

VARIASI GENETIK TIGA POPULASI IKAN NILA (*Oreochromis niloticus*) BERDASARKAN POLIMORFISME mt-DNA

Otong Zenal Arifin¹⁾ dan Titin Kurniasih²⁾

ABSTRAK

Penelitian untuk mengevaluasi keragaman genetik tiga populasi ikan nila telah dilakukan di Balai Riset Perikanan Budidaya Air Tawar, Bogor. Penelitian ini bertujuan untuk mendapatkan informasi variasi genetik ikan nila populasi GET, GIFT, dan nila Danau Tempe sebagai informasi dasar bagi program seleksi karakter kuantitatif. Hasil menunjukkan bahwa ikan nila GET, GIFT, dan nila Danau Tempe memiliki keragaman genetik yang tinggi dengan nilai *haplotype diversity* berturut-turut sebesar 0,7579; 0,5895; dan 0,5333. Jarak genetik terdekat terdapat antara ikan nila GIFT dan nila Danau Tempe, sedangkan jarak genetik terjauh terdapat pada ikan nila GET dengan populasi Danau Tempe.

ABSTRACT: *Genetic variation of three tilapia (*Oreochromis niloticus*) population based on mt-DNA polymorphism. By: Otong Zenal Arifin and Titin Kurniasih*

*Research on evaluating genetic diversity between three populations of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) was conducted at Research Institute for Freshwater Aquaculture, Bogor. This research aimed to obtain preliminary information related with the genetic diversity of GET, GIFT, and Tempe Lake tilapia, which will be used as basic information for the future selective breeding program. Result showed that GET, GIFT, and Tempe Lake tilapia have high haplotype diversity of 0.7579, 0.5895, and 0.5333 respectively. The closest genetic distance was found between GIFT and Tempe Lake tilapia, while the farthest genetic distance was observed between GET and the Tempe Lake population.*

KEYWORDS: *nile tilapia, mt-DNA, genetic diversity, polymorphism*

PENDAHULUAN

Ikan nila merupakan salah satu ikan introduksi yang sudah lama dikenal masyarakat Indonesia. Perkembangan teknologi budi daya ikan ini sudah secara intensif berkembang terutama di keramba jaring apung dan tambak. Untuk mencapai peningkatan produksi budi daya ikan ini, hal yang menjadi prioritas untuk dilakukan adalah perbaikan kualitas genetik benih.

Untuk meningkatkan produktivitas ikan nila, pemerintah melalui Balai Penelitian Perikanan Air Tawar (Balitkranwar) mendatangkan ikan nila GIFT (*Genetic Improvement of Farmed Tilapia*) generasi ke-3 pada tahun 1994, dan

generasi ke-6 tahun 1996, dari Philipina. Ikan nila GIFT adalah hasil persilangan dari 8 strain yang dikumpulkan dari 8 negara di dunia yaitu Mesir, Ghana, Senegal, Kenya, Israel, Singapura, Thailand, dan Taiwan (Vellasco & Janagap, 1998). Nila GIFT ini melengkapi koleksi ikan nila yang sudah didatangkan sebelumnya, seperti nila 69 (nila lokal) yang didatangkan tahun 1969, nila red NIFI tahun 1981, dan nila chitralada tahun 1984 (Widiyati & Sudarto, 1997). Selanjutnya pada tahun 2002, pemerintah melalui Balai Pengembangan Benih Ikan (BPBI), Wanayasa mendatangkan ikan nila GET (*Genetically Enhanced Tilapia*).

Penyebaran ikan nila GIFT yang pesat akhir-akhir ini menyebabkan kualitasnya tidak ter-

¹⁾ Peneliti pada Balai Riset Perikanan Budidaya Air Tawar, Bogor

kontrol dan cenderung mengalami penurunan. Permasalahan yang sering dihadapi dalam budi daya ikan nila adalah kecenderungan terjadinya penurunan laju pertumbuhan, kematangan gonad usia dini, dan ukuran individu yang kecil. Salah satu penyebab terjadinya hal tersebut adalah akibat terjadinya penurunan tingkat keragaman genetik. Nugroho *et al.* (2002) yang mengevaluasi keragaman genetik nila GIFT di tingkat pengguna, yaitu nila GIFT Sukamandi, Sukabumi, Jatiluhur, dan Cirata, serta ikan nila 1969 dari Danau Tempe, melaporkan bahwa nilai diversitas genetik populasi nila yang diamatinya tergolong rendah (0,167—0,368) apabila dibandingkan dengan ikan budi daya lainnya. Penurunan tingkat keragaman genetik erat kaitannya dengan menurunnya heterozigositas gen. Hal ini terjadi karena sifat ikan nila itu sendiri yang mudah memijah secara alami.

