

# KEANEKARAGAMAN GENETIKA DAN HUBUNGAN KEKERABATAN *Kryptopterus limpok* DAN *Kryptopterus apogon* DARI SUNGAI KAMPAR DAN SUNGAI INDRAGIRI RIAU BERDASARKAN GEN SITOKROM b<sup>1</sup>

(Genetic Diversity and Phylogenetic Relationship of *Kryptopterus limpok* and *Kryptopterus apogon* from Kampar and Indragiri River Based on Cytochrome b Gene)

Roza Elvyra<sup>2</sup>, Dedy Duryadi Solihin<sup>3</sup>, Ridwan Affandi<sup>4</sup>, Zairin Junior<sup>5</sup>, Yusnarti Yus<sup>2</sup>

## ABSTRAK

Penelitian mengenai penggunaan gen sitokrom b sebagai penanda genetik telah dilakukan untuk mengungkapkan keanekaragaman genetik dan hubungan kekerabatan antara *Kryptopterus* spp. di propinsi Riau yaitu terhadap *Kryptopterus limpok* dan *Kryptopterus apogon*. Primer universal (F) L14841 dan (R) H15149 telah digunakan untuk mengamplifikasi gen sitokrom b. Hasil peninjauan berganda adalah 159 nt yang mentranslasikan 53 asam amino. *Kryptopterus limpok* dari Sungai Kampar dan Indragiri membentuk kelompok hubungan kekerabatan dengan nilai *bootstrap* 80%. *Kryptopterus apogon* dari Sungai Kampar dan Indragiri membentuk kelompok hubungan kekerabatan dengan nilai *bootstrap* 99%.

**Kata kunci:** sitokrom b, *Kryptopterus limpok*, *Kryptopterus apogon*.

## ABSTRACT

The utility of cytochrome b gene as a molecular marker to obtain genetic diversity and phylogenetic relationship among *Kryptopterus* spp. consist of *Kryptopterus limpok* and *Kryptopterus apogon* from Riau Province has been studied. The universal primers of (F) L14841 and (R) H15149 were used to amplify the cytochrome b gene. The results of multiple alignment were 159 nt (coding 53 amino acids). *Kryptopterus limpok* from Kampar and Indragiri River form a phylogeny cluster at 80% bootstrap value. *Kryptopterus apogon* from Kampar and Indragiri River form a phylogeny cluster at 99% bootstrap value.

**Keywords :** cytochrome b, *Kryptopterus limpok*, *Kryptopterus apogon*.

## PENDAHULUAN

Ikan *Kryptopterus limpok* dan *K. apogon* secara alami hidup pada ekosistem sungai rawa banjir (flood plain river). Di propinsi Riau, *K. limpok* biasa disebut ikan lais janggut, sedangkan *K. apogon* disebut lais panjang lampung. Ikan ini merupakan ikan konsumsi yang bernilai ekonomis tinggi, apalagi kalau dalam bentuk ikan salai (*smoked fish*).

Ikan *K. limpok* dan *K. apogon* merupakan potensi propinsi Riau, bahkan tidak ditemukan

di propinsi yang berdekatan yaitu Sumatera Barat. Hal ini disebabkan perairan tawar di Riau umumnya dicirikan oleh warna perairan coklat tua dan pH relatif lebih rendah. Ikan *K. limpok* yang ditemukan di Sungai Kampar Kiri Riau, mampu hidup pada pH perairan rata-rata berkisar 5.5-6.0 (Elvyra 2004). Informasi fundamental mengenai *K. limpok* dan *K. apogon* sangat perlu diketahui dengan pasti, terutama mengenai keanekaragaman genetik 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 genetik spesies dalam genus atau famili yang sama, seperti penelitian yang dilakukan Wilcox *et al.* (2004) terhadap gen sitokrom b *Kryptopterus minor* dan kelompok ikan-ikan bersungut (*catfish*) lainnya. Hal ini membuka kesempatan untuk mengkaji gen si-

<sup>1</sup> Diterima 29 Juli 2008 / Disetujui 9 Februari 2009.

<sup>2</sup> Program Studi Biologi, FMIPA, Universitas Riau.

<sup>3</sup> Departemen Biologi, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Institut Pertanian Bogor, Bogor.

<sup>4</sup> Bagian Ekobiologi Perairan, Departemen Manajemen Sumberdaya Perairan, Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan, Institut Pertanian Bogor, Bogor.

