

## Keragaman genotipe dan morfometrik ikan tengadak *Barbonymus schwanenfeldii* (Bleeker 1854) asal Sumatera, Jawa, dan Kalimantan

[Genotype diversity and morphometric of tinfoil barb *Barbonymus schwanenfeldii* (Bleeker 1854) from Sumatera, Java, and Kalimantan]

Deni Radona<sup>1✉</sup>, Dinar Tri Soelistyowati<sup>2</sup>, Odang Carman<sup>2</sup>, Rudhy Gustiano<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Balai Penelitian dan Pengembangan Budidaya Air Tawar, Jln. Sempur No. 1 Bogor 16151

<sup>2</sup>Departemen Budidaya Perairan, FPIK IPB, Jln. Agatis Kampus IPB Dramaga 16680

Diterima: 21 Oktober 2015; Disetujui: 31 Mei 2016

### Abstrak

Studi keragaman genotipe dan fenotipe populasi awal ikan tengadak (*Barbonymus schwanenfeldii*) asal Sumatera, Jawa, dan Kalimantan merupakan upaya pemanfaatan sumber daya genetik ikan tengadak untuk kegiatan budi daya secara berkelanjutan. Tujuan penelitian ini adalah melakukan evaluasi keragaman genotipe dan fenotipe ikan tengadak asal Sumatera, Jawa, dan Kalimantan. Analisis keragaman genotipe dilakukan secara molekuler dengan metode *Random Amplified Polymorphism DNA* (RAPD) menggunakan primer OPA 08, OPA 09 dan OPC 02 sedangkan keragaman fenotipe dilakukan berdasarkan pengukuran *truss morphometric*. Hasil penelitian menunjukkan polimorfisme genetik tertinggi (40%) ditemukan pada ikan jantan populasi asal Jawa dan ikan betina asal Kalimantan dengan nilai heterozigositas tertinggi 0,18 sedangkan polimorfisme terendah (18%) ditemukan pada ikan betina populasi asal Jawa dengan tingkat heterozigositas 0,08. Jarak genetik ketiga populasi berkisar 0,48-0,55 sedangkan antara ikan jantan dan betina berkisar 0,19-0,24. Hasil analisis fungsi kanonikal *truss morfometrik* ikan tengadak pada 21 karakter terukur menunjukkan sebaran pengukuran ketiga populasi berada pada kuadran yang berbeda. Persentase indeks keseragaman intra-populasi menunjukkan indeks keseragaman genetik tertinggi pada populasi Jawa (66,7-86,7 %) dengan indeks keseragaman interpopulasi (0-6%) pada populasi Kalimantan dan (0%) pada populasi Sumatera. Berdasarkan data keragaman genotipe dan fenotipe ikan jantan asal Jawa dan ikan betina asal Kalimantan berpotensi sebagai sumber genetik donor untuk pengembangan budidaya ikan tengadak.

Kata penting: morfometrik, polimorfisme, RAPD, tengadak

### Abstract

Study on genotype and phenotype diversity of initial population tinfoil barb from Sumatera, Java and Kalimantan is an effort to use genetic sources of tinfoil barb for sustainable aquaculture. This study was to evaluate the diversity of genotype and phenotype of tinfoil barb from Sumatera, Java and Kalimantan. Analysis of genotype diversity was conducted by RAPD methods using primer (OPA 08, OPA 09 and OPC 02) and phenotype based on truss morphometric measurement. The result showed that the highest genetic polymorphism (40%) was found in the male population of Java and female from Kalimantan with heterozygosity 0.18; while the lowest polymorphism was detected in the female population from Java (18%) with the heterozygosity level at 0.08. Based on the relationship between tinfoil barb from Java, Sumatera and Kalimantan by using three primer of RAPD showed that the genetic distance ranged from 0.48-0.55, whereas between male and female population was ranged from 0.19-0.24. Canonical analysis using truss morphometric from 21 measured characters among three populations showed the different kind of genetic dispersion. From intrapopulation genetic sharing percentage, the highest interpopulation genetic sharing component was found in the tinfoil barb from Java (66.7-86.7 %), while interpopulation genetic sharing component ranged 0-6 % and 0 % were found in the tinfoil barb from Kalimantan and Sumatera, respectively. According to our results, the genotype diversity and phenotype of tinfoil male from Java and female from Kalimantan are genetic resources for developing tinfoil barb aquaculture.

Keywords: morphometric, polymorphism, RAPD, tinfoil barb

### Pendahuluan

Ikan tengadak *Barbonymus schwanenfeldii* (Bleeker 1854) merupakan ikan asli perairan tawar Indonesia yang terdapat di pulau Sumatera,

Jawa, dan Kalimantan. Disamping dikenal sebagai ikan konsumsi yang bernilai ekonomis tinggi, ikan tengadak juga berpotensi sebagai ikan hias karena bentuknya unik, tubuh bewarna perak kekuningan, sirip punggung dan ekor berwarna jingga atau merah darah. Sebagian besar produksi ikan tengadak di Indonesia saat ini ma-

✉ Penulis korespondensi

Alamat surel: [deniradona\\_kkp@yahoo.com](mailto:deniradona_kkp@yahoo.com)

sih didominasi dari hasil tangkapan di alam. Upaya budi daya belum banyak dilakukan untuk melestarikan keberadaan jenis ikan ini, sehingga dikhawatirkan populasinya semakin berkurang dan mengalami kepunahan (Gustiano *et al.* 2015).

