawa

banjiran. Ikan Lais merupakan salah satu ikan yang bernilai ekonomis tinggi. Di

propinsi Riau, ikan Lais digemari oleh masyarakat, apalagi kalau ikan ini sudah

diawetkan dalam bentuk salai rasanya lebih gurih dan harganya lebih mahal.

Ikan Lais merupakan salah satu potensi daerah Riau. Informasi

fundamental mengenai ikan lais sangat perlu diketahui dengan pasti, terutama

mengenai keanekaragaman genetika dan hubungan kekerabatannya. Informasi ini

dapat digali dengan teknik molekuler yang telah berkembang pesat akhir-akhir ini.

Penelitian terhadap gen sitokrom-b DNA mitokondria dapat dilakukan untuk

mempelajari keanekaragaman genetika dan hubungan kekerabatan spesies dalam

genus atau famili yang sama.

Penelitian ini bertujuan mengungkap potensi keanekaragaman genetika

dan hubungan kekerabatan antara jenis-jenis ikan Lais dari genus Cryptopterus di

propinsi Riau. Penelitian mengenai sitokrom-b DNA mitokondria ini merupakan

temuan teori yang orisinil terhadap keanekaragaman genetika ikan Lais dari

Propinsi Riau berdasarkan pendekatan molekuler. Informasi fundamental yang

iv

mendalam mengenai hal ini dapat dimanfaatkan untuk pengembangan IPTEKS terhadap sumberdaya hayati perairan tawar di Propinsi Riau.

Dalam penelitian ini, hasil isolasi DNA total dari cuplikan otot ikan Lais C. limpok dari S. Kampar (LJK) dan dari S. Indragiri (LJI); C. apogon dari S. Kampar (LPLK) dan dari S. Indragiri (LPLI) digunakan sebagai cetakan untuk amplifikasi gen sitokrom b DNA mitokondria dengan teknik PCR. Amplifikasi gen sitokrom b menggunakan primer forward (F) L14841 dan primer reverse (R) H15149. Hasil amplifikasi menghasilkan fragmen DNA mitokondria berukuran 373 pb.

Fragmen gen sitokrom-b (parsial) *Cryptopterus* spp. dari S. Kampar dan S. Indragiri Riau, dilakukan perunutannya menggunakan primer *forward* L14841 dan primer *reverse* H15149 dengan mesin perunut DNA otomatis *ABI Prism versi 3.7* (USA). Berdasarkan runutan yang diperoleh, maka dilakukan penjajaran berganda *(multiple allignment)* yang dibandingkan dengan runutan-runutan gen sitokrom-b *Cryptopterus* yang ada di *GenBank*. Runutan DNA yang diperoleh dari hasil penjajaran berganda tersebut adalah 159 nukleotida, yaitu pada posisi ke 184 sampai dengan posisi ke 342 (diacu kepada sitokrom-b utuh *C. minor (GenBank)*). Bagian runutan fragmen yang tidak terbaca yaitu 123 nukleotida dari ujung 5' primer L14841 dan 91 nukleotida dari ujung 5' primer H15149. Hasil runutan yang terdiri dari basa nukleotida gen sitokrom-b DNA mitokondria dianalisis dengan program Mega versi 3,0 untuk mendapatkan data keanekaragaman genetika dan hubungan kekerabatan antara jenis *Cryptopterus*.

Rata-rata nukleotida yang paling banyak ditemukan pada komposisi nukleotida gen sitokrom b *Cryptopterus* spp. parsial adalah nukleotida C (28,5%),

ν

diikuti oleh nukleotida T (28,3%), A (26,5%) dan rata-rata yang paling sedikit ditemukan adalah G (16,7 %). Rata-rata komposisi nukleotida A+T adalah lebih banyak (54,8%) daripada rata-rata nukleotida G+C (45,2%). Komposisi A+T paling banyak ditemukan pada C. schilbeides (GenBank) yaitu 58,4% dan paling sedikit ditemukan pada C. cryptopterus (GenBank) yaitu 51,5%. Sebaliknya komposisi G+C paling banyak pada C. cryptopterus (GenBank) yaitu 48,5% dan paling sedikit pada C. schilbeides (GenBank) yaitu 41,6%. Komposisi nukleotida yang mempunyai keragaman terbesar dari keseluruhan triplet kodon gen sitokromb parsial ikan lais Cryptopterus spp., terletak pada nukleotida ketiga. Komposisi nukleotida pada kodon kedua adalah yang paling tidak beragam.