<sup>5</sup> Bagian Genetika Ikan, Departemen Budidaya Perairan, Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan, Institut Pertanian Bogor, Bogor.

tokrom b *Kryptopterus* lain khususnya dari propinsi Riau, yang sampai saat ini belum diketahui. Penelitian ini bertujuan untuk mengungkap potensi keanekaragaman genetika dan hubungan kekerabatan antara *K. limpok* dan *K. apogon* dari S. Kampar dan S. Indragiri Propinsi Riau.

## METODE PENELITIAN

Contoh ikan diambil dari sungai-sungai di Propinsi Riau yaitu S. Kampar dan S. Indragiri. Identifikasi jenis ikan dilakukan dengan menggunakan kunci identifikasi Kottelat *et al.* (1993). Contoh otot ikan pada bagian ekor diambil dalam bentuk potongan kecil, dimasukkan dalam ependorf yang berisi alkohol absolut, kemudian dibawa ke laboratorium Biologi Molekuler, Pusat Studi Ilmu Hayati-Pusat Antar Universitas (PSIH-PAU), IPB, Bogor.

**Ekstraksi DNA.** Contoh otot ikan (50-100 mg) dicacah halus, dimasukkan ke dalam tabung ependorf dan ditambahkan larutan *digestion buffer* {1% (W/V) SDS; 0.5 M Tris-HCl, pH 9.0; 0.5 M EDTA, pH 8.0; 1 M NaCl; 20 mg/ml Proteinase K} sebanyak 500  $\mu$ l, selanjutnya contoh digerus sampai halus. Setelah contoh cukup halus, ditambahkan lagi larutan *digestion buffer* 250  $\mu$ l, digoyang sebentar dan diinkubasi pada inkubator dengan suhu 55°C selama semalam (Duryadi 1993).

**Purifikasi DNA.** Purifikasi DNA total mengikuti metode Sambrook *et al.* (1989) dimodifikasi Duryadi (1993), yaitu dengan penambahan fenol dan kloroform:isoamil alkohol (24:1). DNA kemudian dipresipitasi dengan alkohol absolut dan dicuci dengan alkohol 70%.

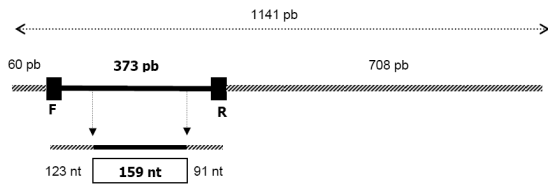
**Amplifikasi dan Perunutan Nukleotida Gen Sitokrom b DNA mitokondria.** DNA total dari hasil purifikasi digunakan sebagai DNA cetakan untuk proses amplifikasi dengan teknik PCR. Primer yang digunakan untuk mengamplifikasi gen sitokrom b adalah primer universal yang terdiri dari primer L14841 (5'AAAGCTTCCATCCAACATCTCAGCATGATGAAA3') dan H15149 (5'AAACTGCAGCCCCCTCAG AATGATATTTGTCCTCA3') (Kocher *et al.* 1989). Kondisi PCR yang digunakan adalah: *pra PCR* dengan suhu 94°C selama 5 menit, *PCR*: denaturasi dengan suhu 94°C selama 30 detik, penempelan dengan suhu 55°C selama 45 detik, pemanjangan dengan suhu 72°C selama 1 menit (sebanyak 35 siklus) dan *post PCR* de-

ngan suhu 72°C selama 5 menit (Elvyra dan Duryadi, 2007). Purifikasi hasil PCR dan perunutan nukleotida gen sitokrom b dilakukan di PT. Charoen Pokphand, Ancol, Jakarta.

**Analisis data.** Sisi homolog dari runutan basa nukleotida gen sitokrom b DNA mitokondria yang diperoleh kemudian disejajarkan (*multiple alignment*). Data pembandingan yang digunakan adalah data yang ada di *GenBank* yaitu runutan gen sitokrom b utuh *K. minor* (Nomor akses AY458895); gen sitokrom b parsial dari *GenBank* yaitu data runutan *K. Kryptopterus* (DQ119434), *K. macrocephalus* (DQ119483), *K. bichirris* (DQ119480), *K. Limpok* (DQ119431), dan *K. schilbeides* (DQ119482). Analisis keanekaragaman genetika dan hubungan kekerabatan antara *Kryptopterus* spp. berdasarkan runutan nukleotida dilakukan menggunakan program MEGA versi 3.0 (Kumar *et al.* 2004), dengan metode *Bootstrap Neighbor-Joining* 1 000 kali pengulangan.