Pengembangan budi daya ikan tengadak dilakukan apabila proses domestikasi telah berhasil. Upaya domestikasi sangat diharapkan dapat menjaga kelestarian sumber daya genetiknya serta dapat meningkatkan produktivitas melalui pengelolaan secara berkelanjutan. Keragaman genetik yang meliputi variasi alelik dan heterozigositas penting untuk kelestarian jangka panjang suatu populasi maupun spesies terkait dengan kemampuannya beradaptasi terhadap perubahan lingkungan (Dunham 2004). Keragaman genetik juga berhubungan erat dengan keragaan pertumbuhan dan sifat-sifat produksi terutama sintasan. Identifikasi keragaman genetik suatu populasi dapat dilakukan dengan pemetaan secara genotipe maupun fenotipe. Analisis keragaman genotipe dilakukan dengan menggunakan metode RAPD (*Random Amplified Polymorphism Deoxyribonucleic acid*) sedangkan analisis fenotipe dapat dilakukan dengan metode *truss morphometric*. Analisis keragaman genetik dengan menggunakan metode RAPD dan *Truss morphometric* telah dilakukan pada beberapa jenis ikan asli Indonesia diantaranya ikan kancra *Tor douronensis* (Nugroho *et al.* 2006), ikan torsoro *Tor soro* (Asih *et al.* 2008), ikan tawes *Barbonymus gonionotus* (Kusmini *et al.* 2009), ikan nilam *Osteochilus vittatus* (Mulyasari 2010), ikan tambakan *Helostoma temminckii* (Sundari *et al.* 2012), ikan betok *Anabas testudineus* (Slamat *et al.* 2011), ikan gabus *Channa striata* (Gustiano *et al.* 2013), ikan sepat *Trichopodus pectoralis* (Iskandariah *et al.* 2015, Aththar *et al.* 2015) dan ikan baung *Hemibagrus nemurus* (Nugroho *et al.* 2005). Hasil analisis RAPD dan *truss morphometric* pada ba-

nyak ikan asli Indonesia menunjukkan nilai keragaman genetik yang bervariasi dan berdasarkan penelusuran kekerabatan genetik memungkinkan dapat dilakukan seleksi stok yang potensial dikembangkan dalam penangkaran selektif menuju kegiatan budi daya yang berkelanjutan.

Tujuan penelitian ini adalah melakukan evaluasi keragaman genotipe dan fenotipe ikan tengadak asal Sumatera, Jawa, dan Kalimantan berdasarkan analisis RAPD dan *truss morphometric* untuk menyediakan pangkalan data genetik sebagai acuan dalam pengelolaan budi daya yang berkelanjutan.

### Bahan dan metode

Penelitian dilakukan selama tiga bulan dari bulan Maret sampai Juni 2015. *Truss morphometric* dilakukan di Instalasi Penelitian Plasma Nutfah Perikanan Air Tawar dan analisis RAPD dilakukan di Laboratorium Genetika Balai Penelitian dan Pengembangan Budidaya Air Tawar Bogor.

### Ikan uji

Ikan uji yang digunakan adalah ikan tengadak yang berasal dari Sumatera (Kawasan Konservasi Arwana Kutur, Dinas Perikanan dan Peternakan Sorolangun Jambi), Jawa (Balai Pelestarian Perikanan Perairan Umum, Dinas Kelautan dan Perikanan Provinsi Jawa Barat), dan Kalimantan (Balai Budidaya Ikan Sentral, Anjungan Kalimantan Barat). Karakteristik lingkungan populasi ikan uji disajikan pada Tabel 1.

Ikan tengadak yang digunakan berukuran panjang  $15,2 \pm 1,1$  cm dan bobot  $124,2 \pm 28,5$  g. Jumlah sampel yang digunakan untuk analisis RAPD sebanyak 15 ekor (8 jantan dan 7 betina) setiap populasi, sedangkan untuk pengukuran *truss morphometric* digunakan sebanyak 30 ekor (15 jantan dan 15 betina) setiap populasi. Spesi-

men yang digunakan untuk analisis RAPD adalah sampel sirip yang disimpan dalam larutan alkohol 70%.

#### *Random Amplified Polymorphic DNA*

Ekstraksi DNA ikan dilakukan dengan metode *Phenol-Chloroform* (Nugroho *et al.* 1997). Potongan sirip seberat 5-10 mg dimasukkan ke dalam tabung 1,5 ml, yang telah berisi larutan TNES (*tris NaCl EDTA sodium dodecyl-sulfat*) Urea sebanyak 500 µl dan larutan 10 µl proteinase K lalu dihomogenkan dengan vortex dan diinkubasi pada suhu 37°C selama 24 jam hingga jaringan hancur. Selanjutnya ditambahkan 1,000 µl *Phenol Chloroform* lalu dihomogenkan dan disentrifugasi dengan kecepatan 10,000 rpm (rotasi per menit) selama 10 menit. Supernatan yang terbentuk dipindahkan ke dalam tabung yang baru dan ditambahkan 1,000 µl *ethanol* 90% dan 10 µl natrium asetat. Setelah itu dilakukan sentrifugasi dengan kecepatan 10,000 rpm selama 10 menit hingga terbentuk endapan DNA warna putih. Hasil dari campuran tersebut lalu dipisahkan antara DNA dengan larutan. DNA yang telah terpisah dikeringkan dalam suhu kamar. Selanjutnya pelet DNA dilarutkan dalam 100 µl *Tris - EDTA (TE) buffer* dan disimpan pada suhu 4°C. Amplifikasi DNA dilakukan dengan metode *Polymerase Chain Reaction (PCR)* dimulai dengan seleksi 6 primer (OPA 08, OPA 09, OPA 11, OPA 13, OPC 02 dan OPC 05).

