

Mitogenome of *Gymnothorax minor* and Phylogenetic Relationship with Its Congeners and Related Genera (Anguilliformes: Muraenidae)

(Mitogenom *Gymnothorax minor* dan Hubungan Filogenetik dengan Genus yang Berhubung Kait (Anguilliformes: Muraenidae))

SZE-LOOI SONG, HOI-SEN YONG, KAR-HOE LOH*, PHAIK-EEM LIM,
AMY YEE-HUI THEN & PRAPHATHIP EAMSOBHANA

ABSTRACT

Gymnothorax minor is a moray eel of the family Muraenidae found in the Western Pacific Ocean. We report here its complete mitogenome as determined by Illumina next-generation sequencing and the phylogenetic relationship with its congeners and other taxa of the family Muraenidae. The whole mitogenome of *G. minor* had a total length of 16,574 bp, comprising 37 genes - 13 protein-coding genes (PCGs), two ribosomal ribonucleic acid (rRNA) and 22 transfer ribonucleic acid (tRNA) genes - and a control region. Excepting *cox1* with GTG, the other 12 PCGs had ATG start codon. Seven of its PCGs had incomplete stop codon - five (*nad2*; *cox1*; *cox2*; *nad3* and *nad4*) with T and two (*atp6* and *cox3*) with TA. Molecular phylogeny based on 13 PCGs was concordant with 15 mitochondrial genes (13 PCGs and 2 rRNA genes). The subfamily Muraeninae as well as the subfamily Uropterygiinae were monophyletic. However, the genus *Gymnothorax* was paraphyletic, with *G. minor* forming a sister group with *Rhinomuraena quaesita* in the lineage containing also *G. kidako* and *G. formosus* forming a sister group with *Enchelynassa canina*. The phylogenetic relationship of the genus *Gymnothorax* and related taxa of the family Muraenidae, based on the mitochondrial *cob* gene, was in general similar to that based on 15 mt-genes. The mitogenome is useful for future studies on phylogenetics and systematics of eels of the family Muraenidae and other taxa of the order Anguilliformes.

Keywords: *Gymnothorax*; mitogenome; moray eels; Muraenidae; next-generation sequencing (NGS)

ABSTRAK

Gymnothorax minor adalah belut laut dalam famili Muraenidae yang boleh dijumpai di Lautan Pasifik Barat. Kami melaporkan di sini mitogenom lengkap *G. minor* yang ditentukan dengan menggunakan penjujukan generasi akan datang Illumina dan hubungan filogenetik *G. minor* dengan genus yang berhubung kait dan takson yang lain dalam famili Muraenidae. Kepanjangan keseluruhan mitogenom *G. minor* adalah 16,574 bp yang terdiri daripada 37 gen - 13 gen pengkodan protein (PCGs), dua asid ribonukleik ribosoma (rRNA) dan 22 gen pemindahan ribonukleik ribosoma (tRNA) - dan satu kawasan kawalan. Dua belas PCGs mempunyai kodon pemula ATG kecuali *cox1* dengan kodon pemula GTG. Tujuh PCGs mempunyai kodon penamat yang tidak lengkap - lima gen (*nad2*; *cox1*; *cox2*; *nad3* dan *nad4*) dengan T dan dua gen (*atp6* dan *cox3*) dengan TA. Filogeni molekul berdasarkan 13 PCGs adalah konsisten dengan 15 gen mitokondria (13 gen PCGs dan 2 rRNA). Subfamilli Muraeninae dan subfamili Uropterygiinae adalah monofiletik. Walau bagaimanapun, genus *Gymnothorax* adalah parafiletik dengan *G. minor* membentuk kumpulan beradik dengan *Rhinomuraena quaesita* dalam garis keturunan yang mengandungi *G. kidako* manakala *G. formosus* membentuk kumpulan beradik dengan *Enchelynassa canina*. Berdasarkan gen mitokondria *cob*, hubungan filogenetik genus *Gymnothorax* dan takson lain dalam famili Muraenidae adalah sama dengan hubungan filogenetik yang berdasarkan 15 gen mitokondria. Mitogenom adalah penting untuk kajian filogenetik dan sistematik belut dalam famili Muraenidae dan takson yang lain dalam order Anguilliformes.

Kata kunci: Belut laut; *Gymnothorax*; mitogenom; Muraenidae; penjujukan generasi akan datang (NGS)

INTRODUCTION

Moray eels of the genus *Gymnothorax* Bloch 1795 are members of the family Muraenidae (order Anguilliformes). The genus is represented by 126 recognised species, distributed in the Atlantic, Indian and Pacific oceans (Froese & Pauly 2017). An earlier checklist documented 123 species by Smith (2012).

The genus *Gymnothorax* is distinguished from other genera of the family by the possession of a line of pigment along the dorsal midline before the dorsal fin origin (Smith & Böhlke 1997). Members of the genus range in total length from 6.5 cm (*G. parini*) to 300 cm (*G. favagineus* and *G. javanicus*) (www.fishbase.org). Most of the species (13/16) studied to date possess a diploid number of $2n =$