## HASIL DAN PEMBAHASAN

Amplifikasi gen sitokrom b *K. limpok* dan *K. apogon* dari S. Kampar dan Indragiri dengan menggunakan primer *forward* (F) L14841 dan primer *reverse* (R) H15149 menghasilkan fragmen berukuran 373 pb (diacu kepada sitokrom b utuh *K. minor* (*GenBank*) nomor akses AY458895 sepanjang 1 141 pb). Fragmen gen sitokrom b (parsial) tersebut dilakukan perunutannya secara dua arah, juga dengan menggunakan primer (F) L14841 dan (R) H15149. Berdasarkan runutan yang diperoleh, maka dilakukan penjajaran berganda dengan pembandingnya adalah runutan-runutan gen sitokrom b *Kryptopterus* 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 *K. minor* (*GenBank*)). Bagian runutan fragmen yang tidak terbaca yaitu 123 nukleotida dari ujung 5' primer (F) L14841 dan 91 nukleotida dari ujung 5' primer (R) H15149 (Gambar 1). Fragmen runutan *K. limpok* dan *K. apogon* dari S. Kampar dan Indragiri ini lebih pendek, jika dibandingkan dengan runutan yang diperoleh dari hasil penjajaran berganda oleh Elvyra dan Duryadi (2007) pada *K. schilbeides* dari S. Kampar dengan menggunakan primer yang sama yaitu sepanjang 234 nukleotida.



**Gambar 1. Skema Letak Penempelan Primer (F) L14841 Dan (R) H15149 untuk Mengamplifikasi Gen Sitokrom B Parsial *Kryptopterus Limpok* dan *Kryptopterus Apogon* dari Sungai Kampar dan Indragiri Riau**

Rata-rata nukleotida T dan C lebih banyak ditemukan pada komposisi nukleotida gen sitokrom b parsial *Kryptopterus* spp. (Tabel 1) yaitu 28.6% dan 28.4%; diikuti nukleotida A (26.1%) dan rata-rata paling sedikit ditemukan adalah G (16.8 %). Rata-rata komposisi nukleotida A+T pada *Kryptopterus* spp. lebih banyak (54.8%) dari rata-rata nukleotida G+C (45.2%). Komposisi nukleotida yang mempunyai keragaman terbesar dari keseluruhan triplet kodon gen sitokrom b parsial *Kryptopterus* spp., terletak pada nukleotida ketiga. Widayanti (2006) menggunakan primer L14841 dan H15149 mendapatkan hal yang sama yaitu keragaman terbesar pada nukleotida ke 3 dari keseluruhan triplet kodon gen sitokrom b parsial *Tarsius*.

Komposisi nukleotida pada kodon kedua adalah yang paling tidak beragam, hal ini dapat dilihat pada komposisi nukleotida pada *K. Minor* (GenBank), *K. bicirrhis* (GenBank), *K. lim-*

*pok* (GenBank), *K. macrocephalus* (GenBank), *K. schilbeides* (GenBank), *K. limpok* (Kampar dan Indragiri), *K. apogon* (Kampar dan Indragiri), yaitu sama-sama mempunyai komposisi nukleotida yang terdiri dari T (31.5%), C (14.8%), A (29.6%) dan G (24.1%) (Tabel 1).

Seratus lima puluh sembilan nukleotida hasil penjarangan berganda gen sitokrom b parsial *Kryptopterus* spp. Riau dengan *Kryptopterus* spp. (GenBank) yang ditranslasikan mengikuti *vertebrate mitochondrial translation* dengan menggunakan program MEGA versi 3.0 (Kumar *et al.* 2004) menghasilkan 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 *K. minor* (GenBank).

Tiga puluh sembilan situs penyandi beragam menyandikan 37 asam amino sinonimous (nukleotida berubah, tetapi asam amino tidak berubah) dan 2 asam amino non sinonimous (nukleotida dan asam amino berubah). 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 triplet kodon sebanyak 1 kali (Tabel 2).

