

VARIASI MORFOMETRIK DAN ALLOZYME CALON INDUK RAJUNGAN, *Portunus pelagicus* DARI BEBERAPA PERAIRAN DI INDONESIA

Gusti Ngurah Permana¹⁾, Sari Budi Moria²⁾, Haryanti³⁾, dan Bambang Susanto⁴⁾

ABSTRAK

Sampel diambil dari empat populasi rajungan yang berbeda yaitu Sulawesi Selatan, Jawa Timur, Jawa Tengah, dan Bali. Penelitian ini dilakukan untuk mengetahui variasi morfometrik dan *allozyme* dari calon induk rajungan. Hasil yang diperoleh yaitu variasi genetik rata-rata keempat populasi sangat rendah (0,0025). Rajungan dari Jawa Tengah dan Bali mempunyai nilai heterosigositas tertinggi yaitu 0,004 sedangkan populasi Sulawesi Selatan dan Jawa Timur (0,001). Jarak genetik populasi Jawa Timur dan Bali (0,0013), kemudian Jawa Tengah (0,0016), dan Sulawesi Selatan (0,002). Uji analisis komponen utama (*Principal component analysis*, PCA), menunjukkan bahwa secara morfometrik rajungan jantan dan betina yang berasal dari populasi Cilacap-Jawa Tengah dan P. Saugi-Sulawesi Selatan dapat membentuk satu sub populasi yang sama, sebaliknya populasi asal Negara-Bali membentuk sub populasi tersendiri. Korelasi yang erat antara nisbah panjang dan lebar karapas terhadap bobot tubuh ditemukan pada populasi P. Saugi-Sulawesi Selatan dan Cilacap-Jawa Tengah sebaliknya pada populasi Negara-Bali mempunyai korelasi yang rendah.

ABSTRACT: *Morphometric and allozyme variation of swimming blue crab, Portunus pelagicus from Indonesian waters. By: Gusti Ngurah Permana, Sari Budi Moria, Haryanti, and Bambang Susanto*

Samples were collected from South Sulawesi, Central Java, East Java, and Bali. Genetic variation from allozyme was consistently low in all populations (0.0025) This research aimed to know morphometric and allozyme variation of Swimming Blue Crab, Portunus pelagicus from Indonesian waters. Population from Central Java and Bali had the highest heterozygosity value (0.004) compare to those from South Sulawesi and East Java (0.001). Sample cluster according to the pair's genetic distance showe that East Java and Bali population has the smallest value (0.0013). By contrast, the largest value was observed in Central Java (0.0016) and South Sulawesi population (0.002). Principal Component Analysis showed that morphometrically male and female swimming blue crabs from Saugi and Cilacap population can build one identical subpopulation On the other hand population originated from Negara made a separate subpopulation There high correlation between carapace length and width ratio on population of P. Saugi-South Sulawesi and Cilacap-Central Java, on the other hand, Negara-Bali population had a low correlation.

KEYWORDS: *genetic variation, genetic distance, swimming blue crab, morphometric, allozyme*

PENDAHULUAN

Komoditas ekspor rajungan masih mengandalkan hasil tangkapan dari alam dan mulai sangat sulit ditemukan pada beberapa perairan di Indonesia. Di Balai Besar Riset Perikanan

Budidaya Laut, Gondol telah berhasil melakukan pembenihan kepiting bakau, *Scylla paramamosain* dan program selanjutnya adalah pengembangan dari jenis rajungan, *Portunus pelagicus* yang baru dimulai tahun 2003. Penelitian mengenai karakter morfologi

¹⁾ Peneliti pada Balai Besar Riset Perikanan Budidaya Laut, Gondol

dan *allozyme* dilakukan untuk menginventarisasi dan mengevaluasi potensi genetika calon induk yang dipergunakan dalam *breeding program*.

