

STUDI KROMOSOM IKAN BAUNG (*Hemibagrus lacustrinus* NG & KOTTELAT, 2013) FAMILI BAGRIDAE DI MATUR, SUMATERA BARAT

Yuliwan Saputra^{1*)}, Dewi Imelda Roesma¹⁾, Syaifullah¹⁾
Email : *yuliwansaputra92@gmail.com

Diterima : 24 Mei 2017

Disetujui : 15 Juni 2017

ABSTRACT

Chromosomal characteristics of catfish *Hemibagrus lacustrinus*, known as Baung fish, a new species of bagrid catfish from the upriver stream of Batang Sianok, West Sumatra, that recently described by Ng and Kottelat, 2013 was examined from the gills of 5 healthy specimens using general squash method. The result showed that diploid chromosome number of this species was $2n=56$. The karyotype consisted of 28 metacentric (m), 10 submetacentric (sm), 8 subtelocentric (st) and 10 acrocentric (a) chromosomes. The chromosome formula can be represented as $2n= 28m+ 10sm+ 8st+ 10a$. The largest chromosome in this species is a pair of submetacentric chromosomes and the smallest pair is acrocentric chromosomes. The present study is the first report on the karyology of this particular species and helping to support the karyotype data of the genus *Hemibagrus*. This study will also open for several future studies to explore this species.

Keywords : Chromosome, Baung Fish, *Hemibagrus lacustrinus*, West Sumatra

PENDAHULUAN

Hemibagrus merupakan salah satu genus ikan baung dari famili *Bagridae* yang umum dijumpai di perairan sungai baik dari daerah hulu hingga ke daerah muara di Indonesia dan tersebar luas di dataran Asia dan Afrika (Kottelat and Lim, 1995). Genus ini memiliki keberagaman yang tinggi di daerah Asia Tenggara yang terdapat 32 dari 40 spesies yang telah diketahui (Ng and Ng, 1998). Pada perairan Indonesia terdapat beberapa spesies ikan baung salah satu diantaranya adalah *H. Lacustrinus* yang dideskripsikan oleh

Ng dan Kottelat (2013) hidup di perairan sungai sekitar danau Singkarak di Sumatera Barat.

Studi kromosom seperti analisis kariotipe merupakan salah satu cara yang digunakan untuk mempelajari keragaman dan hubungan kekerabatan suatu spesies. Menurut Russel (1994) masing-masing spesies memiliki kariotipe yang spesifik meliputi jumlah, ukuran, dan tipe yang bervariasi pada kromosom metafase seperti yang terlihat pada organisme eukariot yang berbeda-beda. Adanya perbedaan jumlah, ukuran dan tipe kromosom dalam suatu spesies dapat terjadi dikarenakan adanya perbedaan lokasi dan kondisi geografis dari habitat-habitat yang

¹⁾ Fakultas FMIPA, Universitas Andalas
Kampus Limau Manis, Padang

berbeda secara geografis. Hal ini merupakan komponen yang berperan penting dalam terjadinya proses spesiasi (White, 1978).

Studi kromosom dari famili *Bagridae* di Asia telah banyak dilakukan. Diketahui bahwa famili *Bagridae* memiliki keberagaman yang tinggi dalam jumlah dan bentuk kromosomnya serta diketahui mempunyai jumlah kromosom yang bervariasi antara 44-60, sedangkan khusus untuk Genus *Hemibagrus* jumlah kromosom bervariasi antara 52-58 (Arai, 2011). Karena *H. lacustrinus* yang dilaporkan Ng and Kottelat (2013) sebagai spesies baru dan berasal dari Sumatera Barat belum ada dilaporkan, maka perlu diteliti kromosomnya. Kajian tersebut diharapkan dapat memberikan informasi baru terkait informasi kromosom dari *H. lacustrinus* di perairan Sumatera Barat.