**Tabel 1. Komposisi Nukleotida pada Gen Sitokrom b Parsial *Kryptopterus* spp.**

	T(U)	C	A	G	A+T	G+C	T-1	C-1	A-1	G-1	T-2	C-2	A-2	G-2	T-3	C-3	A-3	G-3
1	30.4	28.0	24.2	17.4	54.6	45.4	37.0	16.7	22.2	24.1	31.5	14.8	29.6	24.1	22.6	52.8	20.8	3.8
2	30.4	28.0	24.8	16.8	55.2	44.8	37.0	16.7	22.2	24.1	31.5	14.8	29.6	24.1	22.6	52.8	22.6	1.9
3	27.3	31.7	24.2	16.8	51.5	48.5	33.3	20.4	22.2	24.1	31.5	14.8	27.8	25.9	17.0	60.4	22.6	0.0
4	26.7	29.8	25.5	18.0	52.2	47.8	33.3	20.4	22.2	24.1	31.5	14.8	29.6	24.1	15.1	54.7	24.5	5.7
5	30.4	27.3	26.1	16.1	56.5	43.4	35.2	18.5	22.2	24.1	31.5	14.8	29.6	24.1	24.5	49.1	26.4	0.0
6	31.1	24.8	27.3	16.8	58.4	41.6	33.3	18.5	24.1	24.1	31.5	14.8	29.6	24.1	28.3	41.5	28.3	1.9
7	26.7	29.8	26.7	16.8	53.4	46.6	33.3	20.4	22.2	24.1	31.5	14.8	29.6	24.1	15.1	54.7	28.3	1.9
8	27.3	29.2	27.3	16.1	54.6	45.3	33.3	20.4	22.2	24.1	31.5	14.8	29.6	24.1	17.0	52.8	30.2	0.0
9	28.0	28.0	27.3	16.8	55.3	44.8	37.0	16.7	22.2	24.1	31.5	14.8	29.6	24.1	15.1	52.8	30.2	1.9
10	28.0	28.0	28.0	16.1	56.0	44.1	37.0	16.7	22.2	24.1	31.5	14.8	29.6	24.1	15.1	52.8	32.1	0.0
<b>R</b>	<b>28.6</b>	<b>28.4</b>	26.1	16.8	<b>54.8</b>	45.2	35.0	18.5	22.4	24.1	31.5	14.8	29.4	24.3	19.2	52.5	26.6	1.7

Keterangan: 1-6 = data pembandingan dari GenBank; 1. *K. minor* (GenBank); 2. *K. bicirrhis* (GenBank); 3. *K. cryptopterus* (GenBank); 4. *K. limpok* (GenBank); 5. *K. macrocephalus* (GenBank); 6. *K. schilbeides* (GenBank); 7. *K. limpok* (Kampar); 8. *K. limpok* (Indragiri); 9. *K. apogon* (Kampar); 10. *K. apogon* (Indragiri); R. rata-rata

Kejadian substitusi transisi pada nukleotida gen sitokrom b parsial *Kryptopterus* spp. disajikan pada Tabel 2. Nilai transisi antara K.

*apogon* (Indragiri) dengan *K. apogon* (Kampar) mempunyai nilai terkecil yaitu 1 nukleotida; sedangkan antara *K. limpok* (Indragiri) dengan



<i>K. apogon</i> (Kampar)	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
<i>K. apogon</i> (Indragiri)	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
<b>Situs kodon ke</b>	39	40	41	42	43	44	45	46	47	49	50	52	53
	(100)	(101)	(102)	(103)	(104)	(105)	(106)	(107)	(108)	(110)	(111)	(113)	(114)
<i>K. minor</i> (GB)	GGC	CTC	TAC	TAT	GGC	TCC	TAC	TTA	TAT	GAA	ACC	AAT	ATT
<i>K. bicirrhis</i> (GB)	..T	...	...	...	...	...	...	...	...	...	...	...	...
<i>K. cryptopterus</i> (GB)	..T	...	...	..C	..T	...	...	C..T	..C	...	...	..C	..C
<i>K. limpok</i> (GB)	...	..T	..T	..C	...	..A	..T	C..	..C	..G	...	..C	...
<i>K. macrocephalus</i> (GB)	...	..A	...	..C	...	..A	..T	C..T	..C	...	...	..C	...
<i>K. schilbeides</i> (GB)	...	..T	...	..C	..A	..A	..T	C..	...	...	..A	...	...
<i>K. limpok</i> (Kampar)	...	..T	..T	..C	...	..A	..T	C..	..C	..G	...	..C	...
<i>K. limpok</i> (Indragiri)	...	..T	..T	..C	...	..A	..T	C..	..C	...	...	..C	...
<i>K. apogon</i> (Kampar)	...	..T	..T	...	...	..A	...	C..	..C	..G	...	..C	...
<i>K. apogon</i> (Indragiri)	...	..T	..T	...	...	..A	...	C..	..C	...	...	..C	...
<b>Situs asam amino ke</b>	39	40	41	42	43	44	45	46	47	49	50	52	53
	(100)	(101)	(102)	(103)	(104)	(105)	(106)	(107)	(108)	(110)	(111)	(113)	(114)
<i>K. minor</i> (GB)	G	L	Y	Y	G	S	Y	L	Y	E	T	N	I
<i>K. bicirrhis</i> (GB)	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
<i>K. cryptopterus</i> (GB)	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
<i>K. limpok</i> (GB)	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
<i>K. macrocephalus</i> (GB)	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
<i>K. schilbeides</i> (GB)	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
<i>K. limpok</i> (Kampar)	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
<i>K. limpok</i> (Indragiri)	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
<i>K. apogon</i> (Kampar)	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.
<i>K. apogon</i> (Indragiri)	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.	.

