

Karakterisasi biometrik tiga populasi ikan semah *Tor douronensis* (Valenciennes, 1842) dalam mendukung konservasi sumber daya genetik

[Biometric characterization three population of semah mahseer *Tor douronensis* (Valenciennes, 1842) in support to conservation of genetic resources]

Otong Zenal Arifin^{✉1}, Jojo Subagja¹, Wartono Hadie²

¹ Balai Penelitian dan Pengembangan Budidaya Air Tawar
Jl. Sempur No. 1 Bogor

² Pusat Penelitian dan Pengembangan Perikanan Budidaya
Jl. Ragunan 20, Pasar Minggu, Jakarta Selatan 12540

Diterima: 15 April 2014; Disetujui: 05 Mei 2015

Abstrak

Eksploitasi berlebih ikan semah oleh para nelayan, merupakan ancaman terhadap populasi dan mengganggu keragaman genetik yang berakibat pada terganggunya kelestarian populasi ikan ini di alam. Penelitian ini bertujuan untuk mengevaluasi keragaman genetik populasi ikan semah yang berasal dari Sungai Alas, Gunung Leuser Aceh Tenggara sebagai upaya awal langkah yang dapat ditempuh untuk mempertahankan sumber keragaman genetik. Metode yang digunakan adalah analisis bentuk tubuh dengan *truss morphometric*, yang membagi tubuh ikan kedalam *truss cell* dan *truss line*. Hasil yang diperoleh menunjukkan bahwa karakter tiga populasi ikan semah dari Sungai Alas memiliki keragaman internal yang semakin meningkat dari populasi-1 hingga populasi-3 secara berturut-turut 62,5%; 81,0%; dan 85,7%. Keteraturan hubungan antarpopulasi ditunjukkan oleh populasi-1 yang menjadi bentuk umum dari semua populasi. Populasi-2 menerima *sharing allele* sebesar 25% dari populasi-1 dan dipertahankan dalam populasi internalnya sebesar 81,0% dan 19,0% menjadi bentuk umum (*common allele*) dari populasi-1 dan populasi-2. Populasi-3 menerima *sharing allele* dari populasi-1 sebesar 12,5% dan dipertahankan dalam populasi internalnya sebesar 85,7% dan 14,3% menjadi bentuk umum dari populasi-2 dan populasi-3. Secara umum keragaman genetik semakin meningkat dari populasi-1 hingga populasi-3. Dengan demikian populasi-3 dapat digunakan sebagai populasi kandidat untuk dikembangkan dalam budidaya dan konservasi.

Kata penting: karakterisasi, keragaman, konservasi

Abstract

Semah mahseer populations are threatened due to the massive exploitation by fishermen, and disrupt the genetic diversity, thus resulting in the disruption of the natural population sustainability. The purpose of this study was to evaluate the genetic diversity semah mahseer from the Alas River, Mount Leuser, South East Aceh. This is the first step to maintaining a source of genetic diversity semah mahseer. Truss morphometric used to analyze the shape of the body that divides the body of the fish into the truss cell and the truss line. The results showed that the character of the three semah mahseer populations has an increasing internal diversity in the population - 1 to population-3 i.e. 62.5 %, 81.0 % and 85.7 % respectively. Population - 1 is a common form of all populations that showed the relationship between populations. Population - 2 received the sharing allele 25.0 % of the population - 1, and retained in the internal population of 81.0 % and 19.0 %, which is a common form of the population 1 and population- 2. Population-3 received the sharing allele 12.5% of the population - 1, and retained in the internal population of 85.7 % and 14.3%, which is a common form of the population-2 and population - 3. In general, genetic diversity increased from population-1 to population-3. Therefore population-3 is a potential candidate to be developed in the cultivation and conservation.

Key words: characterization, variation, conservation

Pendahuluan

Ikan semah merupakan salah satu jenis ikan dari genus *Tor* yang tersebar luas di wilayah Asia Tenggara. Di Indonesia terdapat empat jenis yang termasuk populasi jenis ikan ini, yaitu: *Tor tambroides*, *T. douronensis*, dan *T. soro* (Kottelat

et al. 1993 dan Roberts 1999). Sebelumnya Weber & de Beaufort (1916) menggunakan *Labeo barbuis* sebagai nama genusnya dan karakter utama yang membedakan diantara jenis-jenis tersebut adalah keberadaan dan ukuran cuping pada bibir bawah. Ikan yang termasuk dalam genus *Tor* memiliki potensi yang baik untuk industri akuakultur (Ingram *et al.* 2005), dikenal sebagai

✉ Penulis korespondensi
Alamat surel: zenalarifin@gmail.com

ikan hias karena warna sisiknya yang menarik (Ng 2004) dan merupakan ikan konsumsi yang memiliki nilai jual yang tinggi.

Domestikasi ikan semah untuk dibudidayakan perlu dilakukan agar kebutuhan masyarakat terpenuhi dan populasi alam tetap terjaga. Untuk keperluan ini maka dibutuhkan individu ikan yang memiliki keragaman genetik yang tinggi. Pendugaan keragaman genetik dapat dilakukan menggunakan dua cara yakni genotip dan fenotip (Hadie *et al.* 2002).