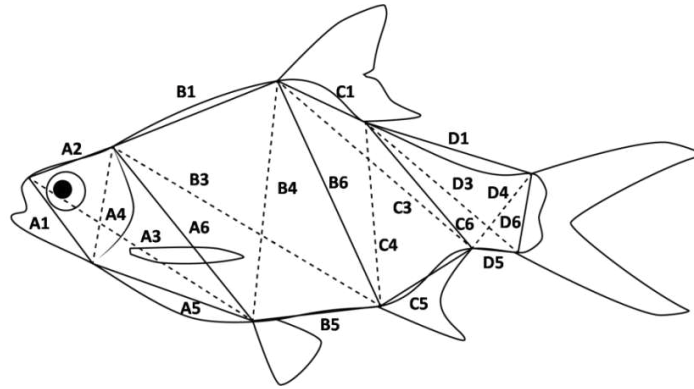
Pengujian primer dengan komposisi bahan: 1 µl DNA, 0,5 µl primer, 1 unit (10 µl) *dry taq* Pro-mega, dan air suling (8,5 µl) dengan total volume sebanyak 20 µl. Program PCR yang digunakan, meliputi pradenaturasi 94°C selama 5 menit, denaturasi suhu 94°C selama 1 menit, penempelan primer pada suhu 36°C selama 1 menit, pemanjangan primer pada suhu 72°C selama 2,5 menit, elongasi akhir 72°C selama 7 menit dan proses penstabilan 4°C selama 3 menit. Proses PCR berlangsung sebanyak 45 siklus. Hasil PCR memperlihatkan bahwa primer OPA 08, OPA 09 dan OPC 02 memberikan produk amplifikasi lebih banyak dibandingkan primer-primer yang lain. Hasil PCR kemudian dielektroforesis menggunakan gel agarose 2% dalam *Tris-Boric-EDTA (TBE) buffer*. Hasilnya diamati dengan UV illuminator dan didokumentasikan dengan kamera Polaroid.

#### *Truss morphometric*

Metode pengukuran dan penentuan titik-titik truss berdasarkan Li *et al.* 1993 pada ikan *Megalobrama amblycephala*. Pembuatan titik-titik truss dilakukan dengan cara meletakkan ikan di atas kertas yang telah dilapisi plastik bening dan *styrofoam*. Masing-masing titik ditandai dengan menggunakan jarum sesuai dengan pola truss morfometrik, meliputi: pengukuran jarak titik-titik tanda yang dibuat pada kerangka tubuh (Gambar 1).

Tabel 1. Nilai karakteristik lingkungan populasi ikan uji yang digunakan

Karakteristiklingkungan	Populasi		
	Sumatera	Jawa	Kalimantan
Suhu (°C)	32 - 33	24 - 30	29 - 33
pH	6,5	5 - 7	5,0 - 7,4
Oksigen terlarut (mg L <sup>-1</sup> )	5 - 6,4	4,0 - 5,6	4,5 - 6,6



Gambar 1. Titik pengukuran *truss morphometric* ikan tengadak. A1 (ujung mulut - ujung operkulum bawah), A2 (ujung mulut - batas akhir tulang kepala), A3 (ujung mulut - sirip ventral), A4 (ujung operkulum bawah - batas akhir tulang kepala), A5 (ujung operkulum bawah - sirip ventral), A6 (batas akhir tulang kepala - sirip ventral), B1 (batas akhir tulang kepala - awal sirip dorsal), B3 (batas akhir tulang kepala - awal sirip anal), B4 (sirip ventral - awal sirip dorsal), B5 (sirip ventral - awal sirip anal), B6 (awal sirip dorsal - awal sirip anal), C1 (awal sirip dorsal - akhir sirip dorsal), C3 (awal sirip dorsal - akhir sirip anal), C4 (awal sirip anal - akhir sirip dorsal), C5 (awal sirip anal - akhir sirip anal), C6 (akhir sirip dorsal - akhir sirip anal), D1 (akhir sirip dorsal - awal sirip ekor atas), D3 (akhir sirip dorsal - awal sirip ekor bawah), D4 (akhir sirip anal - awal sirip ekor atas), D5 (akhir sirip anal - awal sirip ekor bawah) dan D6 (awal sirip ekor atas - akhir sirip ekor bawah).

*Analisis data*

Tingkat keragaman genetik intrapopulasi dianalisis menggunakan program *Tools for Population Genetic Analysis* (TFPGA) mengacu pada Wright (1978) in Miller (1997). Hubungan kekerabatan interpopulasi dianalisis berdasarkan jarak genetik dengan program *Unweight Pair Methods Arithmetic* (UPGMA) dan disajikan dalam bentuk dendrogram. Analisis sebaran karakter morfometrik intra dan interpopulasi dilakukan dengan anova menggunakan SPSS versi 18 dan disajikan dalam diagram diskriminan kanonikal serta analisis indeks keseragaman.