Perbenihan dapat menurunkan variasi genetik pada turunan berikutnya dan terjadinya penurunan variasi genetik ditentukan oleh lokus polimorfik, heterosigositas, dan jumlah alel per lokus (Taniguchi *et al.*, 1983; Sugama *et al.*, 1988; Benzie & Williams, 1996). Penurunan variasi genetik akibat hilangnya alel-alel dari hasil perbenihan dapat menghambat pertumbuhan, rentan terhadap serangan penyakit serta perubahan lingkungan (Ryman & Stahl, 1980; Leary *et al.*, 1985). Oleh karena itu upaya penelusuran dan inventarisasi variasi genetik rajungan dari tingkat protein enzim sampai pada tingkat mt DNA perlu dimulai untuk mendapatkan informasi hubungan dan struktur populasinya di alam. Teknik *allozyme* elektroporesis dapat diterapkan dalam studi pemuliaan sebagai gen penciri dalam perbaikan mutu genetik (Taniguchi *et al.*, 1983; Agnese *et al.*, 1995). Langkanya informasi variasi genetik rajungan dari berbagai lokasi menyebabkan penggunaan induk untuk perbenihan tidak terarah. Hal ini dapat berakibat pada terjadinya *inbreeding* dan penurunan variasi genetik dari generasi ke generasi, untuk itu inventarisasi variasi genetik rajungan di berbagai perairan penting perlu dilakukan.

BAHAN DAN METODE

Sampel rajungan ditangkap dari empat lokasi sumber induk yaitu Bali, Jawa Timur, Jawa Tengah, dan Sulawesi Selatan. Data panjang karapas, lebar karapas, dan bobot seperti terlihat pada Tabel 1.

Metode Nisbah Morfometrik

Nisbah morfometrik digunakan untuk memperoleh informasi mengenai proporsi karakter tertentu terhadap yang lainnya. Pemilihan 28 karakter didasarkan atas pertimbangan bahwa nisbah morfometrik tersebut akan dapat menerangkan karakter morfometrik rajungan yang diteliti. Karakter yang diukur terbagi atas empat bagian yaitu, A. bagian dorsal tubuh, B. bagian ventral tubuh, C. bagian kaki pertama dan D. bagian kaki renang (Gambar 1).

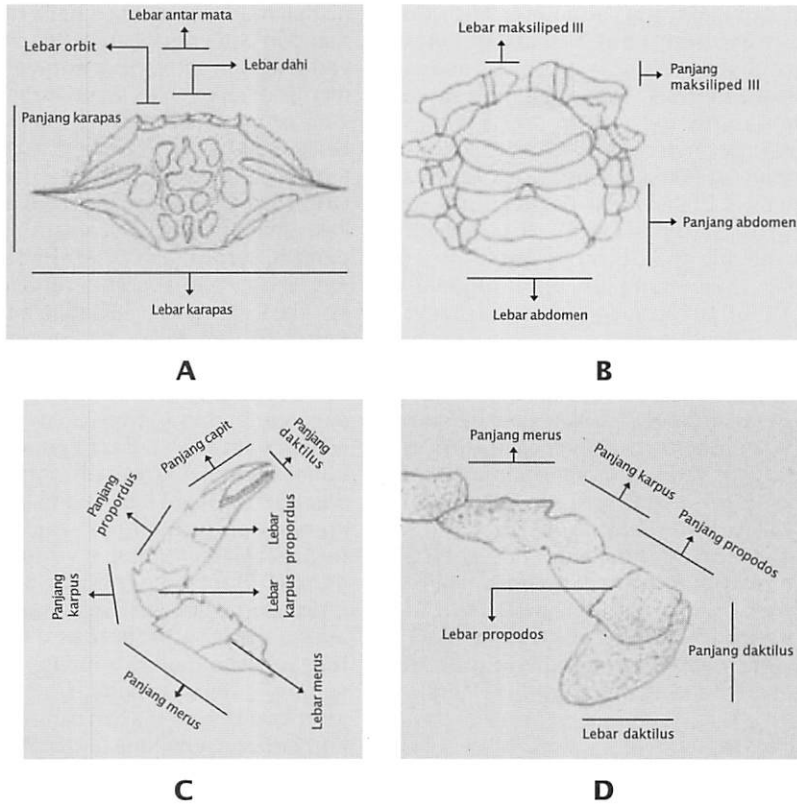
Karakter-karakter tersebut adalah sebagai berikut:

- A1. Nisbah antara panjang karapas dan bobot tubuh
- A2. Nisbah antara lebar karapas dan bobot tubuh
- A3. Nisbah antara panjang karapas dan lebar karapas
- A4. Nisbah antara lebar orbit dan panjang karapas
- A5. Nisbah antara lebar dahi dan panjang karapas
- A6. Nisbah antara lebar antar mata dan panjang karapas
- B1. Nisbah antara panjang abdomen dan panjang karapas
- B2. Nisbah antara lebar abdomen dan lebar karapas
- B3. Nisbah antara panjang maksiliped III dan lebar abdomen
- B4. Nisbah antara lebar maksiliped III dan lebar abdomen

Tabel 1. Rata-rata kisaran bobot (g), panjang karapas (mm), dan lebar karapas (mm) pada rajungan, *P. pelagicus*

Table 1. The mean and range in weight (g), carapace length (mm), and carapace width (mm) of swimming blue crab, *P. pelagicus*

Lokasi <i>Locations</i>	Jumlah sampel <i>Number of samples</i>	Bobot tubuh <i>Body weight (g)</i>	Panjang karapas <i>Mean carapace length (mm)</i>	Lebar karapas <i>Mean carapace width (mm)</i>
Negara-Bali	100	71.94	58.66 ± 7.43	130.01 ± 14.96
Jatim	66	44.75	44.72 ± 10.74	101.32 ± 20.35
Cilacap-Jateng	40	61.48	59.77 ± 7.36	135.69 ± 16.44
P.Saugi-Sulsel	109	38.75	51.44 ± 5.08	119.70 ± 10.59



Gambar 1. Penentuan pengukuran morfometrik pada rajungan, *Portunus pelagicus* (A) bagian dorsal, (B) ventral, (C) capit, dan (D) kaki renang
 Figure 1. Morphometric measurement of *Portunus pelagicus* (A) dorsal, (B) ventral, (C) chelipet, and (D) swimming leg

- | | |
|--|---|
| <p>C1. Nisbah antara panjang daktilus dan panjang kaki pertama</p> <p>C2. Nisbah antara lebar daktilus dan panjang daktilus</p> <p>C3. Nisbah antara panjang propodus dan panjang kaki pertama</p> <p>C4. Nisbah antara lebar propodus dan panjang propodus</p> <p>C5. Nisbah antara panjang karpus dan panjang kaki pertama</p> <p>C6. Nisbah antara lebar karpus dan panjang karpus</p> <p>C7. Nisbah antara panjang merus dan panjang kaki pertama</p> <p>C8. Nisbah antara lebar merus dan panjang merus</p> <p>C9. Nisbah antara panjang kaki pertama dan panjang karapas</p> | <p>D1. Nisbah antara panjang daktilus dan panjang kaki renang</p> <p>D2. Nisbah antara lebar daktilus dan panjang daktilus</p> <p>D3. Nisbah antara panjang propodus dan panjang kaki renang</p> <p>D4. Nisbah antara lebar propodus dan panjang propodus</p> <p>D5. Nisbah antara panjang karpus dan panjang kaki renang</p> <p>D6. Nisbah antara lebar karpus dan panjang karpus</p> <p>D7. Nisbah antara panjang merus dan panjang kaki renang</p> <p>Allozyme</p> <p>Analisis gen dilakukan dengan teknik allozyme elektroforesis. Dua macam kombinasi</p> |
|--|---|