Keragaman fenotip secara kuantitatif adalah gabungan dari variasi genetik, variasi lingkungan, dan variasi interaksi antar genetik dengan lingkungan (Tave 1993). Fenotip individu dengan keragaman genetik yang tinggi menunjukkan *fitness* yang lebih baik meliputi laju pertumbuhan, fekunditas, viabilitas serta daya tahan terhadap perubahan lingkungan dan stres (Dunham 2002). Semua fenotip dikontrol oleh lingkungan yang meliputi: nutrisi, kualitas fisik/biologis/kimiawi, dan penyakit. Oleh karenanya lingkungan memegang peranan penting dalam memunculkan fenotip kuantitatif (Tave 1993).

Ukuran ikan adalah jarak antara satu bagian tubuh ke bagian tubuh yang lain. Karakter morfometrik yang sering digunakan untuk diukur antara lain panjang total, panjang baku, panjang cagak, tinggi dan lebar badan, tinggi dan panjang sirip, dan diameter mata (Parin 1999). Studi morfometrik secara kuantitatif memiliki tiga manfaat, yaitu: (1) dapat membedakan individu antar jenis kelamin atau spesiesnya; (2) menggambarkan pola-pola keragaman morfometrik antar populasi maupun spesies, dan (3) dapat mengklarifikasi hubungan filogenik. Analisis morfometrik dapat juga digunakan untuk mengukur efek dari gen dengan cara menghomogenkan faktor lingkungan (Kusrini *et al.* 2008).

Tujuan penelitian ini adalah untuk menganalisis keragaman genetik dengan menggunakan pendekatan fenotip melalui karakter biometrik sebagai upaya konservasi sumber daya genetik ikan semah (*Tor douronensis*).

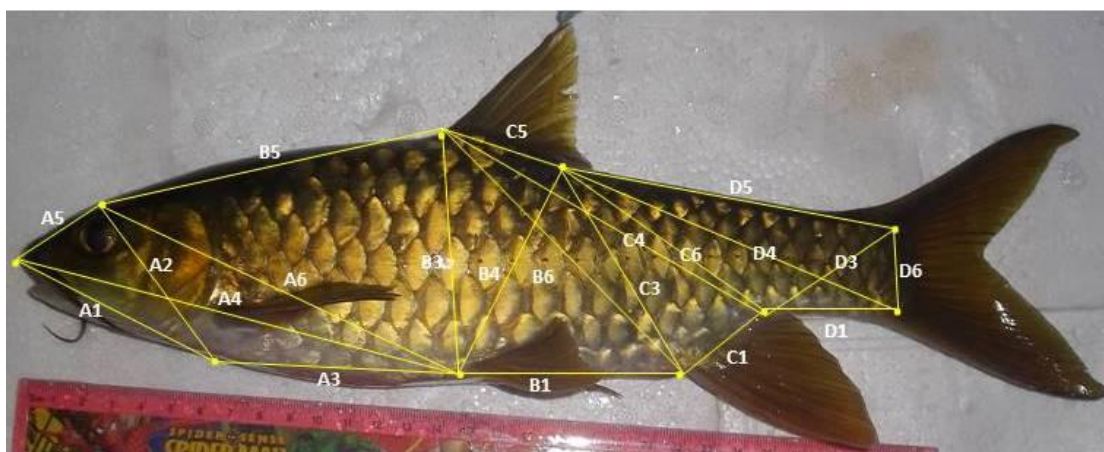
Bahan dan metode

Populasi ikan uji berasal dari hasil pengumpulan penangkar di Sungai Alas Kawasan Penyangga Gunung Leuser Aceh Tenggara. Populasi pertama merupakan ikan uji yang diperoleh dari hasil tangkapan di aliran sungai wilayah Desa Rumah Bundar, Kecamatan Ketambe dengan menggunakan tangguk dan jala pada bulan April tahun 2011, yaitu populasi pada satu tahun sebelum upaya konservasi. Ikan koleksi dipelihara di Balai Benih Ikan Kutacane Aceh Tenggara. Populasi kedua merupakan ikan hasil tangkapan dari wilayah yang sama yang ditangkap pada bulan April tahun 2012 dan dipelihara oleh penangkar setempat, yaitu populasi pada awal kegiatan konservasi. Jumlah ikan yang dipelihara adalah sebanyak 3000 ekor. Populasi ketiga merupakan ikan hasil tangkapan dari wilayah yang sama, ditangkap pada bulan April 2013 yang dipelihara oleh penangkar setempat dan populasi ini merupakan populasi pada tahun kedua upaya konservasi. Upaya konservasi dilakukan dengan menetapkan wilayah larangan untuk menangkap ikan, terutama induk yang sedang beruaya menuju hulu untuk memijah.

Pengukuran morfometrik dilakukan pada ikan koleksi. Setiap populasi ikan diambil secara acak sebanyak 15 ekor. Ikan terlebih dahulu dibius menggunakan dua persenoxethanol dengan dosis 0,3 ml L⁻¹ air, agar saat pengambilan gambar tidak bergerak. Ikan diletakkan di atas alas yang telah ada penggaris sebagai baku ukuran yang sebenarnya. Ikan difoto menggunakan kamera digital 108 PENTAX, 16.0 megapixel.

Gambar ikan dicetak berwarna sesuai dengan ukuran yang sebenarnya. Titik karakter ditandai dengan titik pensil. Hasil penandaan tersebut kemudian dihubungkan menggunakan pensil dan diukur menggunakan jangka sorong dengan ketelitian 0,01 cm. Metode pengukuran morfologi

ikan adalah metode *truss morphometric* yang mengacu pada cara pengukuran menurut Setjainingsih *et al.* (2007) meliputi: pengukuran jarak titik-titik tanda yang dibuat pada kerangka tubuh. Titik karakter seperti tampak pada Gambar 1, sedangkan deskripsinya tertera pada Tabel 1.