Salah satu pendekatan strategis yang dapat dilakukan untuk meningkatkan keragaan pertumbuhan ikan nila yang cukup tinggi adalah melalui program pemuliaan. Alternatif program pemuliaan yang dilakukan adalah melalui pemuliaan (*selective breeding*) untuk meningkatkan nilai pemuliaan (*breeding value*) suatu populasi.

Keberhasilan program seleksi dalam pemuliaan dipengaruhi tingkat keragaman genetik dan potensi keragaman genetik (Dunham, 1995), sebagai informasi dasar. Untuk mendapatkan informasi tersebut didekati melalui evaluasi keragaman genotipe. Metode polimorfisme mt-DNA merupakan salah satu metode yang dianggap memiliki tingkat akurasi yang cukup tinggi dibanding metode lain.

Penelitian ini bertujuan untuk mengevaluasi keragaman genetik 3 populasi ikan nila (*Oreochromis niloticus*) dalam program seleksi, berdasarkan analisis polimorfisme *D-Loop* mt-DNA. Hasil penelitian ini diharapkan dapat bermanfaat sebagai acuan dalam merancang strategi program perbaikan mutu genetik ikan nila tahap selanjutnya.

BAHAN DAN METODE

Hewan Uji

Hewan uji yang digunakan dalam penelitian ini adalah tiga populasi ikan nila (*Oreochromis* sp.) koleksi, yaitu populasi ikan nila GET (sebanyak 10 sampel), GIFT (10 sampel), dan

Danau Tempe (5 sampel), dengan bobot masing-masing sekitar 10 g.

Ekstraksi DNA

Metode yang digunakan dalam ekstraksi mt-DNA berdasarkan prosedur Amersham-Pharmacia dengan menggunakan *Genomic Prep™ Cell and Tissue Isolation KIT*. Organ yang diekstraksi adalah sirip. Tahapan kerja yang dilakukan meliputi:

- *Cell lysis* dengan menambahkan 300 μ L *cell lysis solution* dan 5 μ L proteinase-K pada sirip yang telah digerus, diinkubasi selama 24 jam pada suhu 55°C. Kemudian RNase dimasukkan sebanyak 1,5 μ L dan diinkubasi pada suhu 37°C selama 1 jam.
- *Protein precipitation* dilakukan dengan penambahan 100 μ L larutan *protein precipitation*. *Divortex* selama 20 detik, disentrifuse kecepatan 14.000 rpm pada suhu 4°C selama 3 menit. Supernatan dipindah ke tabung *eppendorf* baru, yang berisi 300 μ L isopropanol 100%. Diaduk hingga terbentuk benang-benang berwarna putih. Disentrifuse pada 14.000 rpm selama 1 menit sampai DNA mengendap. Supernatan dibuang, tabung *eppendorf* dibiarkan pada suhu ruang hingga kering. Setelah kering ditambahkan 300 μ L etanol 70%. Tabung *eppendorf* disentrifuse pada kecepatan 14.000 rpm selama 1 menit. Supernatan dibuang dan alkohol yang tersisa dihilangkan dengan cara meletakkan tabung *eppendorf* pada posisi terbalik pada suhu ruang. Setelah tabung kering dimasukkan 100 μ L DNA Rehydration Solution (TE Buffer).
- Elektroforesis dilakukan dengan cara menambahkan sebanyak 1 μ L *loading buffer* dengan 3 μ L DNA hasil ekstraksi pada gel agarose 1%, yang dimasukkan pada sumur elektroforesis. Selanjutnya bak elektroforesis dialiri listrik dengan tegangan dan kuat arus yang terprogram secara otomatis.

