

**JURNAL METAMORFOSA**  
*Journal of Biological Sciences*  
ISSN: 2302-5697  
<http://ojs.unud.ac.id/index.php/metamorfosa>

**Analisis Filogenetik *Cyprinus carpio* Ruang Lingkup Asia Timur Dan Eropa Berdasarkan Genom Mitokondria**

**Phylogenetic Analysis *Cyprinus carpio* of East Asia and Europe Based on Mitochondrial Genome**

**Erik Nanda Putra<sup>1\*</sup>, Abdul Razak<sup>2</sup>, Ramadhan Sumarmin<sup>3</sup>**

<sup>1</sup>Program Magister Pendidikan Biologi, Universitas Negeri Padang

<sup>2,3</sup>Jurusan Pendidikan Biologi, Fakultas MIPA Universitas Negeri Padang

\*Email: [eriknandaputra18@gmail.com](mailto:eriknandaputra18@gmail.com)

**INTISARI**

Ikan mas (*Cyprinus carpio* L.) adalah salah satu ikan air tawar tertua yang paling banyak dibudidayakan secara komersial di dunia. Masih banyak hubungan filogenetik yang belum ditentukan dan asal-usul garis keturunan ikan mas yang umum, yang merupakan hambatan bagi konservasi dan perkembangbiakan genetik spesies ini. Dalam proses analisis filogenetik ini peneliti menggunakan genom mitokondria dimana DNA genom diperoleh dari garis klonal haploid ganda homozigot dari strain Songpu yang didomestikasi, dan DNA genom total diekstraksi dan diurutkan menggunakan teknologi *next generation sequencing*. Dilakukan analisis filogenetik menggunakan urutan genom mitokondria lengkap dari 11 individu yang mewakili wilayah Asia Timur dan Eropa. Tujuan penelitian ini adalah memberikan informasi mengenai filogenetik ikan *Cyprinus carpio*, yang diharapkan menjadi landasan dalam meningkatkan pemahaman untuk mengetahui hubungan kekerabatan antara *Cyprinus carpio* yang ada dalam ruang lingkup Asia Timur dan Eropa. Hasil penelitian menunjukkan bahwa hubungan kekerabatan antara *Cyprinus carpio color*, *Cyprinus carpio songpu mirror carp*, *Cyprinus carpio carpio*, dan *Cyprinus carpio wuyuanensis* sangat dekat. Hal ini dapat dilihat dari nilai kekuatan percabangan (bootstrap) yaitu 100%. Sedangkan dengan *Cyprinus carpio haematopterus* memiliki nilai kekuatan percabangan (bootstrap) 70%. Sedangkan dengan *Cyprinus xingguonensis* memiliki nilai kekuatan percabangan (bootstrap) 66%. Selanjutnya, juga dapat disampaikan bahwa *Cyprinus carpio songpu mirror carp* berkerabat dekat dengan *C. carpio carpio* yang juga merupakan anggota genus *Cyprinus*. Genus *Cyprinus* memiliki hubungan yang erat dengan genus *Catla*. Pada pohon filogenetik, jenis ikan ini membentuk kelompok yang sangat koheren, didukung oleh nilai bootstrap yang tinggi yaitu 100% dan jarak genetik rata-rata 0,02.

**Kata kunci:** *Cyprinus carpio*, filogenetik, genom mitokondria,

**ABSTRACT**

Goldfish (*Cyprinus carpio* L.) is one of the oldest and most commercially farmed freshwater fish in the world. There are still many undetermined phylogenetic relationships and the origins of common goldfish lineages, which are an obstacle to the conservation and genetic reproduction of this species. In the process of phylogenetic analysis, the researchers used the mitochondrial genome in which the genomic DNA was obtained from the homozygous double haploid clonal line of the domesticated Songpu strain, and the total genomic DNA was extracted and sequenced using technology *next generation sequencing*

Phylogenetic analysis was carried out using complete mitochondrial genome sequences from 11 individuals representing the East Asia and European regions. The purpose of this research was to provide information about the phylogenetic of fish properties *Cyprinus carpio*, which are expected to be the basis for increasing understanding to determine the kinship relationship between *Cyprinus carpio* in East Asia and Europe. The results showed that the relationship between *Cyprinus carpio color*, *Cyprinus carpio songpu mirror carp*, *Cyprinus carpio carpio*, and *Cyprinus carpio wuyuanensis* were very close, this can be seen from the value of the branching strength (bootstrap), which is 100%. Meanwhile, *Cyprinus carpio haematopterus* has a value of branching strength (bootstrap) 70%. *Cyprinus xingguonensis* has a value of branching strength (bootstrap) 66%. Furthermore, it can also be said that *Cyprinus carpio songpu mirror carp* is closely related to *C. carpio carpio* which is also a member of the genus *Cyprinus*. The genus *Cyprinus* has a close relationship with the genus *Catla*. In the phylogenetic tree, this species of fish forms a very coherent group, supported by a high bootstrap value of 100% and an average genetic distance of 0.02.