Seratus lima puluh sembilan hasil penjajaran berganda gen sitokrom-b parsial *Cryptopterus* spp. Riau dengan *Cryptopterus* spp. (GenBank), ditranslasikan menjadi 53 asam amino, dengan 39 situs kodon penyandi yang beragam. Posisi 53 asam amino ini terletak pada posisi ke 62 sampai dengan asam amino ke 114, pada acuan asam amino hasil translasi sitokrom b utuh *C. minor* (GenBank) nomor akses AY458895. Tiga puluh sembilan situs penyandi beragam menyandikan 2 asam amino non sinonimus yaitu pada situs 80 dan 81.

Tiga puluh sembilan situs kodon penyandi yang dikategorikan sebagai situs beragam terjadi karena adanya substitusi transisi dan transversi. Dari 39 situs beragam tersebut kejadian substitusi paling sering terjadi pada basa ketiga dari triplet kodon yaitu sebanyak 34 kali; pada basa kesatu dan ketiga dari triplet kodon sebanyak 4 kali; pada basa kedua dan ketiga dari triplet kodon sebanyak 1 kali.

Nilai transisi terbesar adalah 21 nukleotida yaitu antara C. macrocephalus (GenBank) dengan C. minor (GenBank). Nilai transisi terkecil terjadi antara C.

vi

apogon Indragiri (LPLI) dengan C. apogon Kampar (LPLK) yaitu 1 nukleotida. Antara C. limpok Indragiri (LJI) dengan C. limpok Kampar (LJK); dan antara C. limpok Kampar (LJK) dengan C. limpok (GenBank) terjadi transisi sebesar 2 nukleotida. Sedangkan antara C. limpok Indragiri (LJI) dengan C. limpok (GenBank) terjadi transisi sebesar 4 nukleotida.

Nilai tranversi terbesar adalah 12 nukleotida yaitu antara C. schilbeides (GenBank) dengan C. minor (GenBank); dan antara C. schibeides (GenBank) dengan C. bicirrhis (GenBank). Nilai tranversi terkecil adalah 0 (tidak terjadi substitusi transversi nukleotida) yaitu antara C. limpok Kampar (LJK) dengan C. limpok (GenBank); dan antara C. limpok Indragiri (LJI) dengan C. limpok (GenBank). Kejadian substitusi transisi lebih banyak terjadi (rata-rata 11 nukleotida) daripada substitusi tranversi (rata-rata 5 nukleotida) pada gen sitokrom-b parsial Cryptopterus spp.

Jarak genetik yang mempunyai nilai paling besar (17%) yaitu antara C. limpok (GenBank) dengan C. minor (GenBank); antara C. macrocephalus (GenBank) dengan C. minor (GenBank); antara C. macrocephalus (GenBank) dengan C. bicirrhis (GenBank); antara C. schilbeides (GenBank) dengan C. minor (GenBank); antara C. schilbeides (GenBank) dengan C. bicirrhis (GenBank). Jarak genetik antara C. limpok Kampar (LJK) dengan C. limpok (GenBank); antara C. limpok Indragiri (LJI) dengan C. limpok Kampar (LJK); antara C. apogon Indragiri (LPLI) dengan C. apogon Kampar (LPLK) mempunyai nilai yang kecil yaitu 1%. Jarak genetik antara C. limpok Indragiri (LJI) dengan C. limpok (GenBank) mempunyai nilai 2 %.

Hasil filogram hubungan kekerabatan berdasarkan nukleotida gen sitokrom-b parsial memperlihatkan bahwa ikan lais *C. limpok* Kampar (LJK), *C. limpok* Indragiri (LJI), *C. limpok (GenBank)* membentuk kelompok hubungan kekerabatan yang didukung dengan nilai bootstrap 80%. Cryptopterus apogon Kampar dengan *C. apogon* Indragiri membentuk kelompok hubungan kekerabatan dengan nilai bootstrap 99%. Hubungan kekerabatan yang paling jauh terjadi antara kelompok *C. limpok* dengan kelompok *C. minor* dan *C. bicirrhis*.