Amplifikasi D-loop mt-DNA dengan PCR

Amplifikasi *D-loop* mt-DNA menggunakan primer *forward* LH 1509 (5'-CAT ATT AAA CCC GAA TGA TAT TT - 3') dan *reversenya* FH 1202 (5'-ATA ATA GGG TAT CTA ATC CTA GTT T - 3'). Komposisi bahan untuk amplifikasi PCR adalah 2 μ L primer *forward*, 2 μ L *reversenya*, 3 μ L DNA, dan 18 μ L H₂O dengan total volume 25 μ L yang dicampurkan dengan 1 unit *dry taq*. Sampel dimasukkan kedalam mesin PCR

dengan *cycle*: satu siklus *denaturasi* awal pada suhu 94°C selama 2 menit, 33 siklus berikutnya yang terdiri atas *denaturasi* pada suhu 94°C selama 1 menit, *annealing* 50°C selama 1 menit, dan *elongasi* 72°C selama 2 menit. *Elongasi* akhir 1 siklus 72°C selama 7 menit. Proses terakhir adalah penstabilan suhu *elongasi* hingga mencapai 4°C.

Pemotongan dengan enzim restriksi

Jenis enzim restriksi yang digunakan sebanyak 5 enzim restriksi mengacu pada penelitian yang dilakukan pada ikan baung (Nugroho *et al.*, 2005). Adapun jenis enzim yang digunakan tertera pada Tabel 1.

Pemotongan mt-DNA dilakukan dengan mencampur 1 µL enzim restriksi, 1 µL *buffer* enzim, 3 µL DNA *template* dan 5 µL H₂O di dalam tabung *ependorf*. Campuran diinkubasi pada suhu 37°C selama 5 jam. Hasil pemotongan dengan enzim restriksi tersebut dipisahkan melalui elektroforesis gel agarose 2%. Campuran 10 µL mt-DNA hasil pemotongan yang ditambahkan 2 µL *loading buffer* diisikan pada sumur agarose gel. Pada setiap proses elektroforesis digunakan 4 µL marker DNA *lad-*

der 100 bp yang dapat mendeteksi pasangan basa 100 hingga 10.002 bp dan mengandung 20 DNA fragmen pada sumur yang mengapit sampel (Sambrook *et al.*, 1989). Hasil elektroforesis diwarnai dengan merendam gel dalam larutan *ethidium bromide* selama 20 menit, diamati di atas ultraviolet illuminator, dan didokumentasikan dengan film polaroid.

Analisis Data

Analisis variasi mt-DNA dilakukan untuk melihat keragaman genetik tiga populasi ikan nila (*Oreochromis niloticus*) pada masing-masing populasi. Keragaman haplotipe (h) dalam suatu populasi dihitung menurut persamaan Nei & Tajima (1981). Susunan haplotipe dari setiap enzim restriksi dikumpulkan dan dianalisis dengan *exact test for population differentiation* dan *Fst* berdasarkan Raymond & Rousset (1995) dengan menggunakan program *Tool for Population Genetic Analysis* (TFPGA).

Kekerabatan antar populasi dianalisis dengan menggunakan jarak genetik, berdasarkan program UPGMA modifikasi Rogers (1972) dari *software* TFPGA. Data yang dihasilkan dari

Tabel 1. Jenis enzim restriksi yang digunakan untuk memotong mt-DNA ikan nila (*Oreochromis niloticus*)

Table 1. Enzyme used to restrict mt-DNA D-loop sequence of tilapia (*Oreochromis niloticus*)

Jenis enzim <i>Type of enzyme</i>	Sumber <i>Sources</i>	Situs pemotongan <i>Restriction site</i>
<i>Hae III</i>	<i>Haemophilus aegyptius</i>	GG CC CC GG
<i>Rsa I</i>	<i>Rhodopseudomonas sphaeroides</i>	GT AC CA TG
<i>Hinf I</i>	<i>Haemophilus influenza Rf</i>	G ANTC CTNA G
<i>Hind III</i>	<i>Haemophilus influenza Rd</i>	A AGCTT TTCGA A
<i>Sac II</i>	<i>Streptomyces achromogenes</i>	GAGCT C C TCGAG

penggunaan program tersebut berupa konstruksi pohon filogeni yang disajikan dalam bentuk dendrogram.