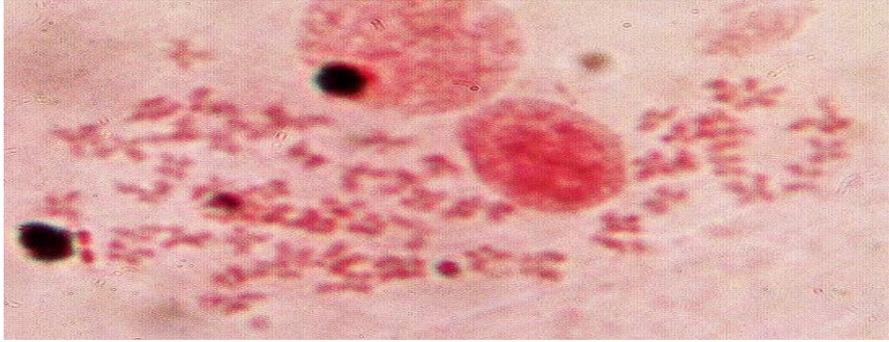
METODE PENELITIAN

Penelitian ini telah dilakukan di Laboratorium Genetika dan Biologi Sel, Jurusan Biologi, FMIPA Unand, Padang. Penelitian ini menggunakan metode deskriptif. Pengkoleksian sampel dilakukan di hulu sungai Batang Sianok, Kecamatan Matur, Kabupaten Agam mengacu pada lokasi penelitian Roesma (2011). Penangkapan ikan dilakukan oleh nelayan lokal sebanyak 5 ekor dan dibawa hidup-hidup ke laboratorium menggunakan kotak plastik yang diaerasi dengan aerator portabel. Identifikasi sampel

mengacu kepada Ng and Kottelat (2013). Pembuatan preparat kromosom mengikuti metoda *squash* oleh Sharma and Sharma (1980) dengan modifikasi. Pengamatan kromosom dilakukan pada kelompok kromosom yang tersebar baik dan difoto dengan mikroskop cahaya pada perbesaran 1000 kali. Pengukuran kromosom dilakukan dengan menggunakan program MicroMeasure Versi 3.3 dan penentuan tipe kromosom mengacu pada Levan *et al.* (1964). Penentuan pasangan kromosom dilakukan dengan cara pembuatan diagram pencar (*scatter plot*) (Ahmad *et al.*, 1983). Foto yang dihasilkan dari pemotretan preparat kromosom dipasangkan dengan pasangan homolognya dan disusun berdasarkan panjang relatif kromosom menggunakan program Adobe Photoshop CS3.

HASIL DAN PEMBAHASAN

Dari penelitian yang telah dilakukan didapatkan hasil sebanyak 7 foto sel metaphase mitosis. Berdasarkan 7 foto yang telah diamati disimpulkan bahwa jumlah kromosom untuk *H. lacustrinus* adalah $2n=56$. Jumlah ini menambah data variasi jumlah kromosom pada genus *Hemibagrus* yang beberapa telah dilaporkan dalam penelitian sebelumnya yang telah dirangkum oleh Arai (2010) yaitu *H. wyckii* $2n=54$, *H. menoda* $2n=56$, *H. nemurus* $2n=56$, *H. wyckioides* $2n=58$ dan *H. Macropterus* $2n=60$.



Gambar 1. Foto Koromosom Metafase *H. lacustrinus*

Dari data hasil penelitian tersebut dapat disimpulkan bahwa jumlah kromosom untuk genus *Hemibagrus* bervariasi dari $2n=54$ hingga $2n=60$. Singh *et al.* (2013) mengatakan bahwa kebanyakan jumlah kromosom yang ditemukan pada genus *Hemibagrus* adalah $2n=56\pm 2$ dan jumlah kromosom ini juga ditemukan pada genus *Mystus*. Hal ini menegaskan bahwa dekatnya hubungan dari kedua genus ini, apalagi sebelum genus *Hemibagrus* direvisi ulang oleh Ng and Kottelat (2013), genus *Hemibagrus* dianggap sebagai *junior* sinonim dari genus *Mystus* sehingga banyak spesies dari genus *Hemibagrus* yang dikelompokkan ke dalam genus *Mystus*. Oliveira and Gosztory (2000) menyimpulkan dekatnya hubungan antara genus *Mystus* dan *Hemibagrus* dari famili Bagridae mendukung adanya sifat konservatif dalam mempertahankan jumlah kromosom $2n=56$ yang mungkin dimiliki oleh nenek moyang semua ordo Siluriformes.