Gambar 1. Penentuan titik *truss line* sebagai karakter pada ikan semah (Keterangan huruf dan angka tercantum dalam Tabel 1)

Tabel 1. Deskripsi 21 karakter morfologis morfometrik yang diukur untuk analisis variabilitas intraspesifik

Ruang truss	Kode	Deskripsi jarak
Kepala	A1	Ujung operkulum bawah – ujung mulut
	A2	Ujung operkulum bawah – atas mata
	A3	Ujung operkulum bawah – sirip ventral
	A4	Ujung mulut – sirip ventral
	A5	Ujung mulut – atas mata
	A6	Sirip ventral – atas mata
Tengah tubuh	B1	Sirip ventral – awal sirip anal
	B3	Sirip ventral – awal sirip dorsal
	B4	Sirip ventral – akhir sirip dorsal
	B5	Atas mata – awal sirip dorsal
	B6	Awal sirip anal – awal sirip dorsal
Tubuh belakang	C1	Awal sirip anal – akhir sirip anal
	C3	Awal sirip anal – akhir sirip dorsal
	C4	Awal sirip dorsal – akhir sirip anal
	C5	Awal sirip dorsal – akhir sirip dorsal
	C6	Akhir sirip anal – akhir sirip dorsal
Pangkal ekor	D1	Akhir sirip anal – awal sirip ekor bawah
	D3	Akhir sirip anal – awal sirip ekor atas
	D4	Akhir sirip dorsal – awal sirip ekor bawah
	D5	Akhir sirip dorsal – awal sirip ekor atas
	D6	Awal sirip ekor bawah – akhir sirip ekor atas

Data seluruh karakter dikonversi ke dalam rasio karakter dibagi panjang baku. Data rasio ukuran karakter dianalisis menggunakan program SPSS versi 10.0. Perbandingan besarnya keragaman morfologis dilakukan secara deskriptif dengan menggunakan rata-rata koefisien keragaman (CV). Untuk melihat penyebaran karakter dilakukan analisis canonical, untuk melihat keterkaitan korelasi dengan analisis diskriminan.

Hasil

Populasi ikan yang diperoleh terlebih dahulu dilakukan pengamatan secara morfologi, mengacu pada ciri khusus yang dapat membedakan dengan spesies *Tor* lainnya. Weber & de Beaufort (1916) mengemukakan bahwa ikan *Tor douronensis* memiliki ciri khusus cuping bibir bawah tidak mencapai sudut mulut (Gambar 2a). Berdasarkan pengamatan terhadap warna sisik, ikan semah mempunyai sisik dengan pigmen warna gelap berada di pangkal dan pigmen terang berada di ujung, kebalikan dari posisi pigmen warna pada spesies *Tor* lainnya, sehingga posisi sisik tampak seperti terbalik, susunan tampak seperti dari arah ekor ke kepala (Gambar 2b).

Ketiga populasi ikan uji mempunyai rataan panjang baku yang berbeda. Hal ini dikarenakan umur ikan yang berbeda. Secara umum nilai koefisien keragaman dalam populasi tergolong

kategori yang cukup rendah, nilai tertinggi diperoleh pada populasi dua dengan koefisien keragaman rata-rata panjang baku sebesar 18,0% dan koefisien keragaman rata-rata seluruh karakter sebesar 18,7% (Tabel 2). Rendahnya nilai koefisien keragaman mengindikasikan rendahnya keragaman genetik populasi ikan uji.

Secara keseluruhan nilai koefisien keragaman rasio ukuran masing-masing karakter dibandingkan dengan panjang baku relatif rendah, yaitu sebesar 9,25%. Nilai tertinggi diperoleh pada populasi tiga sebesar 9,33% dan terendah pada populasi dua dengan nilai sebesar 7,6% (Tabel 3). Hal ini mengindikasikan bahwa bentuk tubuh ikan uji relatif sama baik pada ikan besar maupun ikan kecil.

Analisis diskriminan berfungsi untuk mengklasifikasi suatu individu atau observasi ke dalam populasi yang saling bebas (*mutually exclusive disjoint*) dan menyeluruh (*exhaustive*) berdasarkan sejumlah variabel penjelas. Tabel 3 berfungsi untuk menguji perbedaan yang signifikan antara populasi ikan uji untuk setiap variabel karakter. Secara umum semua karakter menunjukkan perbedaan yang nyata ($P < 0,05$), kecuali untuk karakter A4, B5, C4, C5, D5 dan D6 yang tidak dapat membedakan secara nyata (Tabel 4).



Gambar 2. Ciri khusus *Tor douronensis*, a) cuping bibir bawah; b) posisi pigmen warna

Tabel 2. Rataan ukuran karakter, simpangan baku, dan koefisien varian masing-masing populasi ikan uji