HASIL DAN BAHASAN

Amplifikasi PCR

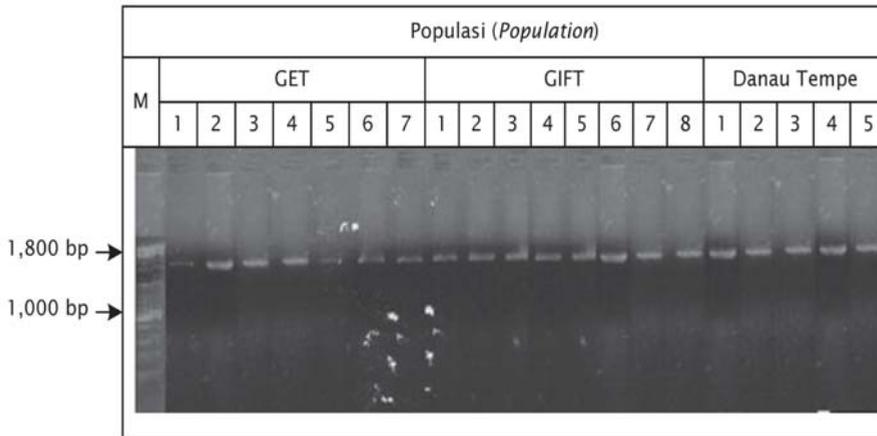
Ekstraksi dan pemurnian genom DNA memberikan hasil ekstraksi yang dapat diamplifikasi lebih lanjut. Hasil amplifikasi (PCR) daerah *D-loop* mt-DNA dengan menggunakan primer *forward* LH 1509 dan *reverse* FH 1202 berkisar 1.800 bp. Hasil amplifikasi tiga populasi ikan nila uji dapat dilihat pada Gambar 1.

Sekuens mt-DNA hasil PCR populasi nila yang diamati mempunyai panjang sekitar 1.200 bp. Lima enzim restriksi (*Rsa* I, *Hae* III, *Hinf* I,

Hind III, dan *Sac* I) yang digunakan untuk memotong sekuens tersebut mempunyai situs restriksi sebagaimana tertera pada Tabel 2.

Polimorfisme pola potongan didapatkan pada enzim *Rsa* I, *Hae* III, dan *Hinf* I. Pemotongan sekuens mt-DNA *D-loop* dengan menggunakan enzim *Rsa* I dan *Hae* III menghasilkan tiga pola, sedangkan dengan enzim *Hinf* I menghasilkan empat pola dan *Hind* III menghasilkan satu pola (Gambar 2).

Berdasarkan hasil pemotongan diperoleh 6 macam komposit haplotipe mt-DNA *D-Loop region*. Tipe potongan sekuens mt-DNA *D-loop* dari beberapa famili ikan nila dengan enzim *Rsa* I, *Hae* III, *Hinf* I, dan *Hind* III tersaji pada Tabel 3.



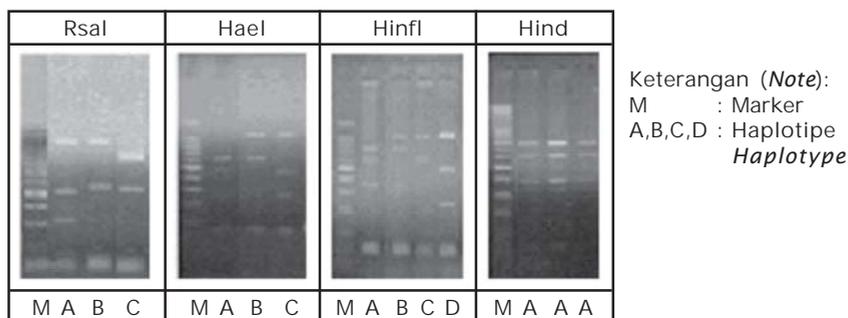
Gambar 1. Produk amplifikasi daerah *D-loop* tiga populasi ikan nila (*Oreochromis niloticus*) (M= marker, 1-7 populasi GET, 1-8 GIFT, dan 1-5 Danau Tempe)

Figure 1. Product of PCR amplification of DNA *D-loop* region of three population of tilapia (*Oreochromis niloticus*) (M= marker, 1-7 GET, 1-8 GIFT, and 1-5 Tempe lake population)