**Hasil**

*Keragaman genotipe ikan tengadak*

Amplifikasi DNA menggunakan tiga primer (OPA 08, OPA 09, dan OPC 02) pada ikan tengadak jantan dan betina asal Sumatera, Jawa, dan Kalimantan memperlihatkan situs DNA teramplifikasi pada setiap lokus bervariasi (Tabel 2). Berdasarkan profil RAPD, jumlah fragmen pada populasi jantan dan betina interpopulasi berkisar 8-18 sedangkan ukuran fragmen DNA teramplifikasi yang paling besar 180-3000 bp pada populasi ikan jantan asal Jawa dan pada ikan betinanya lebih rendah yaitu 180-2000 bp. Pada populasi lainnya, ukuran fragmen DNA teramplifikasi berkisar 200-2000 bp pada ikan tengadak asal Kalimantan dan 250-1800 bp pada ikan tengadak asal Sumatera.

Tabel 2. Jumlah dan ukuran fragmen DNA (OPA 08, OPA 09, dan OPC 02) ikan tengadak jantan dan betina asal Sumatera, Jawa, dan Kalimantan

Asal populasi	Jumlah fragmen		Ukuran fragmen (bp)	
	Betina (♀)	Jantan (♂)	Betina (♀)	Jantan (♂)
Sumatera	9 - 18	8 - 18	250 - 1800	250 - 1800
Jawa	11 - 14	12 - 16	180 - 2000	180 - 3000
Kalimantan	11 - 14	11 - 15	200 - 2000	200 - 2000

Persentase polimorfisme dan heterozigositas pada populasi ikan tengadak jantan dan betina (Tabel 3) memperlihatkan bahwa polimorfisme genetik yang tertinggi yaitu 40,54% pada populasi jantan asal Jawa dan betina asal Kalimantan sedangkan yang terendah yaitu 18,91% pada populasi betina asal Jawa. Tingkat heterozigositas yang tertinggi yaitu 0,18 pada populasi jantan dan betina asal Kalimantan serta yang terendah yaitu 0,08 pada populasi betina asal Jawa. Uji perbandingan ber-pasangan *Fst* menunjukkan perbedaan keragaman genetik yang nyata antara populasi jantan dan betina ikan tengadak asal Sumatera, Jawa, dan Kalimantan ( $P < 0,05$ ).

Analisis dendrogram hubungan kekerabatan berdasarkan perhitungan jarak genetik intra-populasi (Gambar 2) diperoleh hubungan genetik

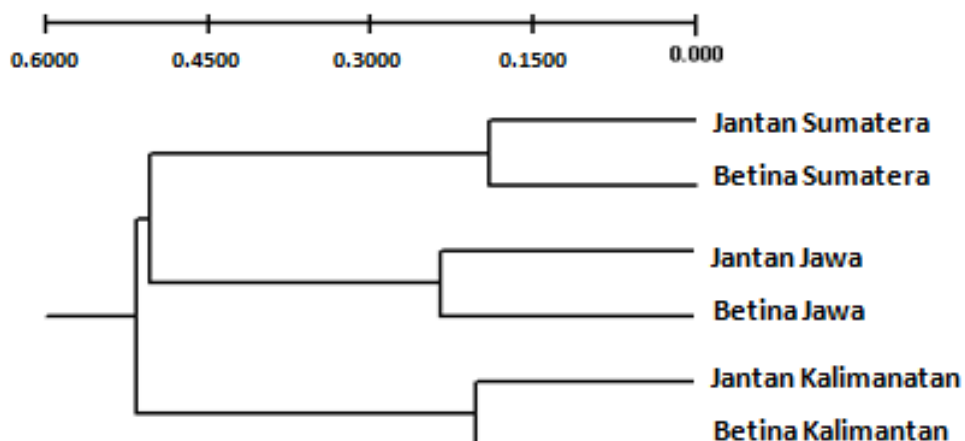
antara jantan dan betina lebih dekat yaitu berkisar 0,1906 - 0,2362 dibandingkan dengan hubungan genetik interpopulasi antara Sumatera, Jawa, dan Kalimantan yaitu berkisar 0,4826 - 0,5495. Populasi ikan tengadak asal Jawa dan Sumatera menunjukkan hubungan kekerabatan yang lebih dekat dibandingkan dengan populasi asal Kalimantan.

#### *Truss morphometric ikan tengadak*

Keragaman morfometrik berdasarkan 21 karakter (Tabel 4) yang dianalisis dengan *wilks lambda* dan *lavene test* (anova) menunjukkan perbedaan pada empat karakter spesifik lokasi yaitu dibagian kepala dan pangkal ekor (A3, A5, D1 dan D6) dan berbeda nyata koefisien kovariansinya pada semua karakter.

Tabel 3. Persentase polimorfisme dan heterozigositas ikan tengadak jantan dan betina asal Sumatera, Jawa dan Kalimantan

Asal Populasi	Polimorfisme (%)		Heterozigositas	
	Betina (♀)	Jantan (♂)	Betina (♀)	Jantan (♂)
Sumatera	32,43	32,43	0,16	0,14
Jawa	18,92	40,54	0,08	0,16
Kalimantan	40,54	37,84	0,18	0,18



Gambar 2. Dendrogram hubungan kekerabatan ikan tengadak jantan dan betina asal Sumatera, Jawa dan Kalimantan berdasarkan keragaman OPA 08, OPA 09 dan OPC 02