**Keywords:** *Cyprinus carpio*, phylogenetics, mitochondrial genome

## PENDAHULUAN

Ikan mas merupakan jenis ikan konsumsi air tawar, berbadan memanjang pipih kesamping dan lunak. Ikan mas sudah dipelihara sejak tahun 475 sebelum masehi di Cina. Di Indonesia ikan mas mulai dipelihara sekitar tahun 1920. Ikan mas yang terdapat di Indonesia merupakan ikan mas yang dibawa dari Cina, Eropa, Taiwan dan Jepang. Ikan mas Puntan dan Majalaya merupakan hasil seleksi di Indonesia. Ikan mas Puntan pertama kali dikembangkan di Desa Puntan, Malang, Jawa Timur sedangkan Ikan mas Majalaya dikembangkan pertama kali di daerah Majalaya, Kabupaten Bandung, Jawa Barat (TTG Budidaya Perikanan, 2000).

Ikan mas (*Cyprinus carpio* L.) adalah ikan air tawar tersebar luas yang berasal dari Eurasia. Ikan mas memiliki sejarah budidaya dan domestikasi beberapa ribu tahun dan telah menjadi salah satu ikan akuarium yang paling penting dan populer untuk dimakan, terdiri dari sejumlah besar strain diseluruh dunia (Zhou *et al.*, 2003b).

Isolasi geografis jangka panjang, seleksi, dan pemuliaan yang terjadi menyebabkan ikan mas mengalami perkembangan bentuk tubuh yang berbeda, warna kulit, pola skala, ukuran tubuh, tingkat pertumbuhan, dan toleransi stres fenotipe untuk beradaptasi dengan berbagai lingkungan, sehingga menyediakan plasma nutfah yang melimpah untuk genetik lebih lanjut. Cina memiliki jumlah populasi ikan mas terbesar dan memiliki spesies terbanyak di dunia. Spesies

yang terkenal di Cina yaitu ikan mas merah *Hebao* (HB), ikan mas merah *Xingguo* (XC), ikan mas warna *Oujiang* (OJ), dan ikan mas cermin Songpu (SP). Pemuliaan hibrida intensif ikan mas dilakukan selama setengah abad terakhir di Cina, yang menghasilkan banyak galur hibrida. Ikan mas *Jian* (JC) adalah salah satu galur hibrida tersukses dan telah memberikan kontribusi yang signifikan terhadap pertumbuhan cepat ikan mas. Namun, akuakultur spesies hibrida telah menyebabkan dampak merugikan yang signifikan. Perbanyakan produksi dan pelepasan hibrida keperairan alami telah mengubah profil genetik banyak populasi liar dan telah menyebabkan konsekuensi serius dalam pengelolaan, konservasi, dan pemuliaan.

Berdasarkan hal tersebut, perlu dilakukan analisis melalui kajian pustaka terkait hubungan filogenetik *Cyprinus carpio* dari Asia Timur dan *Cyprinus carpio* dari Eropa ini. Tujuan penelitian ini adalah untuk memberikan informasi mengenai filogenetik ikan *Cyprinus carpio*, yang diharapkan dapat menjadi landasan dalam meningkatkan pemahaman untuk mengetahui hubungan kekerabatan antara *Cyprinus carpio* yang ada dalam ruang lingkup Asia Timur dan Eropa.

## BAHAN DAN METODE

Penelitian ini menelaah 22 artikel yang berkaitan dengan filogenetik *Cyprinus carpio* yang ada diberbagai negara di dunia khusus ruang lingkup Asia Timur dan Eropa. Data dari

berbagai literatur ini digunakan untuk memberikan informasi terkait hubungan kekerabatan antara ikan mas (*Cyprinus carpio*) dengan *Cyprinus carpio* dinegara lain yang masih termasuk dalam kelas Cyprinidae.

Penelitian ini menggunakan pendekatan deskriptif kualitatif. Analisis dilakukan dengan menggunakan perangkat lunak MEGA6. Beberapa penyelarasan dari 11 urutan genom mitokondria dilakukan dengan menggunakan *Clustal W* dengan pengaturan default (Thompson *et al.*, 1994). Pohon filogenetik dari *maximum likelihood* direkonstruksi menggunakan MEGA6, (Tamura *et al.*, 2013).