Berdasarkan Tabel 1, dapat dilihat bahwa panjang relatif kromosom *H. lacustrinus* yang terbesar adalah $2,59 \pm 0,01$ dan yang terkecil adalah $1,06 \pm 0,01$. Blommers-Schlösser (1978) menyatakan bahwa berdasarkan panjang relatif kromosom, kromosom dapat dibagi menjadi dua yang mana kromosom golongan kecil merupakan kromosom dengan panjang relatif kurang dari setengah panjang relatif kromosom terpanjang dan kromosom golongan besar merupakan kromosom dengan panjang relatif lebih dari setengah panjang relatif kromosom terpanjang. Berdasarkan tabel maka kromosom urutan 1 hingga 25 digolongkan sebagai kromosom golongan besar, sedangkan kromosom urutan 26 hingga 28 digolongkan sebagai kromosom golongan kecil. Hal ini dapat disimpulkan bahwa *H. lacustrinus* memiliki 25 pasang kromosom golongan besar dan 3 pasang kromosom golongan kecil.

Tabel 1. Nilai pengukuran kromosom dan klasifikasi kromosom *Hemibagrus lacustrinus* dari 2 sel metafase

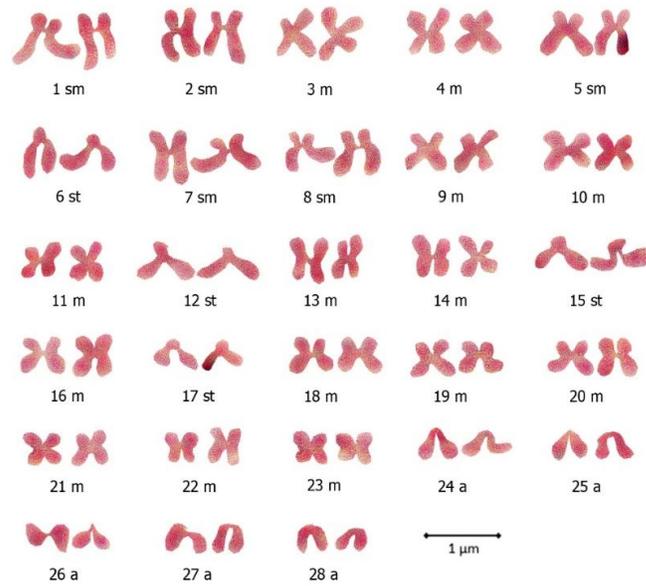
Pasangan Kromosom No.	Panjang Relatif Kromosom		Indeks Sentromer		Rasio Lengan		Tipe
1	2,59	$\pm 0,01$	32,92	$\pm 0,03$	2,13	$\pm 0,03$	sm
2	2,32	$\pm 0,03$	26,52	$\pm 0,91$	2,28	$\pm 0,07$	sm
3	2,31	$\pm 0,02$	44,96	$\pm 0,08$	1,23	$\pm 0,02$	m
4	2,11	$\pm 0,01$	46,77	$\pm 1,20$	1,20	$\pm 0,01$	m
5	2,10	$\pm 0,09$	31,96	$\pm 5,03$	2,04	$\pm 0,02$	sm
6	2,08	$\pm 0,09$	19,17	$\pm 2,50$	3,49	$\pm 0,12$	st
7	1,99	$\pm 0,26$	33,30	$\pm 0,87$	2,12	$\pm 0,03$	sm
8	1,92	$\pm 0,14$	31,51	$\pm 0,00$	2,36	$\pm 0,04$	sm
9	1,92	$\pm 0,03$	46,02	$\pm 1,52$	1,20	$\pm 0,04$	m
10	1,87	$\pm 0,06$	44,70	$\pm 0,81$	1,08	$\pm 0,01$	m
11	1,87	$\pm 0,01$	44,76	$\pm 0,20$	1,16	$\pm 0,01$	m
12	1,86	$\pm 0,02$	18,43	$\pm 1,02$	5,15	$\pm 0,22$	st
13	1,86	$\pm 0,02$	42,24	$\pm 2,38$	1,26	$\pm 0,00$	m
14	1,82	$\pm 0,04$	47,28	$\pm 2,65$	1,35	$\pm 0,06$	m
15	1,82	$\pm 0,45$	21,02	$\pm 0,32$	4,58	$\pm 0,38$	st
16	1,80	$\pm 0,05$	41,55	$\pm 1,11$	1,14	$\pm 0,01$	m
17	1,79	$\pm 0,29$	13,90	$\pm 0,13$	3,91	$\pm 0,07$	st
18	1,74	$\pm 0,06$	47,20	$\pm 0,87$	1,25	$\pm 0,02$	m
19	1,73	$\pm 0,02$	45,45	$\pm 6,38$	1,09	$\pm 0,02$	m
20	1,59	$\pm 0,07$	44,93	$\pm 2,50$	1,20	$\pm 0,00$	m
21	1,59	$\pm 0,05$	44,79	$\pm 5,04$	1,28	$\pm 0,06$	m
22	1,52	$\pm 0,08$	42,29	$\pm 3,59$	1,12	$\pm 0,05$	m
23	1,48	$\pm 0,11$	41,99	$\pm 6,03$	1,39	$\pm 0,02$	m
24	1,42	$\pm 0,02$	0,00	$\pm 0,00$	-	-	a
25	1,34	$\pm 0,01$	0,00	$\pm 0,00$	-	-	a
26	1,29	$\pm 0,01$	0,00	$\pm 0,00$	-	-	a
27	1,20	$\pm 0,01$	0,00	$\pm 0,00$	-	-	a
28	1,06	$\pm 0,01$	0,00	$\pm 0,00$	-	-	a