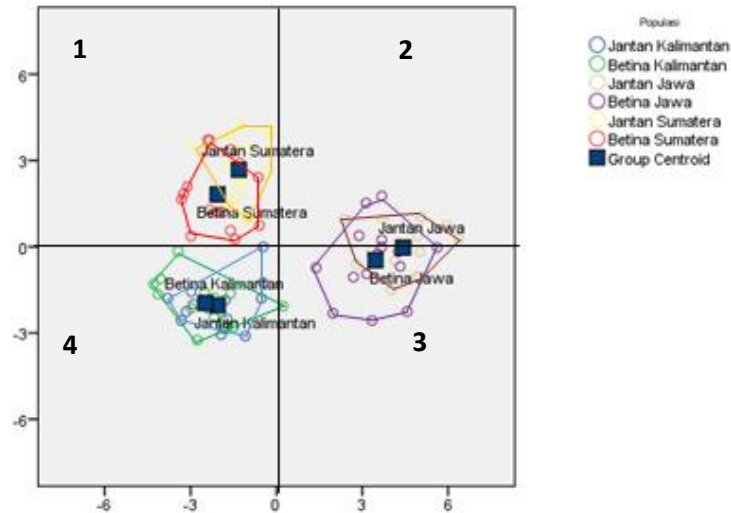
Tabel 4. Analisis wilks lambda dan lavene test (anova) variasi fenotip pada 21 karakter morfometrik dari ikan tengadak jantan dan betina asal Sumatera, Jawa dan Kalimantan

Karakter morfometrik	Rataan (cm)						Signifikan anova	Signifikan Wilks lambda
	Sumatera		Jawa		Kalimantan			
	Betina (♀)	Jantan (♂)	Betina (♀)	Jantan (♂)	Betina (♀)	Jantan (♂)		
A1	0,198 ± 0,016 (8,06)	0,199 ± 0,010 (5,09)	0,183 ± 0,018 (10,03)	0,166 ± 0,011 (6,57)	0,184 ± 0,009 (5,16)	0,188 ± 0,012 (6,33)	,352	,000*
A2	0,165 ± 0,011 (6,85)	0,180 ± 0,013 (7,16)	0,160 ± 0,012 (7,54)	0,160 ± 0,009 (5,84)	0,164 ± 0,012 (7,18)	0,167 ± 0,010 (5,95)	,664	,000*
A3	0,540 ± 0,019 (3,60)	0,534 ± 0,014 (2,57)	0,525 ± 0,030 (5,74)	0,500 ± 0,016 (3,28)	0,540 ± 0,014 (2,61)	0,522 ± 0,018 (3,37)	,011*	,000*
A4	0,237 ± 0,012 (5,04)	0,232 ± 0,012 (5,16)	0,227 ± 0,015 (6,60)	0,204 ± 0,009 (4,27)	0,225 ± 0,013 (5,70)	0,222 ± 0,010 (4,48)	,490	,000*
A5	0,374 ± 0,019 (5,16)	0,362 ± 0,020 (5,55)	0,367 ± 0,034 (9,30)	0,355 ± 0,015 (4,18)	0,380 ± 0,015 (4,00)	0,360 ± 0,015 (4,13)	,031*	,013*
A6	0,477 ± 0,018 (3,72)	0,461 ± 0,014 (2,99)	0,460 ± 0,027 (5,90)	0,433 ± 0,015 (3,38)	0,476 ± 0,014 (2,99)	0,456 ± 0,015 (3,39)	,055	,000*
B1	0,403 ± 0,012 (3,03)	0,387 ± 0,015 (3,79)	0,363 ± 0,021 (5,91)	0,376 ± 0,026 (6,90)	0,368 ± 0,017 (4,63)	0,354 ± 0,015 (4,35)	,075	,000*
B3	0,653 ± 0,015 (2,32)	0,640 ± 0,011 (1,67)	0,624 ± 0,020 (3,14)	0,611 ± 0,017 (2,71)	0,632 ± 0,020 (3,24)	0,619 ± 0,020 (3,28)	,515	,000*
B4	0,488 ± 0,014 (2,93)	0,462 ± 0,019 (4,03)	0,442 ± 0,025 (5,59)	0,416 ± 0,017 (4,08)	0,488 ± 0,018 (3,77)	0,457 ± 0,012 (2,66)	,425	,000*
B5	0,242 ± 0,019 (8,01)	0,241 ± 0,014 (5,64)	0,242 ± 0,016 (5,23)	0,241 ± 0,016 (6,55)	0,233 ± 0,015 (6,35)	0,219 ± 0,014 (6,38)	,690	,000*
B6	0,501 ± 0,011 (2,14)	0,492 ± 0,014 (2,78)	0,448 ± 0,013 (2,80)	0,435 ± 0,015 (2,67)	0,503 ± 0,018 (3,61)	0,492 ± 0,017 (3,46)	,353	,000*
C1	0,176 ± 0,014 (7,81)	0,180 ± 0,021 (11,92)	0,164 ± 0,017 (10,25)	0,168 ± 0,018 (10,98)	0,191 ± 0,012 (6,37)	0,195 ± 0,015 (7,71)	,655	,000*
C3	0,479 ± 0,010 (2,16)	0,467 ± 0,034 (7,23)	0,444 ± 0,016 (3,65)	0,435 ± 0,015 (3,54)	0,489 ± 0,017 (3,40)	0,480 ± 0,016 (3,42)	,404	,000*
C4	0,382 ± 0,011 (2,98)	0,375 ± 0,024 (6,45)	0,333 ± 0,014 (4,21)	0,323 ± 0,019 (5,92)	0,370 ± 0,015 (4,11)	0,360 ± 0,009 (2,59)	,264	,000*
C5	0,152 ± 0,018 (12,01)	0,150 ± 0,014 (9,50)	0,137 ± 0,018 (13,44)	0,132 ± 0,010 (7,38)	0,157 ± 0,011 (6,87)	0,152 ± 0,008 (5,14)	,054	,000*
C6	0,327 ± 0,009 (2,90)	0,318 ± 0,017 (5,43)	0,295 ± 0,009 (2,93)	0,286 ± 0,009 (3,09)	0,320 ± 0,014 (4,37)	0,308 ± 0,009 (3,07)	,290	,000*
D1	0,312 ± 0,010 (3,30)	0,302 ± 0,013 (4,36)	0,340 ± 0,022 (6,48)	0,331 ± 0,010 (2,97)	0,302 ± 0,021 (6,93)	0,301 ± 0,017 (5,74)	,010*	,000*
D3	0,387 ± 0,013 (3,38)	0,377 ± 0,025 (6,62)	0,402 ± 0,020 (4,92)	0,390 ± 0,010 (2,55)	0,379 ± 0,019 (4,99)	0,369 ± 0,012 (3,12)	,251	,000*
D4	0,235 ± 0,012 (5,06)	0,235 ± 0,012 (5,30)	0,234 ± 0,020 (8,62)	0,240 ± 0,020 (8,35)	0,220 ± 0,012 (5,29)	0,221 ± 0,014 (6,32)	,043	,002*
D5	0,144 ± 0,018 (12,65)	0,152 ± 0,014 (9,02)	0,173 ± 0,019 (11,18)	0,186 ± 0,025 (13,48)	0,133 ± 0,013 (9,74)	0,138 ± 0,014 (10,15)	,108	,000*
D6	0,156 ± 0,008 (4,99)	0,159 ± 0,005 (2,89)	0,141 ± 0,018 (13,08)	0,132 ± 0,010 (7,78)	0,147 ± 0,008 (5,80)	0,150 ± 0,010 (6,54)	,000*	,000*