Tabel 2. Jenis enzim dan tipe restriksi pada daerah mt-DNA *D-loop* ikan nila (*Oreochromis niloticus*)

Table 2. Enzyme used and restriction type on the mt-DNA *D-loop* region of tilapia (*Oreochromis niloticus*)

Jenis enzim <i>Type of enzyme</i>	Tipe restriksi <i>Restriction type</i>
<i>Rsa</i> I	<i>Polymorphic</i>
<i>Hae</i> III	<i>Polymorphic</i>
<i>Hinf</i> I	<i>Polymorphic</i>
<i>Hind</i> III	<i>Monomorphic</i>



Gambar 2. Profil RFLP tiga populasi ikan nila (*Oreochromis niloticus*) dengan empat enzim restriksi

Figure 2. RFLP profile of three population of tilapia (*Oreochromis niloticus*) digested by four restriction enzyme

Tabel 3. Tipe restriksi sekuens mt-DNA D-loop ikan nila (*Oreochromis niloticus*) menggunakan enzim *Rsa I*, *Hae III*, *Hinf I*, dan *Hind III*

Table 3. Restriction site of mt-DNA D-loop sequence of three population of tilapia (*Oreochromis niloticus*) digested by enzyme *Rsa I*, *Hae III*, *Hinf I*, and *Hind III*

Populasi (Jumlah sampel) <i>Population (No. of sample)</i>	Enzim (<i>Enzyme</i>)			
	<i>Rsa I</i>	<i>Hae III</i>	<i>Hinf I</i>	<i>Hind III</i>
GET (4)	A	A	A	A
GET (2)	A	B	A	A
GET (2)	B	B	B	A
GET(2)	A	C	C	A
GIFT (6)	A	B	A	A
GIFT (2)	A	C	A	A
GIFT (2)	C	A	D	A
D. Tempe (<i>Tempe lake</i>) (3)	A	B	A	A
D. Tempe (<i>Tempe lake</i>) (2)	A	C	A	A

Jumlah komposit haplotipe yang dimiliki oleh masing-masing populasi ikan nila berkisar antara 2—4. Jumlah komposit haplotipe tertinggi terdapat pada populasi ikan nila GET dengan 4 komposit, sedangkan populasi Danau Tempe memiliki jumlah terendah (2 komposit). Tercatat bahwa ikan nila GIFT dan nila Danau Tempe mempunyai komposit haplotipe mayor tipe 2 (ABAA), dan juga sama-sama memiliki komposit haplotipe nomor 5 (ACAA) meskipun frekuensinya berbeda, sedangkan nila GET didominasi komposit haplotipe tipe 1 (AAAA). Namun demikian nila GET tetap memiliki persamaan dengan GIFT dan Danau Tempe

karena memiliki haplotipe tipe 2, meskipun frekuensinya rendah (Tabel 4).

Adanya kesamaan haplotipe ini mengindikasikan bahwa ketiga populasi yang dianalisis berasal dari sumber-sumber genetik yang mempunyai kedekatan kerabat. Ikan nila GIFT merupakan ikan hasil program seleksi yang awalnya berasal dari 8 populasi negara yang berbeda (Kenya, Mesir, Ghana, Israel, Singapura, Thailand, dan Taiwan) (Velasco & Janagap, 1998), sedangkan nila GET merupakan hasil seleksi antara ikan nila GIFT dengan dilakukan penambahan 2 unsur populasi asal yaitu Kenya dan Mesir. Diduga penambahan

Tabel 4. Variasi genetik tiga populasi ikan nila (*Oreochromis niloticus*) berdasarkan frekuensi haplotype potongan sekuens mt-DNA *D-Loop* yang dipotong dengan enzim *Rsa* I, *Hae* III, *Hinf*I, dan *Hind* III
 Table 4. Genetic variation of three population of tilapia (*Oreochromis niloticus*) based on the haplotype frequency of mt-DNA *D-loop* region restricted by 4 enzyme

