

Abstract of thesis presented to the Senate of Universiti Malaysia Terengganu in fulfilment of the requirement for the degree of Master of Science

**GENETIC DIVERSITY OF MALAYSIAN GOLDEN AROWANA
BROODSTOCK (*Scleropages formosus*) AT BUKIT MERAH, PERAK
INFERRED BY MITOCHONDRIAL AND NUCLEAR RAPD MARKER**

ZAKIRAH BINTI TARMIZI

MARCH 2024

Main Supervisor : Shahreza Md Sheriff, Ph.D

Co-supervisor : Tun Nurul Aimi Mat Jaafar, Ph.D

School/Institute : Faculty of Fisheries and Food Science

Malaysian golden arowana is among the commercial ornamental aquaculture species in Malaysia. However, there is still limited data on Malaysian golden arowana molecular research in Malaysia. Therefore, this study examined the genetic diversity and genetic structure of 96 broodstock samples from three farms in Bukit Merah, Malaysia using multilocus mitochondrial DNA cytochrome b (mtDNA Cytb) and two nuclear RAPD markers markers. A total of 768-bp length of partial Cytb gene was obtained from each sample. All farms showed high haplotype diversity ($h = 0.742$ to 0.964) with low nucleotide diversity ($\pi = 0.00151$ to 0.00371). Finding from RAPD also support and concordant with the Cytb gene. All farms also exhibited low level of genetic diversity based on total genetic diversity ($H_t = 0.3466$), intra-population genetic diversity ($H_s = 0.3032$), and inter-population genetic diversity ($G_{st} = 0.1251$), indicating that only 12.51% with 87.49% of genetic variability found

between and within populations respectively. Generally, all analyses in Cytb and RAPD showed the absence of population structure with high gene flow. AMOVA analysis of Cytb gene and RAPD revealed more than 85% with less than 15% variation within and among the farms respectively. MSN also showed sharing of haplotypes across the farms, and a "star-like" haplotype network indicated signature of population expansion. UPGMA dendrogram illustrated the population separated into two main clusters of Farm 1 with Farm 3 and Farm 2. Low level of genetic diversity and absence of genetic structure were presumed due to the limited number of broodstock present in farms and broodstock may descended from the same origin. Therefore, these results suggested that future studies should introduce broodstock from the other hatcheries or from wild habitat to gain greater insights. This study also highlights the importance of combining mitochondrial and nuclear markers with different modes of inheritance and degrees of polymorphisms to enhance the understanding of stock management and breeding programmes of Malaysian golden arowana especially in the Bukit Merah breeding zone area, which aims to preserve and manage fishing resources as well as develop artificial selection programmes.

Abstrak tesis yang dikemukakan kepada Senat Universiti Malaysia Terengganu
sebagai memenuhi keperluan untuk Ijazah Sarjana Sains

**KEPELBAGAIAN GENETIK KE ATAS INDUK AROWANA EMAS
MALAYSIA (*Scleropages formosus*) DI BUKIT MERAH, PERAK
MENGUNAKAN PENANDA MITOKONDRIA DAN NUKLEAR RAPD**

ZAKIRAH BINTI TARMIZI

MAC 2024

Penyelia utama : **Shahreza Md Sheriff, Ph.D**

Penyelia bersama : **Tun Nurul Aimi Mat Jaafar, Ph.D**

Pusat Pengajian/Institut : **Fakulti Perikanan dan Sains Makanan**

Ikan arowana emas Malaysia adalah antara ikan hiasan akuakultur komersial yang penting di Malaysia. Walau bagaimanapun, penyelidikan ikan arowana emas menggunakan pendekatan molekul masih terhad di Malaysia. Justeru, kajian ini dijalankan untuk mengkaji kepelbagaian genetik dan struktur genetik 96 sampel induk berdasarkan tiga ladang berbeza di Bukit Merah, Malaysia menggunakan multilokus mitokondria DNA cytochrome b (mtDNA Cytb) dan dua lokus nuklear DNA RAPD (nDNA RAPD). Sebanyak 768-bp gen jujukan separa Cytb separa diperoleh daripada setiap sampel. Semua ladang menunjukkan kepelbagaian haplotaip yang tinggi ($h = 0.742$ hingga 0.964) dengan kepelbagaian nukleotida yang rendah ($\pi = 0.00151$ hingga 0.00371). Hasil analisis RAPD juga menyokong dan selaras dengan penanda Cytb. Semua ladang juga menunjukkan kepelbagaian genetik yang rendah berdasarkan kepada jumlah kepelbagaian genetik ($H_t = 0.3466$),

kepelbagaian genetik intra-populasi ($H_s = 0.3032$), dan kepelbagaian genetik antara populasi ($G_{st} = 0.1251$) yang menunjukkan hanya 12.51% dan 87.49% daripada kebolehubahan genetik ditemui antara dan dalam populasi masing-masing. Secara umumnya, semua analisis Cytb dan RAPD menunjukkan tiada struktur populasi dan terdapat aliran gen yang tinggi. Analisis AMOVA dari penanda Cytb dan RAPD menunjukkan lebih daripada 85% dan kurang daripada 15% variasi dalam dan antara populasi masing-masing dikesan. Analisis MSN juga menunjukkan perkongsian haplotaip antara semua ladang dan rangkaian haplotaip *star-like* menunjukkan tanda pengembangan populasi. Dendrogram UPGMA menggambarkan populasi dipisahkan kepada 2 kluster utama iaitu Ladang 1 dengan Ladang 3 dan Ladang 2. Kepelbagaian genetik yang rendah dan tiada struktur genetik dalam semua ladang mungkin disebabkan bilangan induk yang terhad di ladang dan induk ikan arowana emas Malaysia mungkin berasal dari tempat yang sama. Oleh itu, hasil kajian ini mencadangkan untuk kajian masa depan memperkenalkan induk dari tempat penetasan lain atau dari habitat liar untuk mendapatkan gambaran yang lebih meluas. Kajian ini juga menegaskan pentingnya menggabungkan penanda mitokondria dan nuklear yang mempunyai mod perwarisan dan tahap polimorfisme yang berbeza bagi meningkatkan pemahaman dalam pengurusan stok dan program pembiakan ikan arowana emas Malaysia terutamanya di kawasan zon pembiakan Bukit Merah dengan tujuan untuk pemeliharaan, pengurusan sumber perikanan dan pembangunan program pemilihan buatan.