bufer gel dan elektroda yaitu bufer Tris Citric Acid pH-8 dan bufer Citric Acid Aminoprophylmorpholine pH-6 digunakan untuk elektrophoresis. Gel yang dipergunakan adalah horizontal gel elektrophoresis dengan konsentrasi gel hidrolisa 12% (w/v) dengan penambahan 0,2M MgCl₂ dan 0,1% KCN. Organ yang dianalisis adalah mata, daging, usus, dan hati, diekstraksi dengan MgCl₂ 1 M dan KCN 0,005 N. Metode analisis mengikuti prosedur yang telah dikembangkan oleh Sugama & Prijono (1998). Enzim yang dianalisis sebanyak 16 enzim sebagai berikut: *alcohol dehydrogenase* (ADH), *malate dehydrogenase* (MDH), *lactate dehydrogenase* (LDH), *sorbitol dehydrogenase* (SDH), *superoxide dehydrogenase* (SOD), *isocitrate dehydrogenase* (IDH), *malic enzyme* (ME), *μ-glycerol phosphatase dehydrogenase* (μGPD), *phosphoglucomutase* (PGM), *glucose-phosphate isomerase* (GPI), *6-phosphogluconate dehydrogenase* (6-PGD), *mannose phosphate dehydrogenase* (MPI), *L-iditol dehydrogenase* (IDDH), *esterase* (EST), dan *aspartate aminotransferase* (AAT), *sarcoplasmic protein* (SP). Staining prosedur mengikuti metode Sugama & Prijono (1998).

Analisis Data

Keragaman nisbah morfometrik dianalisis menggunakan analisis komponen utama (PCA). Uji Chi-square digunakan untuk menentukan keabsahan genotif yang teramati, yang diduga dengan hukum kesetimbangan Hardy-Weinberg dengan derajat bebas (df) = (n₂-n)/2 di mana n: jumlah alel per lokus (Sokal & Rohlf, 1981). Heterosigositas teramati (Ho) diketahui dengan menghitung genotip yang teramati, yaitu menjumlah individu yang heterosigot dengan jumlah individu yang dianalisis.

HASIL DAN BAHASAN

Keragaman nisbah morfometrik ranjungan berdasarkan hasil analisis komponen utama (PCA) terhadap karakter morfometrik ranjungan menunjukkan bahwa informasi penting dan setiap sumbu dinyatakan dalam akar ciri yang terpusat pada empat sumbu utama (pertama) Ragam nisbah morfometrik ranjungan antar masing-masing sumbu menjelaskan 30,3%; 15,9%; 9,4%; dan 7,7%. Sedangkan untuk ranjungan betina, masing-masing sumbu menjelaskan 24,7%; 12,9%; 10,9%; dan 8,0%. Secara umum dari semua lokasi penelitian dapat dikatakan bahwa karakter-karakter yang terukur pada umumnya dapat diwakili oleh axis (sumbu) 1 yang menunjukkan adanya pengelompokan karakter