Keterangan: GB = data pembandingan dari GenBank; angka dalam tanda kurung ( ) = urutan situs berdasarkan runutan sitokrom b utuh *K. minor* (GenBank); tanda titik = runutan yang sama dengan *K. minor* (GenBank); **huruf tebal bergaris bawah** = perubahan non sinonimous (nukleotida berubah dan asam amino berubah); **angka tebal** = situs asam amino non sinonimous.

**Tabel 3. Substitusi transisi basa nukleotida ke 1, 2 dan 3 pada gen sitokrom b parsial *Kryptopterus* spp.**

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
[1] <i>K. minor</i> (GB)										
[2] <i>K. bicirrhis</i> (GB)		3								
[3] <i>K. cryptopterus</i> (GB)		17	14							
[4] <i>K. limpok</i> (GB)		18	17	12						
[5] <i>K. macrocephalus</i> (GB)		21	20	16	12					
[6] <i>K. schilbeides</i> (GB)		16	15	18	14	12				
[7] <i>K. limpok</i> (Kampar)		17	16	12	<b>2</b>	12	14			
[8] <i>K. limpok</i> (Indragiri)		17	16	12	<b>4</b>	10	12	<u>2</u>		
[9] <i>K. apogon</i> (Kampar)		14	13	14	8	18	17	6	8	
[10] <i>K. apogon</i> (Indragiri)		13	12	13	9	17	16	7	7	<u>1</u>

Keterangan : Rata-rata transisi = 13 nukleotida; GB = data pembandingan dari GenBank

Kejadian substitusi transversi pada nukleotida gen sitokrom b parsial *Kryptopterus* spp. disajikan pada Tabel 4. Nilai transversi terkecil adalah 0 (tidak terjadi substitusi transversi nukleotida), yaitu antara *K. limpok* (Indragiri) dengan *K. limpok* (Kampar); antara *K. apogon* (Indragiri) dengan *K. apogon* (Kampar); antara *K. limpok* (Kampar dan Indragiri) dengan *K. limpok* (GenBank).

Secara keseluruhan, kejadian substitusi transisi lebih banyak terjadi (rata-rata 13 nukleotida) daripada substitusi transversi (rata-rata 6

nukleotida) pada gen sitokrom b parsial *Kryptopterus* spp. Hal ini sesuai dengan pendapat Kocher *et al.* (1989) yang menyatakan bahwa substitusi nukleotida pada tingkat spesies sebagian besar adalah transisi. Pada gen penyandi protein, substitusi transisi adalah perubahan antara basa purin (A dengan G) atau antara basa pirimidin (C dengan T), sedangkan transversi adalah perubahan dari basa purin menjadi basa pirimidin atau sebaliknya.