## HASIL

Ikan mas (*Cyprinus carpio* L.) adalah salah satu ikan air tawar tertua yang paling banyak dibudidayakan secara komersial di Dunia. Namun, masih banyak hubungan filogenetik yang belum ditentukan dan asal-usul garis keturunan ikan mas yang umum, yang merupakan hambatan bagi konservasi. Analisis filogenetik menggunakan alat molekuler MEGA6 ini sangat membantu untuk membedakan asal spesies, memahami dan memperjelas sejarah evolusinya, dan menyediakan dasar genetik untuk pemuliaan selektif (Tamura *et al.*, 2013).

Dalam studi ini, dianalisis hubungan kekerabatan ikan mas yang banyak ditemui di Asia Timur dengan ikan mas yang ditemui di Eropa dimana ditemukan bahwa ikan mas yang terdapat di Indonesia merupakan ikan mas yang dibawa dari Cina, Eropa, Taiwan dan Jepang (Wang *et al.*, 2010). Ikan mas Punten dan Majalaya merupakan hasil seleksi di Indonesia (TTG

Budidaya Perikanan, 2000). Berdasarkan penjelasan tersebut dapat disimpulkan bahwa ikan mas ini tersebar luas dan berasal dari Eurasia.

Analisis filogenetik adalah pendekatan yang banyak digunakan untuk melindungi dan melestarikan plasma nutfah dan digunakan untuk memperjelas hubungan filogenetik dan mengungkap riwayat perkembangbiakan populasi dan strain yang tidak jelas. Studi filogenetik bermanfaat bagi pemuliaan genetik dan upaya konservasi plasma nutfah. Dalam

proses analisis filogenetik ini digunakan genom mitokondria DNA diperoleh dari garis klonal haploid ganda homozigot dari strain *Songpu* yang didomestikasi dan DNA genom total diekstraksi dan diurutkan menggunakan teknologi NGS (next generation sequencing) (Xu *et al.*, 2014). Bacaan mentah genom, yang diurutkan oleh Illumina HiSeq 2000 di unduh dari NCBI (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/sra/>). Data sekuens kemudian diseleksi dan dibentuk menjadi genom mitokondria lengkap dengan CLC Genomic Workbench v3. 6 (2010) dalam (Huang & Wang, 2016).

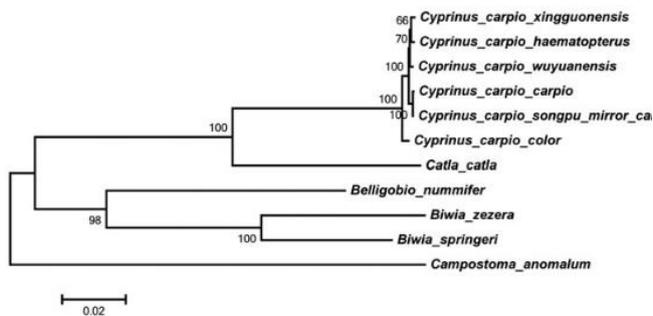
Anotasi genom dilakukan dengan Dual Organellar Genome Annotator (<http://dogma.cccb.utexas.edu>). Dipilih parameter default untuk memprediksi gen pengkode protein (PCG), gen RNA transfer (tRNA) dengan RNA ribosom (rRNA) (Wyman *et al.*, 2004). Urutan genom lengkap dengan semua gen yang dianotasi diserahkan ke GenBank dengan nomor akses KU050703. Untuk mendapatkan hubungan filogenetik antara ikan mas cermin songpu (*Cyprinus carpio mirror carp*) dengan spesies lain. Digunakan 11 genom mitokondria untuk analisis filogenetik. Urutan genom mitokondria lengkap dengan 10 spesies lain tersedia dan diunduh dari GenBank. Untuk nama spesies dan nomor akses GenBank dapat dilihat pada Tabel 1.

**Tabel 1.** Nama Spesies dan Nomor Akses GenBank

Nama Spesies	Nomor Akses GenBank
<i>Cyprinus carpio color</i>	NC_018366.1
<i>Cyprinus carpio songpu mirror carp</i>	NC_031808.1
<i>Cyprinus carpio carpio</i>	NC_018035.1
<i>Cyprinus carpio wuyuanensis</i>	NC_018039.1
<i>Cyprinus carpio haematopterus</i>	NC_018037.1
<i>Cyprinus xingguonensis</i>	NC_018036.1
<i>Catla catla</i>	NC_016892.1
<i>Belligobio nummifer</i>	NC_023975.1
<i>Biwia zezera</i>	NC_008324.1
<i>Biwia Springeri</i>	NC_022188.1
<i>Campostoma anomalum</i>	NC_008102.1

Sumber: (Wang *et al.*, 2013).

