

PENANDA GENETIK PADA SPESIES-SPESIES IKAN SUNGAI  
TERPILIH DARI TAMAN NEGARA KUALA KOH, KELANTAN  
MENGGUNAKAN TEKNIK RAPD-PCR

NURAZIAWATI BINTI MAT YAZIK

FAKULTI SAINS DAN TEKNOLOGI  
UNIVERSITI PUTRA MALAYSIA TERENGGANU  
TERENGGANU  
2000/2001

1100024499

LP 11 FST 3 2001



1100024499

Penanda genetik pada spesies-spesies ikan sungai terpilih dari Taman Negara Kuala Koh, Kelantan menggunakan teknik RAPD-PCR / Nuraziawati binti Mat Yazik.



1100024499

PERPUSTAKAAN			
KOLEJ UNIVERSITI SAINS & TEKNOLOGI MALAYSIA (KUSTEM)			
Pengarang Nuraziawati Mat Yazik		No. Panggilan cln 888	
Judul			
Tarikh	Waktu Pemulangan	Nombor Ahli	Tanda tangan
6/12/04	3/30 pm	UK 7228	[Signature]
07/12/04		UK 7228	[Signature]
14/12/04	6/30 pm	UK 7228	[Signature]

LP  
11  
FST  
3  
2001

6/12/04

LP  
11  
FST  
3  
2001

**PENANDA GENETIK PADA SPESIES-SPESIES IKAN SUNGAI TERPILIH  
DARI TAMAN NEGARA KUALA KOH, KELANTAN MENGGUNAKAN  
TEKNIK RAPD-PCR**

Oleh

**NURAZIAWATI BINTI MAT YAZIK**

Laporan Projek ini merupakan sebahagian daripada keperluan untuk mendapatkan  
Ijazah Baccelor Sains (Kepujian) Biologi

Fakulti Sains dan Teknologi

UNIVERSITI PUTRA MALAYSIA TERENGGANU

TERENGGANU

2000/2001

1100024499

Laporan projek ini hendaklah dirujuk sebagai:

Azia, M.Y. 2001. Penanda genetik pada spesies-spesies ikan sungai terpilih dari Taman Negara Kuala Koh, Kelantan menggunakan teknik RAPD-PCR. Laporan Projek, Bacelor Sains (Kepujian) Biologi, Fakulti Sains dan Teknologi, Universiti Putra Malaysia Terengganu, Terengganu.

Tidak dibenarkan mengeluarkan mana-mana bahagian dan kandungan laporan ini dalam apa jua bentuk dan dengan apa cara pun sama ada secara elektronik, fotokopi, mekanik, rakaman atau cara lain sebelum mendapat izin bertulis daripada penulis atau Penyelia Utama penulis tersebut.

## PENGHARGAAN

\*\*\*\*\*

Dengan Nama Allah Yang Maha Pemurah Lagi Maha Pengasih,

Syukur kepada Allah s.w.t kerana dengan limpah kuniannya, projek ini dapat disiapkan dalam masa yang ditetapkan.

Pertama sekali saya ingin memberikan penghargaan dan jutaan terima kasih kepada penyelia utama projek ini iaitu Prof. Dr. Lokman Shamsudin di atas segala kepercayaan, dorongan, nasihat yang berharga, panduan, bantuan dan tunjuk ajar yang telah diberikan selama ini.

Penghargaan dan terima kasih juga ditujukan kepada penyelia kedua projek ini iaitu Dr. Nakisah Mat Amin di atas segala sokongan, nasihat yang amat bererti, panduan, bantuan dan tunjuk ajar yang tidak terhingga. Terima kasih kepada Prof. Madya Dr. Awang Soh di atas keyakinan, nasihat, bantuan dan sokongannya, begitu juga kepada Dr. Siti Aishah, Dr. Effendy, Dr. Sayed dan semua pensyarah-pensyarah di UPMT/KUT.

