

## Mitochondrial DNA Diversity of *Tor douronensis* Valenciennes (Cyprinidae) in Malaysian Borneo

<sup>1,2</sup>YUZINE ESA, <sup>2</sup>SITI SHAPOR SIRAJ, <sup>2</sup>SITI KHALIJAH DAUD,  
<sup>1</sup>KHAIRUL ADHA A. RAHIM, <sup>1</sup>MOHD TAJUDDIN ABDULLAH,  
<sup>3</sup>JEFFRINE ROVIE RYAN JAPNING & <sup>2</sup>SOON GUAN, TAN

<sup>1</sup>Faculty of Resource Science and Technology, Universiti Malaysia Sarawak,  
94300 Kota Samarahan, Sarawak, Malaysia

<sup>2</sup>Biology Department, Universiti Putra Malaysia 43400 Serdang, Selangor, Malaysia

<sup>3</sup>Institute of Biodiversity, Bukit Rengit, 28500 Lanchang, Pahang, Malaysia  
E-mail: kelahzine@yahoo.com

**Keywords:** *Tor douronensis*, freshwater fish, taxonomy, population structure, COI sequence

### ABSTRAK

Kajian ini telah dijalankan untuk mengkaji struktur populasi dan taksonomi *Tor douronensis*, sejenis ikan air tawar tempatan yang penting di Malaysia Borneo, menggunakan analisis penjujukan 466 pasangan bes gen mitokondria sitokrom c oksides I (COI). Sejumlah 62 ekor sampel ikan telah diperolehi dari lima lokasi di Sarawak ( $N=53$ ) dan Sabah ( $N=8$ ). Analisis filogenetik menggunakan kaedah "Neighbour-Joining" (NJ) menyokong status monofiletik di antara *T. douronensis* dan *Tor tambroides*; seterusnya mengukuhkan lagi status taksonomi keduanya sebagai spesies yang berlainan. Haplotaip *T. douronensis* seterusnya boleh dibahagikan kepada tiga kumpulan yang utama, dengan ikan Pelian dari Sabah membentuk kumpulannya sendiri (Kluster III) dengan sokongan (bootstrap) statistik yang kuat. Perbezaan genetik yang tinggi di antara haplotaip-haplotaip dari Sabah dengan Sarawak menunjukkan bahawa ikan Pelian Sabah mungkin merupakan sejenis spesies kriptik. Kajian ini menunjukkan variasi-variasi intra dan inter-populasi yang tinggi dalam *T. douronensis*. Variasi dalam kalangan sampel dalam populasi dijumpai di dalam kesemua populasi *T. douronensis* kecuali di dalam populasi Bario. Kehadiran perbezaan-perbezaan haplotaip yang tetap (unik) bersamaan dengan nilai  $F_{ST}$  yang tinggi antara populasi-populasi *T. douronensis*, menyokong kesimpulan bahawa sedikit atau tiada migrasi berlaku di antara populasi-populasi yang dipisahkan oleh jarak geografi yang jauh atau sistem sungai yang berlainan. Walau bagaimanapun, perkongsian beberapa haplotaip antara populasi-populasi tersebut, contohnya antara Batang Ai dan Bario (HS6) dan antara Batang Ai dan Ulu Limbang/Ba Kelalan (HS2) memberi bukti yang *T. douronensis* mempunyai taburan yang meluas di kawasan tersebut di masa lalu, terutama semasa zaman Quaternary. Keseluruhannya, kajian ini berjaya memberikan maklumat-maklumat yang berguna tentang struktur populasi dan taksonomi ikan *T. douronensis* di Malaysia Borneo.

### ABSTRACT

This study examines the population structure and taxonomy of *Tor douronensis*, an important indigenous freshwater fish species in Malaysian Borneo, by using sequence analysis of 466 base pairs of the mitochondrial cytochrome c oxidase I (COI) gene. A total of 62 fish samples were collected from five locations in Sarawak ( $N=54$ ) and Sabah ( $N=8$ ). The phylogenetic analysis using the Neighbour-Joining (NJ) method supported the monophyletic status between *T. douronensis* and *Tor tambroides*, which further reinforced their taxonomic status as distinct species. The *T. douronensis* haplotypes were further divided into three major groups, with the Pelian fish from Sabah forming its own group (Cluster III) with strong bootstrap support. The large genetic differences separating the Sabah haplotypes from its Sarawak congeners suggested that the Pelian fish might represent a cryptic species. The current study showed high levels of intra and inter-population variations in *T. douronensis*. Within all population variations, *T. douronensis* populations were found, except in Bario. The presence of fixed haplotype differences along with high  $F_{ST}$  values among the populations of *T. douronensis*, support the conclusion that little or no migration occurred among the extant