Berdasarkan analisis filogenetik didapatkan hasil yang ditampilkan pada Gambar 1.



Gambar 1. Filogeni ikan mas (*Cyprinus carpio*) berdasarkan genom mitokondria lengkap oleh MEGA6 (Huang & Wang, 2016)

## PEMBAHASAN

Urutan mitogenom lengkap ikan mas cermin Songpu adalah 16.582 bp, terdiri dari 13 PCG, 22 gen tRNA, dua gen rRNA (gen 12S rRNA dan 16S rRNA), dan satu wilayah kendali. Semua PCG kecuali cotinamide adenine dinucleotide (NADH) dehydrogenase sub unit 6 dikodekan pada *Heavy strand*. Seluruh komposisi dasar genom diperkirakan 31,9% A, 27,5% C, 15,7% G dan 24,9% T, yang mirip dengan banyak genom mitokondria teleost lainnya dengan bias A / T (Huang & Wang., 2016). Wilayah kontrol diduga terletak diantara tRNA Pro dan tRNA Phe dengan panjang 927 bp.

Berdasarkan Gambar 1 dapat dilihat bahwa *C. carpio mirror carp* berkerabat dekat dengan *C. carpio carpio* yang juga merupakan anggota genus *Cyprinus*. Genus *Cyprinus* memiliki hubungan yang erat dengan genus *Catla*. Genus *Catla* merupakan ikan mas yang terdapat di Asia Selatan dan termasuk dalam famili *cyprinidae* (Huang & Wang, 2016).

Hasil analisis filogenetik menunjukkan bahwa hubungan kekerabatan antara *Cyprinus carpio color*, *Cyprinus carpio songpu mirror carp*, *Cyprinus carpio carpio*, dan *Cyprinus carpio wuyuanensis* sangat dekat hal ini dapat dilihat dari nilai bootstrap yaitu 100%. Sedangkan dengan *Cyprinus carpio*

*haematopterus* memiliki nilai bootstrap 70%. Sedangkan dengan *Cyprinus xingguonensis* memiliki nilai bootstrap 66%.

Namun berdasarkan data tersebut juga didapatkan informasi bahwa ikan mas cermin Songpu berkerabat dekat dengan *C. carpio* yang juga merupakan anggota genus *Cyprinus*. Genus *Cyprinus* memiliki hubungan yang erat dengan genus *Catla* (Huang & Wang, 2016).

Pada pohon filogenetik, jenis ikan ini membentuk kelompok yang sangat koheren, didukung oleh nilai bootstrap yang tinggi yaitu 100% dengan skala/jarak genetik 0,02.

Jika urutan nukleotida atau protein dari dua organisme yang berbeda memiliki kesamaan genetik, maka urutan tersebut dianggap berasal dari urutan nenek moyang yang sama. Urutan penyelarasan akan menunjukkan posisi urutan yang tidak berubah/lestari dan posisi yang berbeda atau berkembang akan menjadi berbeda dari nenek moyang yang sama (Mount, 2001).

Beberapa penelitian telah memberikan wawasan tentang hubungan filogenetik antara strain tertentu ikan mas dan populasi liar (Dong, 2015). Dilihat dari penelitian tersebut menunjukkan bahwa semua populasi ikan mas merupakan sub spesies Eropa dan Asia Timur. Diferensiasi genetik menjadi dua sub spesies *Cyprinus carpio* di Eropa dan *Cyprinus carpio haematopterus* di Asia Timur terbukti jelas, dan keberadaan sub spesies ketiga (*C. carpio rubrofuscus*) yang mungkin telah menyimpang dari *C. carpio haematopterus* di Cina (Kohlmann dan Kersten 2013; Zhou *et al.*, 2004 a).

Hasil pohon filogenetik dengan menggunakan urutan genom mitokondria ini menggambarkan bahwa ikan mas (*Cyprinus carpio*) memiliki kesamaan moyang berdasarkan urutan genom mitokondria di NCBI pada beberapa spesies. Pohon filogenetik membentuk klade sederhana yang terdiri dari *Cyprinus xingguonensis*, *Cyprinus carpio haematopterus*, *Cyprinus carpio wuyuanensis*, *Cyprinus carpio carpio*, *Cyprinus carpio songpu mirror carp*, *Cyprinus carpio color*, *Catla catla*, *Belligobio nummifer*, *Biwia zezera*, *B. Springeri*, dan *Campostoma anomalum*. Klade adalah kelompok dari satu taksonomi dari nenek

moyang dan leluhur yang sama, dari genus dan dalam satu spesies (Hartl, 2000).