Karakter	Populasi 1			Populasi 2			Populasi 3			Populasi Gabungan		
	rt (cm)	sb (cm)	CV (%)	rt (cm)	sb (cm)	CV (%)	rt (cm)	sb (cm)	CV (%)	rt (cm)	sb (cm)	CV (%)
PS	23,9	3,10	13,0	13,5	2,43	18,0	5,5	0,69	12,4	15,6	7,08	45,3
A1	5,1	0,39	7,7	2,9	0,53	18,3	1,3	0,21	15,4	3,4	1,45	42,7
A2	7,0	1,19	17,1	4,1	0,77	18,7	1,4	0,24	17,5	4,7	2,15	46,2
A3	4,0	0,46	11,6	2,2	0,38	16,9	1,0	0,18	17,5	2,7	1,16	42,9
A4	11,8	1,52	12,8	6,9	1,23	17,9	2,8	0,44	15,8	7,9	3,48	43,8
A5	4,5	0,50	11,1	2,6	0,41	16,1	1,2	0,11	9,1	3,1	1,27	41,0
A6	9,4	1,30	13,9	5,5	0,97	17,7	2,1	0,31	14,8	6,4	2,78	43,8
B1	6,7	1,49	22,4	3,6	0,74	20,7	1,3	0,20	15,8	4,4	2,20	50,4
B3	6,9	1,09	15,9	3,9	0,65	16,9	1,5	0,26	17,4	4,6	2,09	45,0
B4	15,1	2,48	16,4	8,5	1,62	19,1	3,2	0,46	14,7	10,0	4,66	46,5
B5	7,6	1,05	13,8	4,3	0,74	16,9	1,7	0,27	15,9	5,2	2,27	43,6
B6	9,5	1,78	18,8	5,2	1,09	20,8	1,9	0,30	15,8	6,4	3,02	47,5
C1	2,0	0,32	15,7	1,2	0,23	19,4	0,6	0,14	21,7	1,6	0,58	35,3
C3	7,2	1,50	21,0	3,9	0,78	20,1	1,3	0,21	16,1	4,8	2,34	48,3
C4	9,9	1,79	18,1	5,7	1,13	19,9	2,2	0,35	15,7	6,8	3,06	44,8
C5	3,2	0,43	13,6	1,8	0,40	22,6	0,8	0,07	8,5	2,4	0,95	39,2
C6	7,3	1,50	20,7	4,2	0,81	19,4	1,5	0,28	18,5	5,1	2,30	45,1
D1	4,1	0,70	17,2	2,5	0,37	14,6	1,2	0,11	9,5	3,2	1,15	36,0
D3	5,1	0,70	13,9	3,0	0,57	19,2	1,3	0,13	9,5	3,8	1,46	38,5
D4	10,5	1,90	18,1	6,2	1,15	18,6	2,4	0,32	13,3	7,4	3,19	43,1
D5	9,9	1,82	18,4	5,7	1,06	18,5	2,2	0,26	11,7	7,0	3,04	43,6
D6	2,9	0,48	16,7	1,5	0,32	20,6	0,7	0,08	11,3	2,3	0,88	38,2

rt = rata-rata; Sb = simpangan baku; CV = koefisien keragaman

Tabel 3. Rataan ukuran karakter masing-masing populasi ikan berdasarkan rasio ukuran karakter dibandingkan dengan panjang baku

Karakter	Populasi 1			Populasi 2			3			Populasi Gabungan		
	rt (cm)	sb (cm)	CV (%)	rt (cm)	sb (cm)	CV (%)	rt (cm)	sb (cm)	CV (%)	rt (cm)	sb (cm)	CV (%)
A1	0,22	0,021	9,7	0,21	0,020	9,2	0,24	0,028	11,7	0,22	0,024	10,7
A2	0,29	0,024	8,3	0,31	0,013	4,3	0,25	0,022	8,6	0,29	0,027	9,1
A3	0,17	0,013	7,9	0,17	0,015	8,7	0,19	0,024	12,7	0,17	0,017	9,8
A4	0,50	0,017	3,5	0,51	0,016	3,1	0,50	0,033	6,6	0,50	0,021	4,1
A5	0,19	0,017	8,8	0,19	0,015	7,7	0,22	0,034	15,1	0,20	0,023	11,6
A6	0,39	0,027	6,8	0,41	0,016	3,9	0,38	0,017	4,6	0,40	0,024	5,9
B1	0,28	0,032	11,4	0,26	0,022	8,3	0,23	0,027	12,0	0,26	0,031	11,7
B3	0,29	0,024	8,5	0,29	0,016	5,5	0,26	0,018	6,7	0,28	0,021	7,4
B4	0,63	0,037	5,9	0,63	0,022	3,4	0,57	0,042	7,3	0,62	0,038	6,1
B5	0,32	0,021	6,6	0,32	0,024	7,3	0,30	0,020	6,5	0,32	0,023	7,1
B6	0,40	0,031	7,8	0,39	0,017	4,4	0,34	0,023	6,8	0,38	0,029	7,6

Tabel 3 (lanjutan). Rataan ukuran karakter masing-masing populasi ikan berdasarkan rasio ukuran karakter dibandingkan dengan panjang baku

Karakter	Populasi 1			Populasi 2			3			Populasi Gabungan		
	rt (cm)	sb (cm)	CV (%)	rt (cm)	sb (cm)	CV (%)	rt (cm)	sb (cm)	CV (%)	rt (cm)	sb (cm)	CV (%)
C1	0,09	0,012	14,3	0,09	0,011	12,1	0,12	0,013	11,3	0,09	0,015	17,0
C3	0,30	0,028	9,6	0,29	0,016	5,4	0,24	0,013	5,4	0,28	0,029	10,1
C4	0,41	0,035	8,3	0,42	0,015	3,6	0,40	0,029	7,4	0,41	0,027	6,5
C5	0,13	0,017	12,3	0,13	0,015	11,0	0,15	0,011	7,2	0,14	0,016	11,5
C6	0,30	0,031	10,2	0,31	0,016	5,0	0,27	0,030	11,2	0,30	0,027	9,1
D1	0,17	0,022	12,9	0,19	0,021	11,3	0,21	0,020	9,3	0,19	0,025	13,5
D3	0,21	0,015	6,9	0,22	0,017	7,6	0,24	0,029	11,9	0,22	0,021	9,5
D4	0,44	0,030	6,9	0,46	0,021	4,7	0,43	0,035	8,1	0,45	0,029	6,5
D5	0,41	0,025	6,1	0,42	0,026	6,1	0,40	0,027	6,7	0,42	0,027	6,5
D6	0,12	0,015	12,2	0,11	0,009	8,1	0,12	0,013	10,6	0,12	0,012	10,4

rt = rata-rata; Sb = simpangan baku; CV = koefisien keragaman

Tabel 4. Nilai wilks' lambda dan signifikansi masing-masing ukuran karakter ikan uji