Terima kasih yang tidak terhingga kepada Andi Parerengi, Encik Shahreza, Kak Asma, Kak Wan Bayani, Awie, Kak Faridah, Man, Apai, Puan Kartini, Cik Azna, Cik Faridah, Abang Adi, Encik Joe, Kak Su, Aya, Kak Ti, Kak Mah, Da, Kak Nani, Watie, Ani, Ena, Seha, Kak Niza, Mat, Cindy, A-Teck, Kak G, Sharol, Nazlin, Rostam, Syarikat Fikrah Engineering, Bio Syntech, rakan-rakan dan semua yang telah membantu dalam menyiapkan projek ini.

## ABSTRAK

Buat keluarga yang tercinta, salam penuh kasih sayang dan terima kasih kepada abah, ma, Ila, Lili, Cini dan Arief kerana nasihat, bantuan, kasih sayang dan dorongan yang tidak pernah padam. Kepada mak su Nor, pak su, Mak ngah dan Pak ngah diucapkan terima kasih di atas segala sokongan, bantuan dan nasihat yang amat berguna.

## ABSTRAK

Tujuan utama kajian ini adalah untuk mencari keadaan yang optimum bagi penanda genetik (DNA) spesies-spesies ikan sungai melalui teknik RAPD-PCR. Teknik ini juga digunakan untuk mengesan polimorfisme DNA antara individu-individu dalam setiap spesies ikan yang dikaji. Dua primer (OPA-07 dan OPA-09) dipilih daripada ujian pengskrinan 20 primer RAPD terhadap *Tylognathus caudimaculatus*. Di antara parameter yang dikaji adalah kepekatan genomik DNA,  $MgCl_2$ , 'taq DNA polymerase', campuran dNTP dan primer (OPA-07 dan OPA-09), suhu penyepuhan dan bilangan kitaran PCR. Hasil kajian menunjukkan bahawa kepekatan optimum genomik DNA,  $MgCl_2$ , 'taq DNA polymerase', campuran dNTP dan primer adalah masing-masing 50 ng, 3.5 mM, 2.5 unit, 0.6 mM, dan 0.8  $\mu M$  manakala suhu penyepuhan dan bilangan kitaran yang optimum adalah 36°C dan 45 kitaran masing-masing. Melalui teknik RAPD-PCR yang telah dioptimumkan ini, spesies ikan dan primer (OPA-07 dan OPA-09) yang berbeza serta individu dalam setiap spesies ikan yang digunakan membentuk jalur RAPD yang berbeza. Perbezaan dalam jalur RAPD bagi individu dalam setiap spesies memperlihatkan kejadian polimorfisme di antara individu tersebut. Primer-primer yang digunakan menghasilkan bilangan fragmen di antara 3-10 fragmen dengan saiz di antara 280-2500 bp. Keputusan kajian ini menunjukkan bahawa julat paras jarak genetik adalah luas iaitu di antara 0.111 sehingga 0.815 yang menunjukkan kepelbagaian dalam polimorfisme bagi sesuatu spesies ikan yang dikaji.

## ABSTRACT

The objective of this study was to find the optimal conditions for genetic markers (DNA) in freshwater fish species via PCR-RAPD technique. This technique was also employed to detect polymorphism of DNA between individuals in each species. Two primers (OPA-07 and OPA-09) were chosen from the pre-screening of 20 RAPD primers to *Tylognathus caudimaculatus*. Variation in concentration of genomic DNA, MgCl<sub>2</sub>, taq DNA polymerase, dNTP mix, primer, annealing temperature and numbers of PCR cycle. The result of this study indicated that the optimal concentration of the genomic DNA, MgCl<sub>2</sub>, taq DNA polymerase, dNTP mix and the primer were 50 ng, 3.5 mM, 2.5 units, 0.6 mM, and 0.8 μM respectively, meanwhile the optimum of the annealing temperature and the number of PCR cycle were 36°C and 45 cycles respectively. Using the optimized PCR-RAPD technique, different species and primers (OPA-07 and OPA-09) generated the different RAPD patterns or bands. The different patterns in RAPD bands within individuals in each species was to indicate the occurrence of polymorphism. The primers (OPA-07 and OPA-09) have generated about 3-10 fragments within the size range of 280-2500 bp. The result showed a wide range in the level of genetic distance (0.111 to 0.815) and thus showing variability in polymorphism.