Ket : m = metasentrik, sm = submetasentrik, st = subtelosentrik, a = akrosentrik

Verma and Agarwal (1981) menjelaskan adanya perbedaan pada panjang relatif kromosom menunjukkan bahwa ukuran kromosom suatu spesies bervariasi namun relatif tetap. Dari data rasio lengan dan indeks sentromer pada Tabel 2, maka diketahui bahwa *H. lacustrinus* memiliki 14 pasang

kromosom metasentrik, 5 pasang kromosom submetasentrik, 4 pasang kromosom subtelosentrik, dan 5 pasang kromosom akrosentrik.

Berdasarkan panjang relatif kromosom dan tipe kromosom *H. lacustrinus*, maka didapatkan kariotipe seperti pada Gambar 2.



Gambar 2. Kariotipe *H. lacustrinus*

Berdasarkan dari data pengukuran kromosom, kariotipe dan kariogram, maka dapat disimpulkan bahwa formula kariotipe untuk *H. lacustrinus* adalah $2n=28m+10sm+8st+10a$. Dalam penelitian sebelum ini, untuk genus

Hemibagrus baru beberapa formula kariotipe yang dilaporkan, beberapa spesies *Hemibagrus* yang dirangkum oleh Arai (2010) banyak yang sebelumnya masuk kedalam genus *Mystus* seperti yang diperlihatkan pada Tabel 3.

Tabel 3. Jumlah kromosom dan formula kariotipe beberapa spesies pada genus *Hemibagrus* dan *Mystus*

Spesies	Nama Sebelumnya	2n	Formula Kariotipe	Asal
<i>Hemibagrus guttatus</i>	<i>Mystus elongatus</i>	60	20m + 12sm + 16st + 12a	China
<i>Hemibagrus macropterus</i>	<i>Mystus macropterus</i>	60	20m + 12sm + 16st + 12a	China
<i>Mystus cavasius</i>	-	58	18m + 16sm + 10st + 14a	India
<i>Mystus gulio</i>	-	58	30m + 12sm + 2st + 14a	India
<i>Hemibagrus menoda menoda</i>	<i>Mystus menoda</i>	56	36m + 16sm + 4a	India
<i>Hemibagrus nemurus</i>	<i>Mystus bleekeri</i>	56	32m + 14sm + 10a	India
<i>Hemibagrus lacustrinus</i>	<i>Hemibagrus velox</i>	56	28m+10sm+8st+10a	Penelitian Sekarang
<i>Hemibagrus wyckii</i>	<i>Mystus wyckii</i>	54	16m + 14sm + 24a	Thailand
<i>Mystus tenggara</i>	-	54	26m + 18sm/st + 10a	India
<i>Mystus vittatus</i>	-	54	22m + 26sm + 6st	India

Sumber : Arai (2011)