Karakter	Wilks' Lambda	F	Signifikan
A1	0,809	4,846	0,013
A2	0,498	20,683	0,000
A3	0,850	3,629	0,035
A4	0,877	2,865	0,068^{ns}
A5	0,691	9,183	0,001
A6	0,737	7,298	0,002
B1	0,709	8,426	0,001
B3	0,840	3,895	0,028
B4	0,650	11,021	0,000
B5	0,907	2,111	0,134^{ns}
B6	0,640	11,546	0,000
C1	0,533	17,979	0,000
C3	0,509	19,774	0,000
C4	0,899	2,305	0,113^{ns}
C5	0,867	3,152	0,053^{ns}
C6	0,761	6,434	0,004
D1	0,693	9,062	0,001
D3	0,737	7,303	0,002
D4	0,830	4,191	0,022
D5	0,876	2,900	0,066^{ns}
D6	0,927	1,623	0,210^{ns}

Sebagian besar variabel memiliki korelasi satu dengan yang lain kecuali untuk variabel B3 terhadap A4, karakter B6 terhadap B5, C1 terhadap A3, C5 terhadap B6, D1 terhadap B1, D1 terhadap B5, D1 terhadap C3, D5 terhadap A6

dan D6 terhadap C1. Nilai korelasi positif tertinggi diperlihatkan pada karakter C4 terhadap B6 dan korelasi negatif tertinggi diperlihatkan pada karakter D5 terhadap C5, nilai korelasi negatif ini menunjukkan bahwa semakin tinggi

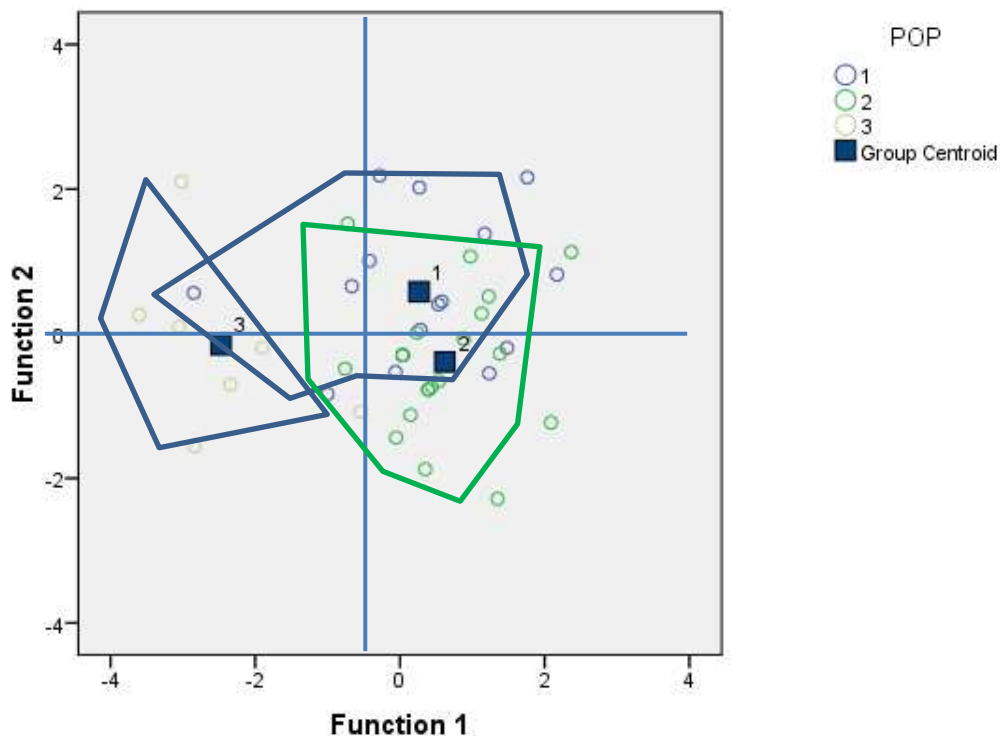
ukuran karakter D5 akan memberikan nilai karakter C5 yang semakin kecil.

Struktur matrik fungsi diskriminan yang menjelaskan korelasi antara variabel karakter ukuran diperoleh hanya karakter A1 pada fungsi satu memiliki nilai -0,161; lebih kecil dibanding pada fungsi dua (0,158); sedangkan karakter lainnya dimasukkan ke dalam fungsi diskriminan dua (Tabel 5). Nilai matriks struktur yang diperoleh dapat menjelaskan tingkat kontribusi dalam proses identifikasi dan klasifikasi.