Jumlah haplotipe <i>No of haplotype</i>	Haplotype <i>Haplotype</i>	Populasi (<i>Population</i>)		
		GET	GIFT	D. Tempe
1	AAAA	0.4000 (4)	-	-
2	ABAA	0.2000 (2)	0.6000 (6)	0.6000 (3)
3	BBBA	0.2000 (2)	-	-
4	ACCA	0.2000 (2)	-	-
5	ACAA	-	0.2000 (2)	0.4000 (2)
6	CADA	-	0.2000 (2)	-
Jumlah sampel <i>No of sample</i>		10	10	5
Jumlah haplotipe <i>No of haplotype</i>		4	3	2
Haplotype diversitas <i>Haplotype diversity</i>		0.7579	0.5895	0.5333

dua unsur populasi Kenya dan Mesir inilah yang menyebabkan tipe komposit haplotype nila GET dan GIFT mengalami perbedaan. Adanya komposit haplotype 1, 3, dan 4 yang terdapat pada nila GET namun tidak terdapat pada nila GIFT, dimungkinkan berasal dari sumbangan genetik populasi Kenya dan Mesir, sehingga pada populasi GIFT, ekspresinya telah melemah dan bahkan hilang. Sedangkan nila Danau Tempe menurut Widiyati (2003), didatangkan ke Indonesia pada tahun 1969 dari Taiwan, sehingga peluang memiliki kesamaan haplotype dengan GIFT dan GET cukup besar.

Diversitas haplotype atau gen tertinggi terdapat pada nila GET (0,7579), sedangkan nila GIFT dan nila Danau Tempe mempunyai diversitas haplotype hampir sama besar yaitu berturut-turut 0,5895 dan 0,5333. Nilai diversitas haplotype pada GET tertinggi dibandingkan dua populasi lainnya disebabkan karena GET adalah produk hasil seleksi yang lebih baru. Sedangkan nila Danau Tempe dan GIFT telah terlebih dulu diintroduksi kepada pengguna, sehingga kemungkinan untuk terjadinya *inbreeding* ataupun kesalahan manajemen pembenihan lainnya yang ber-

dampak menurunkan keragaman genetik sangat mungkin terjadi. Selain itu, nila GET telah mengalami penambahan sumber genetik baru, sehingga tingkat keragaman genetiknya lebih tinggi.

Variasi genetik ikan nila yang diamati berdasarkan sekuens mt-DNA *D-loop* termasuk rendah dibandingkan dengan *polymorphism* pada ikan laut yang mempunyai jumlah haplotype berkisar 6—17 dengan nilai diversitas 0,6—0,9 (Nugroho, 2002). Penyebab rendahnya tingkat variasi genetik ini karena ikan air tawar mempunyai tingkat migrasi yang lebih rendah sehingga peluang untuk adanya persilangan dengan jenis dan ras yang lainnya semakin kecil pula. Namun apabila dibandingkan dengan lobster air tawar Papua (*Cherax albertisii*) dengan variasi genetik berkisar antara 0—0,611 (Kurniasih & Nugroho, 2004), atau nila Philipina yang berkisar antara 0,5217—0,7333 (La Sifa, 1997), maka ikan nila yang dianalisis ini tergolong memiliki variasi genetik cukup tinggi.

Rendahnya keragaman genetik akan mengakibatkan munculnya sifat-sifat negatif, antara lain menurunnya pertumbuhan, ke-

ragaman ukuran, kestabilan perkembangan organ, tingkat sintasan, serta adaptasi terhadap perubahan lingkungannya (Leary *et al.*, 1985).

Hasil analisis statistik dengan menggunakan AMOVA (*Analysis of Molecular Variance*) menunjukkan bahwa terdapat perbedaan genetik secara nyata antara populasi ikan nila yang diuji ($P < 0,05$). Berdasarkan uji perbandingan nilai *fst* antar populasi dengan menggunakan program TFPGA tercatat bahwa perbedaan terjadi antara populasi GET dibandingkan populasi GIFT dan populasi Danau Tempe, sedangkan populasi GIFT tidak berbeda nyata dibandingkan dengan populasi Danau Tempe (Tabel 5).