Tabel 3 memuat beberapa formula kariotipe dari genus *Hemibagrus* yang telah dilaporkan beserta formula kariotipe *H. lacustrinus*. Tampak adanya variasi pada kromosom baik dari segi jumlah maupun bentuk kromosom dari beberapa spesies dalam genus *Hemibagrus*. Hal ini dijelaskan oleh Nayyar (1966) bahwa pada ikan, spesies yang tergabung dalam famili yang sama, bahkan dalam satu genus sering ditemukan berbeda dalam jumlah kromosom maupun morfologinya. Selain itu dari Tabel 3 dapat dilihat bahwa pada famili Bagridae adanya kecenderungan semakin kecil jumlah kromosom maka semakin besar jumlah kromosom tipe metasentrik dan submetasentrik yang ditemukan, dan sebaliknya semakin besar jumlah kromosom ada kecendrungan semakin tingginya frekuensi ditemukan kromosom tipe subtelosentrik maupun akrosentrik. Yu and Zhou (1996) mengatakan bahwa berkurangnya jumlah kromosom yang diikuti dengan bertambahnya jumlah kromosom tipe metasentrik dan submetasentrik menyiratkan adanya fusi interspesifik sentrik atau adanya translokasi Robertsonian. Namun pada spesies *H. wyckii* dengan jumlah kromosom yang kecil juga ditemukan tingginya frekuensi kromosom tipe akrosentrik. Hal ini menyiratkan bahwa pada famili Bagridae mungkin saja tidak hanya fusi interspesifik saja yang terjadi, melainkan juga terdapatnya inversi perisentrik sebagai mekanisme pembentuk terjadinya variasi pada kromosom. Singh *et al.* Waikhom (2013) yang juga mengamati kariotipe beberapa spesies dari genus *Mystus* juga menemukan adanya perubahan

kromosom yang mungkin juga disebabkan oleh fusi Robertsonian dan inversi perisentrik. Untuk membuktikan adanya fusi Robertsonian dan inversi perisentrik dapat dilakukan diantaranya melalui pengamatan *banding* kromosom (Sena and Molina, 2007). Esmaeili, Gholami, Nazari, Gholamifard, Shahryari *et al.* (2009) menambahkan bahwa perisentrik inversi juga memiliki peran yang penting dalam proses spesiasi maupun evolusi dari keluarga *catfish*.

Variasi pada jumlah kromosom sudah lama dijelaskan oleh Robertson (1916) bahwa variasi pada jumlah kromosom terjadi karena adanya fusi pada bagian sentrik dari kromosom tipe akrosentrik. Sari (1996) menyatakan bahwa hal ini dikarenakan kromosom tipe akrosentrik merupakan kromosom yang cenderung tidak stabil dan sering ditemukan pada hewan tingkat rendah, sedangkan kromosom tipe metasentrik dan submetasentrik cenderung stabil sehingga akan sulit berubah menjadi tipe lain dan umumnya banyak ditemukan pada hewan mamalia.

Selain jumlah kromosom, variasi juga ditemukan pada susunan kariotipe. Perubahan kromosom merupakan mekanisme evolusi yang umum terjadi pada famili Bagridae (Arai, 2011). Proses perubahan kariotipe pada suatu spesies dipengaruhi oleh banyak faktor baik secara intrinsik (genomik atau kromosom) atau secara ekstrinsik (geografis). Dari kedua faktor itu, Hoffmann and Rieseberg (2008) menjelaskan adanya barrier terhadap aliran gen antar populasi merupakan faktor penting terjadinya perubahan kariotipe, sebagai contoh, suatu populasi ikan yang mengalami

inversi dalam kondisi tertentu dapat mengalami proses adaptasi terhadap lingkungan. Hal ini membuktikan adanya hubungan antara penyebaran secara geografis dan adaptasi terhadap lingkungan baru.

Fakta bahwa karakter suatu individu dikontrol oleh gen yang terletak pada kromosom dan adanya perubahan pada kromosom akan berdampak signifikan terhadap evolusi dari suatu spesies membuat studi kromosom memiliki peran yang penting dalam klasifikasi taksonomi. Walaupun studi kromosom banyak digunakan pada tumbuhan dalam mempelajari hubungan filogeni, namun pada ikan, studi sitologis masih sedikit digunakan dalam klasifikasi taksonomi (Nayyar, 1966). Ukuran kromosomnya yang kecil dan berlimpah menyebabkan sulitnya dalam mempelajari maupun mengukur kromosom ikan dibandingkan pada hewan lain seperti mamalia (Suleyman *et al.*, 2004). Selain itu, adanya variasi pada kromosom bahkan pada spesies-spesies yang sama dalam suatu famili menyebabkan terjadinya kompleksitas dalam pengklasifikasiannya (Nayyar, 1966).

KESIMPULAN DAN SARAN

Kesimpulan

Dari penelitian yang telah dilakukan didapatkan kesimpulan yaitu Jumlah kromosom diploid yaitu Jumlah kromosom diploid *Hemibagrus lacustrinus* adalah $2n=56$ dengan formula kariotipe $28m+10sm+8st+10t$.