Keterangan: \*) berbeda nyata (P<0,05).

Sebaran 21 karakter fenotipe *truss morphometric* ikan tengadak jantan dan betina asal Sumatera, Jawa, dan Kalimantan berdasarkan analisis fungsi kanonikal memperlihatkan pengelompokan interpopulasi yaitu sebaran karakteristik populasi Sumatera berada di kuadran I terpisah dengan populasi Kalimantan di kuadran IV, sedangkan populasi Jawa berada di kuadran II-III terpisah dari populasi Sumatera dan Kalimantan (Gambar 3).

Analisis indeks keseragaman genotipe intrapopulasi menunjukkan bahwa populasi ikan tengadak jantan dan betina Jawa memiliki indeks keseragaman yang tinggi yaitu 66,7-86,7% dibandingkan dengan populasi jantan dan betina asal Sumatera dan Kalimantan yaitu 53,3-66,7% (Tabel 5). Indeks keseragaman inter-populasi ditemukan rendah 0-6,7% antara populasi asal Kalimantan dengan Jawa, namun tidak ditemukan antara Jawa dan Sumatera.



Gambar 3. Penyebaran karakter morfometrik ikan tengadak jantan dan betina asal Sumatera, Jawa dan Kalimantan

Tabel 5. Nilai persentase indeks keseragaman (%) ikan tengadak jantan dan betina asal Sumatera, Jawa, dan Kalimantan

Populasi		Sumatera		Jawa		Kalimantan		Jumlah
		♂	♀	♂	♀	♂	♀	
Sumatera	♂	53,3	40,0	0	0	0	6,7	100
	♀	26,7	66,7	0	0	0	6,7	100
Jawa	♂	0	0	86,7	13,3	0	0	100
	♀	0	0	33,3	66,7	0	0	100
Kalimantan	♂	6,7	0	0	0	66,7	26,7	100
	♀	0	6,7	0	6,7	33,3	53,3	100

Keterangan: Populasi betina (♀), populasi jantan (♂)

**Pembahasan**

Tingkat polimorfisme ditentukan oleh jumlah fragmen yang teramplifikasi pada 3 primer yang digunakan (OPA 08, OPA 09, dan OPC 02). Perbedaan polimorfisme pita DNA yang dihasilkan tergantung pada situs penempelan primer dan dapat digunakan untuk memberikan gambaran mengenai tingkat keragaman genetik suatu populasi (Gusmiati *et al.* 2012, Gustiano *et al.* 2013). Populasi jantan asal Jawa dan betina asal Kalimantan memiliki persentase polimorfisme tertinggi (40,54 %) sedangkan heterozigositas yang tertinggi sebesar (0,18) pada populasi asal Kalimantan. Heterozigositas merupakan ukuran keragaman genetik berdasarkan proporsi jumlah

individu heterozigot populasi, semakin tinggi heterozigositas maka semakin banyak gen yang terlibat dalam menyumbangkan tingkat kebugaran suatu populasi (Tave 1993). Menurut Kusmini *et al.* (2012), tingginya tingkat polimorfisme pada populasi menunjukkan efektifitas individu dalam proses seleksi (*random mating*) dan reproduksi di habitatnya. Sebaliknya, rendahnya tingkat polimorfisme populasi diduga berhubungan dengan hambatan aliran gen (*gene flow*) oleh faktor lingkungan atau terbatasnya ukuran populasi yang menyebabkan silang dalam sehingga mereduksi ragam genetik intrapopulasi. Rendahnya keragaman genetik intrapopulasi akan mengakibatkan munculnya sifat negatif antara lain pertumbuhan

lambat, reproduksi, dan tingkat adaptasi yang rendah (Leary *et al.* 1985).