Genom mitokondria biasanya memiliki laju evolusi yang lebih cepat dari pada genom inti. Umumnya, laju 2% perjuta tahun telah dihitung untuk gen Cytb pada beberapa spesies ikan bertulang, (Wu *et al.*, 2013).

## KESIMPULAN

Berdasarkan analisis filogenetik dapat disimpulkan bahwa hubungan kekerabatan antara *Cyprinus carpio color*, *Cyprinus carpio songpu mirror carp*, *Cyprinus carpio carpio*, dan *Cyprinus carpio wuyuanensis* sangat dekat. Sedangkan dengan *Cyprinus carpio haematopterus* dan *Cyprinus xingguonensis* dekat. Selanjutnya, *Cyprinus carpio songpu mirror carp* berkerabat dekat dengan *C. carpio carpio* yang juga merupakan anggota genus *Cyprinus*. Genus *Cyprinus* memiliki hubungan yang erat dengan genus *Catla*. Pada pohon filogenetik menunjukkan jarak genetik rata-rata 0,02.

## UCAPAN TERIMAKASIH

Terimakasih kepada teman-teman yang memberikan dukungan dan bantuan selama penulisan ini.

## DAFTAR PUSTAKA

- Dong, C., J. Xu, W. Baosen, J. Feng, Z. Jeney, S. Xiaowen, and X. Peng. 2015. Phylogeny and Evolution of Multiple Common Carp (*Cyprinus carpio* L.) Populations Clarified by Phylogenetic Analysis Based on Complete Mitochondrial Genomes. *Mar Biotechnol* 17: 565–575. DOI 10.1007/s10126-015-9639-7.
- Hartl, D. 2000. Primer Genetika Populasi. Edisi ke-3. Sinauer Associates. Sunderland: Sunderland, Inc.
- Kohlmann & Kersten,. 2013. Deeper insight into the origin and spread of European common carp (*Cyprinus carpio carpio*) based on mitochondrial ID-loop sequence polymorphisms. *Aquaculture* 376: 97–104. doi:10.1016/j.aquaculture.2012.11.006.
- Mount, D. 2001. Phylogenetic prediction. In: Bioinformatic, Sequence and Genome Analysis. ColdSpring Harbor laboratory. New York: New York Press.
- Huang, Q., Z. Wang. 2016. The complete mitochondrial genome of the Songpu mirror carp, *Cyprinus carpio* Mitochondrial DNA B Resources 1(1): 116-117
- Tamura, K., G. Stecher, D. Peterson, A. Filipski, S. Kumar. 2013. MEGA6: molecular evolutionary genetics analysis version 6.0. *Mol. Biol. Evol.* 30: 2725–2729.
- Thompson, J.D., D.G. Higgins, T.J. Gibson. 1994. Clustal-W: improving the sensitivity of progressive multiple sequence alignment through sequence weighting, position-specific gap penalties and weight matrix choice. *Nucleic Acids Res.* 22: 4673–4680.
- TTG Budidaya Perikanan. 2000. Proyek Pengembangan Ekonomi Masyarakat Pedesaan, Bappenas.
- Wang, B., Ji P, J. Wang, J. Sun, C. Wang, P. Xu, X. Sun. 2013. The complete mitochondrial genome of the Oujiang color carp, *Cyprinus carpio* var. color (Cypriniformes, Cyprinidae). *Mitochondrial DNA.* 24:19–21.
- Xu, P., X. Zhang, X. Wang, J. Li, G. Liu, Y. Kuang, J. Xu, X. Zheng, L. Ren, G. Wang. 2014. Genome sequence and genetic diversity of the common carp, *Cyprinus carpio*. *Nat Genet.* 46: 1212–1219.
- Wu, X.Y., J. Luo, S. Huang, Z.M. Chen, H. Xiao, Y.P. Zhang. 2013. Molecular phylogeography and evolutionary history of *Poropuntius huangchuchieni* (Cyprinidae) in Southwest China. *PLoS One* 8. doi:10.1371/journal.pone.0079975.
- Wyman, S.K., R.K. Jansen, J.L. Boore. 2004. Automatic annotation of organellar genomes with DOGMA. *Bioinformatics* 20:3252–3255.
- Zhou, J.F., Q.J. Wu, Y.Z. Ye, J.G. Tong. 2003b. Genetic divergence between *Cyprinus carpio carpio* and *Cyprinus carpio haematopterus* as assessed by mitochondrial DNA analysis, with

emphasis on origin of European domestic  
carp. *Genetica* 119: 93–97.  
doi:10.1023/A:10244210 01015.