Saran

saran dalam penelitian ini yaitu masi kurangnya informasi tentang ekologi dari ikan ini sehingga perlu dilakukan penelitian lebih lanjut tentang ekologinya

dikarenakan ikan ini endemik adanya di lokasi ini.

UCAPAN TERIMA KASIH

Penulis menyampaikan terima kasih kepada pembimbing akademik dan ketua Jurusan Biologi, FMIPA Unand atas dukungan yang telah diberikan sehingga terselsaikannya penelitian ini dengan baik.

DAFTAR PUSTAKA

- Arai, R. 2011. Fish Karyotype a check list. Japan: Springer Press
- Hoffmann A. and Rieseberg L. 2008. Revisiting the Impact of Inversions in Evolution: From Population Genetic Markers to Drivers of Adaptive Shifts and Speciation. *Annu Rev Ecol Evol Syst* 39: 21-42
- Kottelat, M. and K.K.P. Lim. 1995. *Hemibagrus hoevenii*, a valid species of Sundaic Catfish (Teleostei: Bagridae). *Malayan Nat. J.*, 49: 41-47
- Kottelat, M., H.H. Ng, and P.K.L. Ng. 1998. Notes on the Identity of *Hemibagrus elongates* (Gunther, 1864) and other East Asian species allied to *H. guttatus* (La Cepede, 1803) (Teleostei: Bagridae). *Raffles Buletin of Zoology*, 46: 565-572
- Levan, A., K.A. Fredga., and A. Sandberg. 1964. Nomenclature for Centromeric Position on Chromosomes. *Hereditas*. 52: 201-219
- Magtoon, Whician and Donsakul, Thawat. 2009. Karyotypes of Five Bagrid Catfishes (Family Bagridae): *Mystus multiradiatus*, *M. castaneus*, *M. atrifasciatus*, *Batasio*

- havmolleri* and *Sperata acicularis* from Thailand. *Kasetsart University Annual Conference, Fisheries 2009* pp. 328-336.
- Nayyar, R.P. 1966. Karyotype Studies in Thirteen Species of Fishes. *Genetica*, 37:78-2
- Ng, H.H. and Kottelat, M. 2013. Revision of the Asian Catfish Genus *Hemibagrus* Bleeker, 1862 (Teleostei: Siluriformes: Bagridae). *The Raffles Bulletin of Zoology*, 61: 205-291
- Ng, P.K.L. and H.H. Ng. 1995. *Hemibagrus gracillis*, A New Species of Large Riverine Catfish (Teleostei: Bagridae) From Peninsular Malaysia. *Raffles Bulletin of Zoology* (43): 33-142
- Sari, F.B. 1996. Kariotipe *Limnonectes* species-1 dan *Limnonectes shompenorum* dari Sumatra Barat (Dibandingkan dengan Kariotipe *Limnonectes kuhlii* dan *Limnonectes macrodon* dari Jawa Barat). Skripsi Sarjana Biologi. Institut Teknologi Bandung
- Singh, S.S., Singh C.B. and Waikhom G. 2013. Karyotype Analysis of the new catfish *Mystus ngasep* (Siluriformes: Bagridae) from Manipur, India. *Turkish Journal of Fisheries and Aquatic Sciences*, 13:179-185
- White, M.J.D. 1978. Mode of Speciation. San Fransisco: W.H. Freeman
- Yu, Q. and Zhou, R. 1996. Analyses of Genetic Diversities in Chinese Fresh-water Fishes. *Chinese Biodiversity*, 4: 1-5.
- Robertson, W.R.B. 1916. Chromosome Studies I. Taxonomic Relationship shown in the Chromosomes of Tettigidae and Acrididae. V-shaped Chromosomes and Their Significance I Acrididae, Locustidae and Gryllidae: Chromosome and Variation. *J Morph*, 27: 179-331
- Roesma, D.I. 2011. Diversitas Spesies dan Kekerbatan Genetik Ikan-Ikan *Cyprinidae* di Danau-danau dan Sungai-sungai di Sekitarnya di Kawasan Sumatera Barat. Disertasi. Universitas Andalas. Padang
- Russel, P.J. 1994. Fundamentals of Genetics. New York; Harper Collins College Publisher