Berdasarkan teritorial map *Canonical Discriminant Function*, antara populasi-1 dengan populasi-3 memiliki semua wilayah himpitan positif baik pada fungsi satu maupun fungsi dua. Pada populasi-1 dengan populasi-2 sebagian besar wilayah yang berhimpitan adalah negatif, baik pada fungsi satu maupun fungsi dua. Wilayah himpitan antara populasi-2 dengan populasi-3 sangat kecil di mana wilayah himpitan berada pada nilai negatif untuk fungsi satu dan positif untuk fungsi dua (Gambar 3).

Tabel 5. Nilai struktur matrik fungsi diskriminan masing-masing karakter ukuran ikan semah

Karakter	Fungsi struktur matrik	
	1	2
A1	-0,161*	0,158
A2	-0,028	-0,376*
A3	-0,089	0,335*
A4	0,146	-0,325*
A5	0,062	-0,265*
A6	0,106	-0,252*
B1	-0,061	0,241*
B3	0,010	-0,210*
B4	-0,070	-0,208*
B5	0,117	-0,196*
B6	-0,107	0,184*
C1	-0,028	0,180*
C3	0,033	-0,159*
C4	-0,019	0,157*
C5	-0,005	0,147*
C6	-0,044	-0,131*
D1	-0,091	-0,130*
D3	-0,013	-0,125*
D4	0,001	-0,121*
D5	-0,089	-0,091*
D6	0,056	0,081*
% varian	52,8	47,2



Gambar 3. Teritorial map *Canonical Discriminant Function* antar populasi

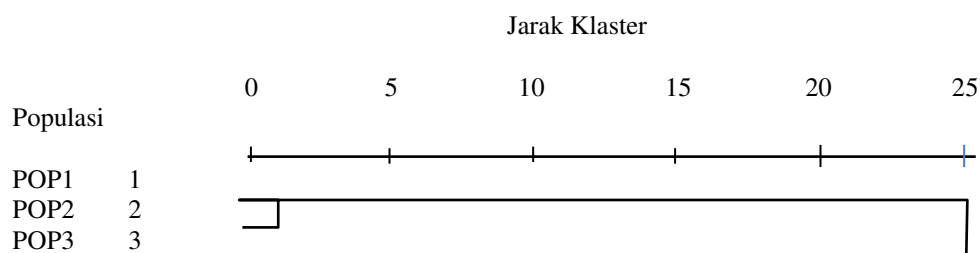
Nilai *sharing component* morfometrik atau indeks kesamaan antar-populasi disajikan pada Tabel 7. Dari 26 karakter yang membangun bentuk tubuh umum suatu populasi menunjukkan adanya hubungan antar populasi. Populasi-1 memberikan andil kepada populasi-2 dan popu-

lasi-3. Namun tidak demikian antara populasi-2 ke populasi-3.

Analisis kluster 26 karakter pada masing-masing populasi memperlihatkan hubungan erat antara populasi-1 dan populasi-2, tetapi tidak pada populasi-3 (Gambar 4).

Tabel 7, Nilai prediksi pertukaran komponen (*sharing component*) atau indeks kesamaan populasi (%)

Populasi	1	2	3	Total
1	62,5	25,0	12,5	100,0
2	19,0	81,0	0,0	100,0
3	0,0	14,3	85,7	100,0



Gambar 4. Kluster dari tiga populasi berdasarkan jarak *euclidean*

Pembahasan

Rendahnya koefisien keragaman pada populasi ikan semah uji yang berasal dari Sungai Alas Aceh Tenggara dapat dijadikan sebagai indikasi awal rendahnya keragaman genetik populasi tersebut. Wedemeyer (2001) mengemukakan bahwa fenotip merupakan hasil interaksi antara genotip dan lingkungan serta merupakan bentuk luar atau sifat-sifat yang tampak. Genotip menentukan karakter sedangkan lingkungan menentukan sampai di mana tercapainya potensi tersebut. Variasi yang terdapat untuk tiap-tiap karakter fenotip bersifat tetap, merupakan ekspresi dari hasil interaksi antara genotip dan lingkungan. Rendahnya keragaman genetik yang terjadi pada populasi alam biasanya lebih disebabkan oleh terjadinya penurunan populasi akibat rusaknya habitat oleh pencemaran lingkungan maupun alih fungsi relung air yang menjadikan siklus reproduksi dan siklus hidup ikan terganggu, atau terjadinya penangkapan secara berlebihan sehingga populasi ikan menjadi berkurang. Ikan semah merupakan jenis ikan yang melakukan ruaya ke hulu sungai untuk melakukan pemijahan dan sangat bergantung kepada musim. Kurangnya populasi ikan yang ada, dapat menjadi salah satu penyebab besarnya peluang terjadi silang dalam, yang pada akhirnya akan menyebabkan terjadinya penurunan kualitas genetik ikan yang ada. Soewardi (2007) mengemukakan bahwa penurunan keragaman genetik bisa disebabkan oleh beberapa hal seperti isolasi populasi, silang dalam, dan hanyutan genetik.

Berdasarkan nilai kesamaan ukuran tubuh, populasi-1 dan populasi-2 termasuk ke dalam kategori homogen sedangkan populasi-3 termasuk ke dalam kategori heterogen. Nilai kesamaan ukuran tubuh menjelaskan adanya percampuran yang terukur antara populasi-1 dengan lainnya (Suparyanto *et al.* 1999). Semakin tinggi nilai

sharing component intrapopulasi semakin rendah keragaman genetiknya, dengan kata lain populasi tersebut lebih murni dibandingkan lainnya, begitu juga sebaliknya. Nilai kesamaan ukuran tubuh (Tabel 7) memberikan penjelasan adanya percampuran yang terukur antara populasi satu dengan lainnya. Di antara ketiga populasi yang ada terlihat adanya *sharing component* antarpopulasi, dan semua komponen variabel terukur dibangun antara masing-masing populasi.