Perbedaan secara nyata antara populasi GET dengan dua populasi lainnya mengindikasikan bahwa populasi GET berasal dari induk dengan keragaman genetik yang berbeda dengan populasi GIFT dan Danau Tempe, yaitu akibat kontribusi dari Kenya dan Mesir. Sedangkan populasi GIFT tidak berbeda nyata dengan populasi Danau Tempe, hal ini dapat disebabkan oleh adanya unsur genetik yang sama dari kedua populasi tersebut, yaitu unsur selektif *breeding* dari Taiwan. Selain itu, berdasarkan informasi, ikan nila Danau Tempe (1969) mempunyai sumber induk yang berasal

dari Afrika, demikian pula ikan nila GIFT salah satu sumber genetiknya berasal dari Mesir (Afrika). Lebih jauh lagi, tidak tertutup kemungkinan pula bahwa nila GIFT sebenarnya telah diintroduksi ke Danau Tempe dan telah berbaur dengan populasi nila yang ada sebelumnya, sehingga fenomena ini memperbesar peluang adanya kesamaan sumber genetik sebagai akibat dari distribusi ikan nila. Hasil ini sesuai dengan laporan Nugroho *et al.* (2002) yang mengevaluasi beberapa populasi nila GIFT dan nila 1969 Danau Tempe, bahwa tidak ada perbedaan genetik secara nyata antara populasi GIFT dan Danau Tempe, sehingga diduga nila GIFT dan nila Danau Tempe memiliki asal usul sumber genetik yang sama.

Jarak genetik berdasarkan situs restriksi dari 4 enzim antara populasi ikan nila tertera pada Tabel 6.

Jarak genetik rata-rata antara populasi ikan nila adalah sekitar 0,6232 dendrogram yang dibentuk berdasarkan jarak genetik tersebut menunjukkan bahwa populasi GIFT dan populasi Danau Tempe mempunyai jarak genetik yang terdekat, sedangkan jarak genetik terjauh teramati antara populasi GET dan Danau Tempe (0,5295) (Gambar 3).

Tabel 5. Keragaman tiga populasi ikan nila (*Oreochromis niloticus*) berdasarkan metode jarak berpasangan (*Fst*)

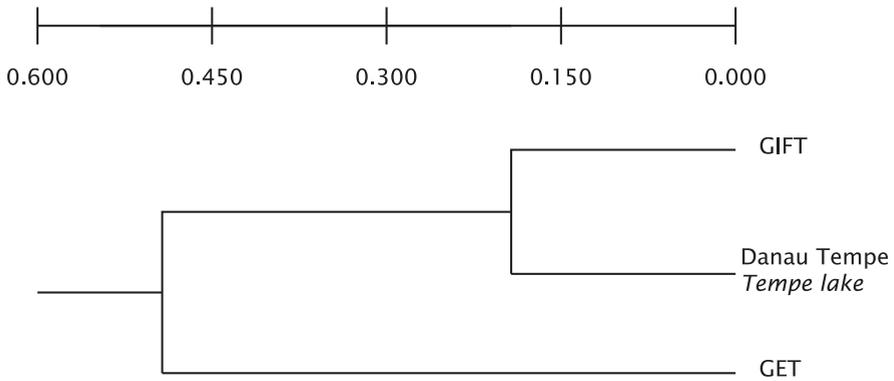
Table 5. Variation of three population of tilapia (*Oreochromis niloticus*) based on pairwise comparison test (*Fst*)

Populasi <i>Population</i>	GET	GIFT	Danau Tempe <i>Tempe lake</i>
GET	-	0.0075 ± 0.0020	0.0395 ± 0.0051
GIFT	-	-	0.7825 ± 0.0035
D. Tempe (<i>Tempe lake</i>)	-	-	-

Tabel 6. Jarak genetik antar tiga populasi ikan nila (*Oreochromis* sp.) berdasarkan metode modifikasi Rogers

Table 6. Genetic distance of tilapia from 3 population based on modified Rogers method

Populasi <i>Population</i>	Jarak genetik (<i>Genetic distance</i>)		
	GET	GIFT	Danau Tempe <i>Tempe lake</i>
GET	-	0.4899	0.5295
GIFT	-	-	0.2000
D. Tempe (<i>Tempe lake</i>)	-	-	-



Gambar 3. Dendrogram jarak genetik tiga populasi ikan nila (*Oreochromis niloticus*)

Figure 3. Dendrogram of modified rogers genetic distance of three population of tilapia (*Oreochromis niloticus*)

Dendrogram ini menunjukkan bahwa populasi GIFT dan Danau Tempe mempunyai kekerabatan yang terdekat (0,2000), sedangkan populasi GET mempunyai kekerabatan yang terjauh dari dua populasi lainnya.