Keragaman genetik merupakan parameter kunci kebugaran populasi yang menjamin keberlanjutannya dan kemampuan merespon secara pasif seleksi alam ataupun buatan (Lorenzen *et al.* 2012). Perbedaan keragaman genetik dapat meningkatkan jarak genetik antarpopulasi dan umumnya digunakan sebagai pertimbangan dalam melakukan seleksi dan persilangan. Keragaman genetik populasi Sumatera, Jawa dan Kalimantan menunjukkan berbeda nyata dengan kisaran 18,92-40,54% diduga merupakan populasi yang masih tertutup dan belum mengalami eksplorasi genetik. Populasi Jawa dan Kalimantan yang memiliki ragam genetik tinggi potensial dapat dikembangkan untuk budi daya. Populasi jantan dan betina asal Jawa memiliki jarak genetik lebih dekat dengan populasi jantan dan betina asal Sumatera (0,4826) sedangkan populasi Kalimantan memiliki jarak genetik terjauh (0,5495). Upaya untuk meningkatkan ragam genetik populasi dapat dilakukan dengan silang luar interpopulasi menggunakan materi genetik asal Kalimantan yang memiliki jarak genetik paling jauh.

Variabilitas fenotipe mencerminkan variabilitas genotipe populasi (Falconer & Mackay 1996; Gjedrem 2005). Koefisien keragaman populasi ikan tengadak betina berkisar 2,24-13,44% sedangkan jantan berkisar 1,67-13,48%. Secara umum ikan tengadak jantan dan betina dari populasi Sumatera, Jawa dan Kalimantan memiliki karakter morfologi yang berbeda. Perbedaan karakter morfologi ikan tengadak jantan dan betina ketiga populasi berbanding lurus dengan jarak genetik yang ada, semakin jauh jaraknya semakin berbeda bentuknya. Pada analisis morfometrik 21 karakter yang terukur dari populasi jantan dan betina memiliki perbedaan karakter yang spesifik lokasi, yaitu pada A3 (ujung

mulut-sirip ventral), A5 (ujung operkulum bawah-sirip ventral), D1 (akhir sirip dorsal-awal sirip ekor atas) dan D6 (awal sirip ekor atas-akhir sirip ekor bawah) yang dapat digunakan sebagai penciri asal ikan. Menurut Li *et al.* (1993) dan Tave (1993), perbedaan fenotipe dipengaruhi oleh faktor genetik, lingkungan dan interaksi genetik dengan lingkungan. Kondisi lingkungan perairan ketiga populasi ikan tengadak terdapat kondisi yang berbeda terutama pada parameter suhu, yaitu Sumatera (32-33°C), Jawa (24-30°C), dan Kalimantan (29-33°C).

Perbedaan karakter morfologi ikan tengadak jantan dan betina pada populasi Sumatera, Jawa, dan Kalimantan didukung oleh hasil analisis fungsi kanonikal yang memperlihatkan pemisahan populasi Kalimantan (kuadran IV), populasi Sumatera (kuadran I) dan populasi Jawa (kuadran II-III), namun berdasarkan indeks keseragaman interpopulasi menunjukkan terdapat aliran gen yang berlangsung didalam populasi. Nilai indeks keseragaman intrapopulasi menunjukkan ikan tengadak asal Jawa (66,7-86,7%), lebih tinggi dibandingkan Sumatera dan Kalimantan (53,3-66,7%), sedangkan indeks keseragaman interpopulasi ditemukan antara ikan tengadak asal Jawa dengan Kalimantan dan Kalimantan dengan Sumatera sebesar 6,7% namun tidak ditemukan indeks keseragaman (0%) antara Jawa dengan Sumatera. Menurut Setijaningsih (2007), tinggi rendahnya nilai indeks keseragaman dipengaruhi oleh sumber genetik pembentuknya, semakin tinggi indeks keseragaman menunjukkan eksklusifitas populasi atau diduga merupakan populasi yang tertutup.

### Simpulan

Keragaman genetik ikan tengadak asal Kalimantan menunjukkan polimorfisme dan heterozigositas tertinggi serta hubungan kekerabatan genetik yang paling jauh dibandingkan dengan



populasi Sumatera dan Jawa. Persentase indeks keseragaman intrapopulasi pada ikan tengadak Jawa menunjukkan yang tertinggi sedangkan indeks keseragaman interpopulasi rendah yaitu antara populasi asal Jawa dengan Kalimantan (6,7%) dan tidak ditemukan keseragaman dengan populasi asal Sumatera. Ikan tengadak asal Kalimantan potensial sebagai sumber genetik donor untuk pengembangan budi daya melalui silang luar dengan populasi Jawa.

### Persantunan

Penulis mengucapkan terimakasih kepada ibu Irin Iriana Kusmini, Sudarmaji, Fera Permata Putri, dan Sri Sundari atas bantuan yang diberikan selama penelitian.