Jarak genetik berdasarkan runutan nukleotida gen sitokrom b parsial (159 nt) *Kryp-*

*topterus* spp. disajikan pada Tabel 5. Jarak genetik antara *K. limpok* (Indragiri) dengan *K. limpok* (Kampar); antara *K. apogon* (Indragiri) dengan *K. apogon* (Kampar); antara *K. limpok* (Kampar) dengan *K. limpok* (GenBank) mempunyai nilai yang kecil 1%. Sedangkan nilai jarak genetik antara *K. limpok* (Indragiri) dengan *K. limpok* (GenBank) 2%. Jarak genetik

yang mempunyai nilai paling besar (17%) antara *K. limpok* (GenBank) dengan *K. minor* (GenBank); antara *K. macrocephalus* (GenBank) dengan *K. minor* (GenBank); antara *K. schilbeides* (GenBank) dengan *K. minor* (GenBank); antara *K. macrocephalus* (GenBank) dengan *K. bicirrhis* (GenBank); antara *K. schilbeides* (GenBank) dengan *K. bicirrhis* (GenBank).

**Tabel 4. Substitusi Transversi Basa ke-1, 2, dan 3 pada Gen Sitokrom B Parsial *Kryptopterus* Spp.**

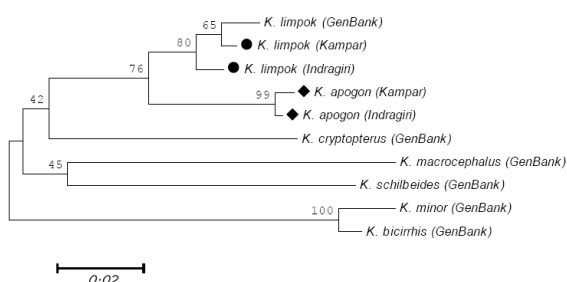
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
[1] <i>K. minor</i> (GB)										
[2] <i>K. bicirrhis</i> (GB)	0									
[3] <i>K. cryptopterus</i> (B)	9	9								
[4] <i>K. limpok</i> (GB)	9	9	4							
[5] <i>K. macrocephalus</i> (GB)	7	7	8	10						
[6] <i>K. schilbeides</i> (GB)	12	12	5	5	11					
[7] <i>K. limpok</i> (Kampar)	9	9	4	<u>0</u>	10	5				
[8] <i>K. limpok</i> (Indragiri)	9	9	4	<u>0</u>	10	5	<u>0</u>			
[9] <i>K. apogon</i> (Kampar)	8	8	5	1	9	6	1	1		
[10] <i>K. apogon</i> (Indragiri)	8	8	5	1	9	6	1	1	<u>0</u>	

Keterangan: Rata-rata transversi = 6 nukleotida; GB = data pembandingan dari GenBank

**Tabel 5. Jarak Genetik (*p*-distance) Berdasarkan Nukleotida Gen Sitokrom b Parsial *Kryptopterus* spp.**

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
[1]										
[2]	0.02									
[3]	0.16	0.14								
[4]	0.17	0.16	0.10							
[5]	0.17	0.17	0.15	0.14						
[6]	0.17	0.17	0.14	0.12	0.14					
[7]	0.16	0.16	0.10	<u>0.01</u>	0.14	0.12				
[8]	0.16	0.16	0.10	<u>0.02</u>	0.12	0.11	<u>0.01</u>			
[9]	0.14	0.13	0.12	0.06	0.17	0.14	0.04	0.06		
[10]	0.13	0.12	0.11	0.06	0.16	0.14	0.05	0.05	<u>0.01</u>	

Keterangan: 1-6 = data pembandingan dari GenBank; 1. *K. minor* (GenBank); 2. *K. bicirrhis* (GenBank); 3. *K. cryptopterus* (GenBank); 4. *K. limpok* (GenBank); 5. *K. macrocephalus* (GenBank); 6. *K. schilbeides* (GenBank); 7. *K. limpok* (Kampar); 8. *K. limpok* (Indragiri); 9. *K. apogon* (Kampar); 10. *K. apogon* (Indragiri); R. rata-rata = 0.11



**Gambar 2. Filogram Menggunakan Metode Neighbor Joining Berdasarkan Runutan Nukleotida Gen Sitokrom B Parsial *Kryptopterus* spp.**

