

SYNOPSIS

DEVELOPMENT OF DNA MOLECULAR MARKERS FOR THE VARIETAL IDENTIFICATION OF *EUCHEUMA*, AN ECONOMICALLY IMPORTANT SEAWEED SPECIES FROM SABAH, MALAYSIA

Kappaphycus and *Eucheuma* seaweeds are economically important seaweed species in Sabah and currently are the most widely cultivated seaweed for commercial carrageenan production. The physical morphology of the seaweed is greatly influenced by its genetic make-up and environmental factors which has led to confusion in the taxonomy of the species. This study aims to resolve the phylogeny of *Kappaphycus* and *Eucheuma* seaweeds based on the nuclear, mitochondrial and chloroplast DNA, and to develop specific primers for the identification of *K. alvarezii*, *K. striatum* and *E. denticulatum*. A total of fifteen phenotypes of *Eucheuma* and *Kappaphycus* seaweeds were collected from Sebangkat Island, Semporna Sabah. Phylogenetic relationship of the mitochondrial encoded *cox1* gene and *cox2-3* spacer, the 18S and ITS regions of the nuclear ribosomal DNA and the plastid RuBisCo spacer of the seaweeds were successfully analyzed. The phylogenetic trees distinctly separated the three seaweed species viz. *K. alvarezii*, *K. striatum* and *E. denticulatum*. The results obtained showed some incongruence with the morphological characters data. It was determined that ITS region was the suitable locus for phylogenetic reconstruction and species differentiation for *Kappaphycus* sp. and *E. denticulatum*. Specific primers for ITS region were designed and developed for rapid and direct identification of *K. alvarezii*, *K. striatum* and *E. denticulatum* using multiplex PCR amplification which is based on species-specific amplicons ranging from 144-415 bp. The ITS region contains enough variation to generate unique identifiers at the species level for *Kappaphycus* sp. and *E. denticulatum*. The outcomes of this study will facilitate in the understanding of the phylogenetic relationship between *Kappaphycus* and *Eucheuma* seaweeds in Sabah.

SINOPSIS

Rumpai laut Kappaphycus dan Eucheuma adalah penting dari segi ekonomi di Sabah dan kini merupakan rumpai laut yang paling luas ditanam untuk pengeluaran karagenan. Morfologi fizikal rumpai laut amat dipengaruhi oleh faktor-faktor genetik dan persekitaran yang telah menyebabkan kekeliruan dalam taksonomi antara spesies. Kajian ini bertujuan untuk mencirikan rumpai laut Kappaphycus dan Eucheuma berdasarkan DNA nuklear, mitokondria dan kloroplas serta menghasilkan primer khusus bagi pengenalpastian K. alvarezii, K. striatum dan E. denticulatum. Sebanyak lima belas rumpai laut Kappaphycus dan Eucheuma yang berbeza dari segi fenotip telah dikumpul dari Pulau Sebangkat, Semporna Sabah. Hubungan filogenetik bagi gen cox1 dan cox2-3 spacer di mitokondria, rantau 18S dan ITS di ribosomal DNA nukleus dan pastid RuBisCo spacer di kloroplas dari rumpai laut telah berjaya dianalisis. Pokok-pokok filogenetik telah mengasingkan rumpai laut K. alvarezii, K. striatum dan E. denticulatum dengan jelas. Keputusan yang diperolehi menunjukkan beberapa ketidakkonsistenan dengan data perwatakan morfologi. Ia telah ditentukan bahawa rantau ITS adalah lokus yang sesuai untuk filogenetik semula dan pembezaan spesis Kappaphycus sp. dan E. denticulatum. Primer khusus berdasarkan rantau ITS telah direka berdasarkan jujukan yang diperolehi dan dihasilkan untuk mempercepatkan pengenalpastian K. alvarezii, K. striatum dan E. denticulatum dengan menggunakan amplifikasi PCR multipleks berdasarkan saiz khusus produk amplifikasi dalam lingkungan 144 – 415 bp. Rantau ITS mengandungi variasi yang cukup untuk menjana petunjuk unik di peringkat spesis untuk Kappaphycus sp. dan E. denticulatum. Hasil kajian ini akan memudahkan pemahaman hubungan filogenetik antara rumpai laut Kappaphycus dan Eucheuma di Sabah.