### Daftar pustaka

- Asih S, Nugroho E, Kristanto AH, Mulyasari. 2008. Penentuan variasi genetik ikan batak (*Tor soro*) dari Sumatera Utara dan Jawa Barat dengan metode analisis Random Amplified Polymorphism DNA (RAPD). *Jurnal Riset Akuakultur*, 3(1): 91-97.
- Ath-Thar MF, Soelistyowati DT, Gustiano R. 2015. Performa reproduksi ikan sepat siam (*Trichopodus pectoralis* Regan 1910) asal Sumatera, Jawa dan Kalimantan. *Jurnal Iktiologi Indonesia*, 14 (3): 201-210.
- Dunham RA. 2004. *Aquaculture and Fisheries Biotechnology : Genetic Approach*, CABI Publishing, Cambridge, USA. 372 p.
- Falconer FS, Mackay TFC. 1996. *Introduction to Quantitative Genetics*. Longman, England. 464 p.
- Gjedrem T. 2005. *Selection and Breeding Program in Aquaculture*. Akvaforsk, As. Norway. 364 p
- Gusmiati, Restu M, Pongtuluran. 2012. Seleksi primer untuk analisa keragaman genetik jenis bitti (*Vites coffassus*). *Jurnal Perennial*. 8(1): 25-29.
- Gustiano R, Kusmini I, Ath-thar MFH. 2015. *Mengenal Sumber Daya Genetik Ikan Spesifik Lokal Air Tawar Indonesia untuk Pengembangan Budidaya*. IPB Press. Bogor. 51 p.
- Gustiano R, Oktaviani T, Soelistyowati DT, Kusmini I, Wahyutomo, Huwoyon G. 2013. Analisa ragam genotip RAPD dan fenotip truss morphometric pada tiga populasi ikan gabus (*Channa striata*). *Berita Biologi*, 12 (3) : 325-333
- Iskandariah, Soelistyowati DT, Gustiano R, Kusmini II, Huwoyon GH. 2015. Ragam genetik tiga populasi sepat siam asal Kalimantan menggunakan analisis RAPD dan pengukuran morfometrik truss. *Berita Biologi*, 14(1): 57-68
- Kusmini II, Gustiano R, Mulyasari. 2012. Karakterisasi genetik ikan Kelabau (*Osteochilus kelabau*) dari berbagai lokasi di Kalimantan Barat menggunakan analisis RAPD. *Berita Biologi*, 10(4): 449-454.
- Kusmini II, Mulyasari, Widiyati A, Nugroho E. 2009. Karakter genetik ikan tengadak (*Barbodes* sp.), ikan tawes albino (*Barbodes* sp.) dan ikan tawes (*Barbodes gonionotus*). In: Rustadi, Ustadi, Djumanto (editor). *Prosiding Seminar Nasional Tahunan VI Hasil Penelitian Perikanan dan Kelautan (2009)*. Yogyakarta, Indonesia. Yogyakarta (ID). UGM. hlm. 332-338.
- Li S, Cai W, Zhou B. 1993. Variation in morphology and biochemical genetic markers among populations of blunt snout bream (*Megalobrama amblycephala*). *Aquaculture*, 111(1-4): 117-127.
- Leary RF, Allendorf FW, Knudsen KL. 1985. Development instability and high meristic counts in interspecific hybrid of salmonid fishes. *Evolution*, 3: 1318-1326.
- Lorenzen K, Beveridge MCM, Mangel M. 2012. Cultured fish: integrative biology and management of domestication and interactions with wild fish. *Biology Review*, 87(3): 639-660.
- Mulyasari 2010. Karakteristik fenotipe morfometrik dan keragaman genotipe RAPD (Random Amplified Polymorphism DNA) ikan nilem (*Osteochilus hasselti*) di Jawa Barat. *Tesis*. Sekolah Pascasarjana Institut Pertanian Bogor, 63 p.
- Miller MP. 1997. Tools for Population Genetic Analysis (TFPGA) version 1.3. Department of Biological Science. Northern Arizona University, Arizona, USA.
- Nugroho E, Takagi M, Taniguchi N. 1997. Practical manual on detection of DNA polymorphism in fish population study. *Bulletin of Marine Sciences and Fisheries*, 18(1): 109-129.

- Nugroho E, Hadie W, Subagja J, Kurniasih T. 2005. Keragaman genetik dan morfometrik pada ikan baung, *Mystus nemurus* dari Jambi, Wonogiri dan Jatiluhur. *Jurnal Penelitian Perikanan Indonesia*, 11(1): 1-6.
- Nugroho E, Subagja J, Asih S, Kurniasih T. 2006. Evaluasi keragaman genetik ikan kancra dengan menggunakan marker mt DNA D-loop dan Random Amplified Polymorphism DNA (RAPD). *Jurnal Riset Akuakultur*, 1 (2): 211-217.
- Slamat, Thohari AM, Soelistyowati DT. 2011. Keanekaragaman genetik ikan betok (*Anabas testudineus*) pada tiga ekosistem perairan rawa di Kalimantan Selatan. *Agroscentiae*, 18(3): 129-135
- Setijaningsih L, Arifin OZ, Gustiano R. 2007. Karakterisasi tiga strain ikan gurame (*Osphronemus gouramy lac.*) berdasarkan metode truss morfometrik. *Jurnal Iktiologi Indonesia*, 7(1): 23-30
- Sundari S, Iskandariah, Huwoyon GH, Kusmini II, Gustiano R. 2012. Keragaman genetik 3 populasi ikan tambakan (*Helostoma temminckii*) asal Sumatera, Jawa dan Kalimantan menggunakan metode RAPD. In: Haryanti, Imron, Rachmansyah, Sunarto A, Sugama K, Sumiarsa GS, Parenrengi A, Azwar ZI, Sudrajat A, Kristianto AH, editor. *Prosiding Forum Inovasi Teknologi Akuakultur* (8-11 Juni 2012). Makasar, Indonesia. Jakarta (ID) : P4B. hlm 1109-1114
- Tave D. 1993. *Genetic for Fish Hatchery Managers*. Kluwer Academic Publishers. Netherland. 415 p.