Melihat terjadinya kenaikan keragaman genetik pada populasi 3 dapat dijelaskan ke dalam dua hal. Pertama, pemerintah daerah melalui Dinas Kelautan dan Perikanan Kabupaten Aceh Tenggara telah menetapkan zonasi wilayah tangkapan dan pelestarian, larangan penangkapan induk dan pembinaan terhadap masyarakat setempat untuk tidak menggunakan alat tangkap yang berbahaya bagi lingkungan perairan sebagai upaya konservasi melalui antisipasi mempertahankan sumber daya genetik ikan semah yang ada. Hal kedua adalah terkait ukuran ikan yang diukur, di mana populasi 1 dan 2 relatif berukuran besar sedangkan populasi ke 3 berukuran kecil, ada kemungkinan bahwa populasi 3 belum memiliki ukuran yang definitif untuk dilakukan pengukuran.

Hasil analisis *scatter plots* (Gambar 2) memperlihatkan hubungan antar populasi yang diwakili oleh variabel sebagai komponen penyusunnya. Keeratan hubungan antar populasi, ditunjukkan oleh *sharing component* (Tabel 7). Populasi-1 terlihat sebagai bentuk umum dari semua populasi, artinya populasi-1 memberikan andil alel (*sharing allele*) kepada populasi-2 dan populasi-3. Gambar 2 juga menunjukkan bahwa bentuk umum tubuh ikan tor terpelihara pada semua populasi, sedangkan bentuk setiap populasi (Tabel 7) masing-masing dipertahankan dalam

populasinya sebesar 62,5% (populasi-1), 81,0% (populasi-2), dan 85,7% (populasi-3).

Keeratan hubungan populasi ditunjukkan oleh Gambar 3, di mana populasi-1 menjadi bentuk umum semua populasi. Populasi-2 menerima *sharing allele* sebesar 25% dari populasi-1 dan dipertahankan dalam populasi internalnya sebesar 81,0% dan 19,0% menjadi bentuk umum (*common allele*) dari populasi-1 dan populasi-2. Populasi-3 menerima *sharing allele* dari populasi-1 sebesar 12,5% dan dipertahankan dalam populasi internalnya sebesar 85,7% dan 14,3% menjadi bentuk umum dari populasi-2 dan populasi-3. Hal ini menunjukkan bahwa populasi-3 memiliki keragaman *internal allele* yang tinggi, sebagai indikasi meningkatnya keragaman genetik dan meningkatkan peluang hidup ikan ini di alam. Dunham (2002) mengemukakan bahwa keragaman genetik penting untuk kelangsungan hidup jangka panjang suatu spesies dan juga dapat menjamin *fitness* suatu spesies atau populasi dengan memberikan spesies atau populasi tersebut kemampuan untuk beradaptasi pada perubahan lingkungan.

Perbedaan bentuk umum pada ketiga populasi ini bisa terjadi, karena sampel yang dikumpulkan pada rentang waktu yang berbeda sebagai perlakuannya. Perbedaan bentuk umum antarpopulasi dapat dipengaruhi oleh banyak hal diantaranya variabel yang digunakan (Jayasankar *et al.* 2004). Perubahan bentuk fenotipik merupakan gambaran adanya perubahan secara genetik. Artinya bahwa perubahan fenotip tersebut bisa dihasilkan oleh adanya perubahan gen secara termodinamik ataupun bioenergetik (Hadie *et al.* 2002). Namun demikian perubahan keragaman genetik tidak dapat berjalan secara cepat, atau perubahan genetik langsung muncul perubahan fenotip atau sebaliknya. Tidak selalu perubahan genetik diikuti oleh perubahan fenotip. Oleh ka-

rena itu hasil pengukuran fenotipik menggunakan variabel morfometrik tidak selalu sama dengan hasil pengujian secara molekuler. Walaupun jika populasi telah terpisah menjadi metapopulasi dalam jangka waktu yang cukup, perubahan fenotip demikian bisa terdeteksi secara molekuler juga (Kusrini *et al.* 2008).

Keragaman internal populasi meningkat dari populasi-1 hingga populasi-3, hal ini merupakan bentuk adaptasi terhadap lingkungan pada waktu terbentuknya populasi (ontogenesis). Jika populasi-3 terus didukung dengan oleh jumlah individu penyusunnya (*funding population*) semakin besar, maka keragaman genetik dalam populasi juga akan semakin meningkat. Peningkatan keragaman genetik dalam populasi akan sangat dipengaruhi oleh adanya lingkungan yang mendukung. Dukungan lingkungan terhadap populasi tersebut dapat dilakukan melalui upaya konservasi dalam jangka panjang, melalui pembentukan lubang larangan dan pembatasan baik waktu penangkapan, jumlah maupun ukuran ikan yang diperbolehkan untuk ditangkap.