KESIMPULAN DAN SARAN

Keragaman genetik pada tiga populasi ikan nila GIFT, GET, dan Danau Tempe mempunyai nilai *haplotype diversity* masing-masing 0,7579; 0,5895; dan 0,5333. Hal ini menunjukkan bahwa ikan nila GIFT, GET dan nila Danau Tempe memiliki keragaman genetik yang cukup tinggi dan merupakan sumber genetik yang dapat digunakan dalam program pemuliaan nila.

Untuk mendapatkan gambaran yang lebih detail tentang kekerabatan ikan nila introduksi yang ada di Indonesia perlu dilakukan pemetaan genetik dengan analisis lebih akurat menggunakan metode *microsatelite* atau DNA *fingerprinting* dengan jumlah sampel dan populasi yang lebih banyak.

DAFTAR PUSTAKA

Dunham, R.E. 1995. The Contribution of genetically improved aquatic organisms to global food security. Intl. Conf. On Sustainable Contribution of Fisheries to Food Security. KC/Fl/Tech.6. FAO. Rome. 111 pp.

Kurniasih, T. dan E. Nugroho. 2004. Identifikasi dan karakterisasi genetik berbagai jenis lobster air tawar *Cherax* sp. dari Papua. *Aquacultura Indonesiana*. 5(3): 139—144.

La Sifa. 1997. *Dissemination and Evaluation of Genetically Improved Tilapia Species in Asia*. Shanghai Fisheries University. China. 114 pp.

Leary, R.F., F.W. Allendorf, and K.L. Knudsen. 1985. Development instability and high meristic counts in interspecific hybrid of salmonid fishes. *Evolution*. 39(6): 1,318—1,326.

Nei, M. and F. Tajima. 1981. DNA polymorphism detectable by restriction endonucleases. *Genetics*. 97: 146—513.

Nugroho, E. 2002. Rapid fluctuation of genetic variability in artificially propagated population of red sea bream. Indonesian Journal Agriculture Biotechnology. *Indonesian Agency for Agriculture Research and Development*. 7(1): 1—7.

Nugroho, E., A. Widiyati, Imron, dan T. Kadarini. 2002. Keragaman genetik ikan nila GIFT berdasarkan polimorfisme mitokondria DNA D-loop. *J. Pen. Per. Indonesia*. 8(3): 1--7

Nugroho, E., W. Hadie, J. Subagja, dan T. Kurniasih. 2002. Keragaman genetik dan morfometrik pada ikan baung, *Mystus nemurus* dari Jambi, Wonogiri, dan Jatiluhur. *J. Pen. Per. Indonesia*. 11(7): 1--6

Raymond, M.L. and F. Rousset. 1995. An exact test for population differentiation. *Evolution*. 49: 1,280—1,283.

Rogers, J.S. 1972. Measures of genetic similarity and genetic distance. In *Studies in Genetics VII*. University of Texas Publication No. 7213. Austin. p 145—154.

- Sambrook, J., E.F. Fritsch, and T. Maniatis. 1989. *Molecular cloning: A Laboratory Manual 2nd*. Cold Spring Harbor: Cold Spring Harbor Laboratory. p. 1,051—1,067.
- Velasco, R. and C. Janagap. 1998. Module 5a : Characterization of tilapia population using truss morphometry. *Manual on Genetics Improvement of Farmed Tilapia (GIFT) Research Methodologies*. Volume 1. B.O. Acosta and A. E. Ekhath, (eds). ICLARM Contribution. p. 156--202.
- Widiyati, A. dan Sudarto. 1997. Evaluasi pertumbuhan beberapa strain ikan nila (Nila 69, Nila GIFT, dan Nila Chitralada). *Prosiding Hasil Penelitian Perikanan Air Tawar 1995-1996*. Balitkantar. Sukamandi. p. 44--49.
- Widiyati, A. 2003. *Keragaan fenotipa dan genotipa ikan nila (Oreochromis niloticus) dari Danau Tempe (Sulawesi Selatan) dan beberapa sentra produksi di Jawa Barat*. Tesis. Sekolah pascasarjana, IPB. 41 pp.