Analisis hubungan kekerabatan dilakukan antara *K. limpok* (Kampar dan Indragiri), maupun *K. apogon* (Kampar dan Indragiri), dengan

pembandingan data *Kryptopterus* spp. (GenBank), berdasarkan runutan 159 nukleotida gen sitokrom b parsial (Gambar 2). Hasil filogram berdasarkan runutan nukleotida gen sitokrom b parsial *Kryptopterus* spp. memperlihatkan bahwa antara ikan *K. limpok* (Kampar), *K. limpok* (Indragiri) dan *K. limpok* (GenBank) membentuk kelompok hubungan kekerabatan yang didukung dengan nilai *bootstrap* mencapai 80%. Ikan *K. apogon* (Kampar) dengan *K. apogon* (Indragiri) membentuk kelompok hubungan kekerabatan dengan nilai *bootstrap* mencapai 99%. Hubungan kekerabatan ini ditunjang oleh nilai substitusi transisi dan transversi nukleotida serta jarak genetik yang kecil antara *K. limpok* (Kampar dan Indragiri) maupun *K. apogon*

(Kampar dan Indra-giri). Hubungan kekerabatan yang paling jauh terjadi antara kelompok *K. limpok* dengan kelompok *K. minor* - *K. bicirrhis* (*GenBank*); dan antara kelompok *K. macrocephalus* - *K. schilbeides* (*GenBank*) dengan kelompok *K. minor* - *K. bicirrhis* (*GenBank*).

## KESIMPULAN

Gen sitokrom b *Kryptopterus limpok* dan *Kryptopterus apogon* yang teramplifikasi dengan primer (F) L14841 dan (R) H15149 adalah sepanjang 373 pb. Hasil penjajaran berganda gen sitokrom b *Kryptopterus limpok* dan *Kryptopterus apogon* dengan pembandingan *Kryptopterus* (*GenBank*) adalah 159 nukleotida yang ditranslasikan menjadi 53 asam amino, dengan 39 situs penyandi beragam yang terdiri dari 37 situs asam amino sinonimous dan 2 asam amino non sinonimous. Ikan *Kryptopterus limpok* dari Sungai Kampar dan Indragiri propinsi Riau membentuk kelompok hubungan kekerabatan dengan nilai *bootstrap* 80%, sedangkan *Kryptopterus apogon* dari Sungai Kampar dan Indragiri membentuk kelompok hubungan kekerabatan dengan nilai *bootstrap* 99%.

## UCAPAN TERIMAKASIH

Penulis mengucapkan terimakasih kepada Proyek Peningkatan Penelitian Pendidikan Tinggi, Direktorat Jenderal Pendidikan Tinggi, Departemen Pendidikan Nasional, yang telah mendanai penelitian ini melalui Hibah Penelitian Fundamental Anggaran Tahun 2007 (No. 022/SP2H/PP/DP2M/III/2007).

## PUSTAKA

- Duryadi D. 1993. **Role Possible du Comportement dan's l'evolution de Deux Souris *Mus macedonicus* et *Mus spicilequs* en Europe Centrale**. Thesis Doctorat. France: Montpellier II, Sciences et Techniques du Languedoc.
- Elvyra R. 2000. **Beberapa aspek ekologi ikan lais *Kryptopterus limpok* (blkr.) di Sungai Kampar Kiri, Riau**. Tesis. Program Pascasarjana Universitas Andalas. Padang.
- Elvyra R dan Duryadi D. 2007. **Kajian penanda genetik gen sitokrom b ikan lais (*Kryptopterus schilbeides*) dari Sungai Kampar Riau**. *Jurnal Natur Indonesia*. 10: 6-12.
- Kocher TD, Thomas WK, Meyer A, Edwards SV, Paabo S, Villablanca FX, dan AC Wilson. 1989. **Dynamics of mitochondrial DNA evolution in animals: Amplification and sequencing with conserved primers**. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*. 86: 6196-6200.
- Kottelat M, Whitten AJ, Kartikasari SN, dan Wirdjoatmodjo S. 1993. **Freshwater fishes of Western Indonesia and Sulawesi**. Periplus Edition (HK) in Collaboration with The Environment Rep. of Indonesia. Jakarta. 291p.
- Kumar S, Tamura K, dan M. Nei. 2004. **MEGA 3.0: Integrated software for molecular evolutionary genetics analysis and sequence alignment**. *Bioinformatics* 5: 150-163.
- Widayanti R. 2006. **Kajian penanda genetik gen *Cytochrome b* dan daerah D-loop pada *Tarsius* sp.** Disertasi. Sekolah Pascasarjana Institut Pertanian Bogor.
- Wilcox TP, Garcia de Leon FJ, Hendrickson DA, dan Hillis DM. 2004. **Convergence among cave Catfishes: Long-Branch Attraction and a Bayesian Relative Rates Test**. *Molecular Phylogenetics and Evolution* 31: 1101-1113.