Sinyal perubahan karakter gen dapat dilihat pada enam *truss line* yaitu A4, B5, C4, C5, D6, dan D5. Pada 15 karakter lain tidak terlihat adanya perbedaan yang nyata antar populasi, hal tersebut mengindikasikan adanya konservasi gen yang ketat pada karakter tersebut. Perubahan pada karakter tersebut akan memengaruhi bentuk tubuh ikan dan akan memberikan perbedaan bentuk secara keseluruhan antarpopulasi. Dengan adanya perubahan tersebut dapat dinyatakan bahwa terdapat pengaruh lingkungan yang nyata antarpopulasi. Menurut Sommer (2009), untuk benar-benar memahami hubungan antara variasi genetik dan keragaman fenotipik diperlukan analisis yang lebih mendalam pada tingkat molekuler. Selanjutnya perlu dipertimbangkan adanya sifat-sifat fenotipik yang dipertahankan pada level ge-

nus atau spesies meskipun adanya perubahan molekuler dalam gen yang menentukan perubahan fenotipik tersebut.

Simpulan

Karakter tiga populasi ikan semah dari Sungai Alas memiliki keragaman internal yang semakin meningkat dari populasi-1 hingga populasi-3 secara berturut-turut 62,5%, 81,0%, dan 85,7%. Keeratan hubungan antar populasi ditunjukkan oleh populasi-1 yang menjadi bentuk umum semua populasi. Populasi-2 menerima *sharing allele* sebesar 25% dari populasi-1 dan dipertahankan dalam populasi internalnya sebesar 81,0% dan 19,0% menjadi bentuk umum (*common allele*) dari populasi-1 dan populasi-2. Populasi-3 menerima *sharing allele* dari populasi-1 sebesar 12,5% dan dipertahankan dalam populasi internalnya sebesar 85,7% dan 14,3% menjadi bentuk umum dari populasi-2 dan populasi-3. Secara umum keragaman genetik semakin meningkat dari populasi-1 hingga populasi-3. Dengan demikian populasi-3 dapat digunakan sebagai populasi kandidat untuk dikembangkan dalam budi daya dan konservasi.

Daftar pustaka

- Dunham RA. 2011. *Aquaculture and Fisheries Biotechnology: Genetic Approach*. CABI Publishing, Cambridge, USA. 344 p
- Hadie W, Sumantadinata K, Carman O, Hadie LE. 2002. Pendugaan jarak genetik populasi udang galah (*Macrobrachium rosenbergii* de Man) dari Sungai Musi, Sungai Kapuas, dan Sungai Citanduy dengan truss morfometrik untuk mendukung program pemuliaan. *Jurnal Penelitian Perikanan Indonesia*, 8(2): 1-7.
- Ingram BA, Sungan S, Gooley GJ, Sim YS, Tinggi D, de Silva SS. 2005. Induced spawning, larval development and rearing of two indigenous Malaysian Mahseer, *Tor tambroides* and *Tor douronensis*. *Aquaculture Research*, 36(10): 1001-1014
- Jayasankar P, Thomas PC, Paulton MP, Mathew J. 2004. Morphometric and genetic analyzes of Indian Mackerel (*Rastrelliger kanagurta*) form Peninsular India. *Asian Fisheries Science*, 17(2): 201-215.
- Kottelat M, Whitten AJ, Kartikasari SN, Wirjoatmodjo S. 1993. *Freshwater Fishes of Western Indonesia and Sulawesi*. Periplus Editions (HK) Ltd., Indonesia. xxxviii + 221 p.
- Kusrini E, Hadie W, Alimuddin, Sumandinata K, Sudrajat A. 2008. Studi morfometrik udang jerbung (*Fenneropenaeus merguensis* de Man) dari beberapa populasi di perairan Indonesia. *Jurnal Riset Akuakultur*, 4(1): 15-21
- Ng CK. 2004. Kings of the Rivers: Mahseer in Malaysia and the Region. Inter Sea Fishery (M), Kuala Lumpur. 17 p.
- Parin NV. 1999. Exocoetidae. In: Carpenter KE, Niem VH. 1999. *FAO Species Identification Guide for Fishery Purposes. The Living Marine Resources of the Western Central Pacific*. Volume 4. Bony Fishes Part 2 (Mugilidae to Carangidae). Food and Agriculture Organization of the United Nations, Rome. pp. 2162-2179
- Roberts TR. 1999. Fishes of the Cyprinid genus *Tor* in the Nam Theun Watershed (Mekong basin) of Laos, with description of a new species. *The Raffles Bulletin of Zoology*, 47(1): 225-236
- Setijaningsih L, Arifin OZ, Gustiano R. 2007. Karakterisasi tiga strain ikan gurame (*Osporonemus gouramy*) berdasarkan metode truss morfometrik. *Jurnal Iktiologi Indonesia*, 7(1): 23-30
- Soewardi K. 2007. *Pengelolaan Keragaman Genetik Sumber Daya Perikanan dan Kelautan*. Departemen Manajemen Sumberdaya Perairan, Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan, Institut Pertanian Bogor, Bogor.
- Sommer RJ. 2009. The future of evo-devo: model systems and evolutionary theory. *Nature Reviews Genetics*, 10(6): 416-422
- Suparyanto A, Purwadaria T, Subandriyo. 1999. Pendugaan jarak genetik dan faktor pembeda bangsa dan kelompok domba di Indonesia melalui pendekatan analisis morfologi. *Jurnal Ilmu Ternak dan Veteriner* 4: 80 -87.
- Tave D. 1993. *Genetics for Fish Hatchery Managers*. The AVI Publication Company Inc. New York. 418 p.

Weber M, de Beaufort LF. 1916. *The Fishes of the Indo-Australian Archipelago III, Ostariophysi: Cyprinoidea, Apodes, Synbranchi*. E.J. Brill Ltd, Leiden. 455 p.

Wedemeyer GA. 2001. *Fish Hatchery Management* 2nd ed. American Fisheries Society. Bethesda, MD. 733 p.