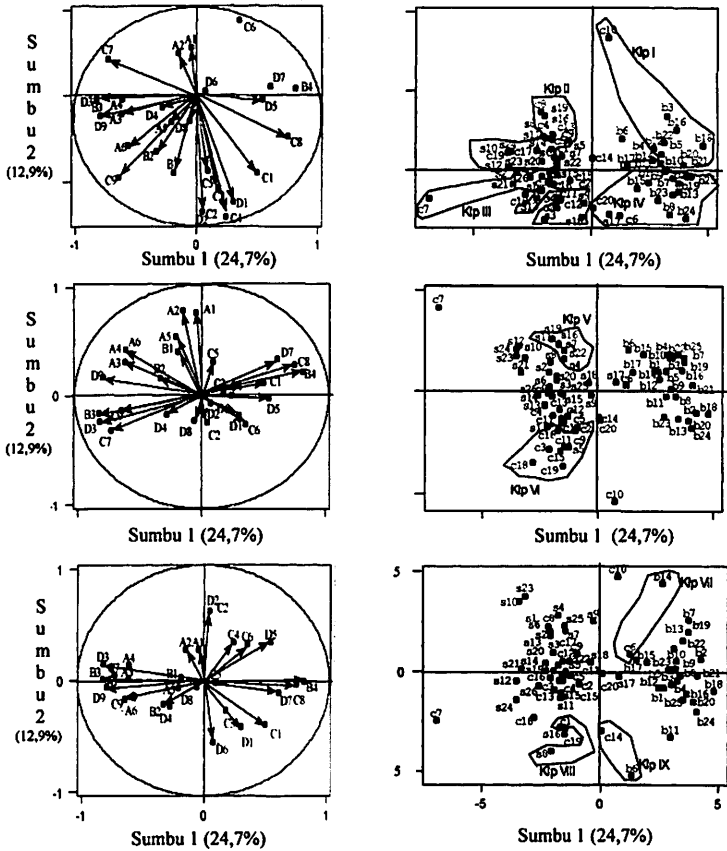
nisbah morfometrik baik pada ranjungan jantan maupun pada ranjungan betina. Korelasi antara variabel dan antar individu ranjungan jantan memperlihatkan bahwa pada sumbu 1 vs sumbu 2 dapat membentuk subpopulasi Negara yaitu kelompok I dengan penciri utama B4 (nisbah antara lebar maksiliped III dan lebar abdomen), D1 (nisbah antara panjang daktilus dan panjang kaki renang), D6 (nisbah antara lebar karpus dan panjang karpus) dan D7 (nisbah antara panjang merus dan panjang kaki renang) (Gambar 2) Korelasi erat juga terdapat antara populasi ranjungan dari Pulau Saugi dengan perairan Cilacap yang membentuk lima sub populasi. Sub populasi tersebut adalah kelompok II yaitu pada sumbu 1 vs sumbu 2 dengan penciri utama adalah A1 (nisbah antara panjang karapas dan bobot tubuh), A2 (nisbah antara lebar karapas dan bobot tubuh) dan C8 (nisbah antara lebar merus dan panjang merus), kelompok III terdapat pada sumbu 1 vs sumbu 2 dengan penciri utama B3 (nisbah antara panjang maksiliped III dan lebar abdomen) dan D3 (nisbah antara panjang propordus dan panjang kaki renang) kelompok IV terdapat pada sumbu 1 vs sumbu 2 dengan penciri utama C7 (nisbah antara panjang merus dan panjang kaki pertama). Korelasi yang erat juga terdapat pada kelompok V pada sumbu 1 vs sumbu 3 dengan penciri utama D1 (nisbah antara panjang daktilus dan panjang kaki renang) Berbeda dengan kelompok VI yang terdapat pada sumbu 1 vs sumbu 3 dengan penciri utama C1 (nisbah antara panjang daktilus dan panjang kaki renang), memiliki korelasi yang sangat kecil (Gambar 3) Kelompok VII terdapat pada sumbu 1 vs sumbu 4 dapat membentuk subpopulasi Pulau Saugi dengan Cilacap dengan penciri utama A1 (nisbah antara panjang karapas dan bobot) dan A2 (nisbah antara lebar karapas dan bobot). Sedangkan kelompok VIII terdapat pada sumbu 1 vs sumbu 4 dengan penciri utama C3 (nisbah antara panjang propordus dan panjang kaki pertama) dapat membentuk sub populasi Cilacap dengan Bali dan Jatim namun memiliki korelasi kecil (Gambar 3).

Allozyme

Spesifik organ dan bufer

Hasil analisis spesifik organ dan bufer yang dipergunakan untuk analisis allozyme selengkapnya disajikan pada Tabel 2.

Pemunculan pita pada umumnya terlihat pada daging (LDH, GPI, IDH, AAT, SOD, SDH, MPI dan 6 PGD). Hal ini juga terjadi pada usus,



Gambar 2. Korelasi antar variabel dan antar individu betina dari rajungan, *P. pelagicus*
 Figure 2. Morphometric variable correlation of male and female of swimming blue crab, *P. Pelagicus*

ekspresi pita tidak terlihat jelas pada EST, μ GPD, IDH, PGM, dan MPI sedangkan pada insang ekspresi gen hanya terlihat pada enzim SP. Pemunculan alel erat kaitannya dengan aktivitas spesifik enzim dan ekspresi pita sebagian besar terlihat pada organ daging.

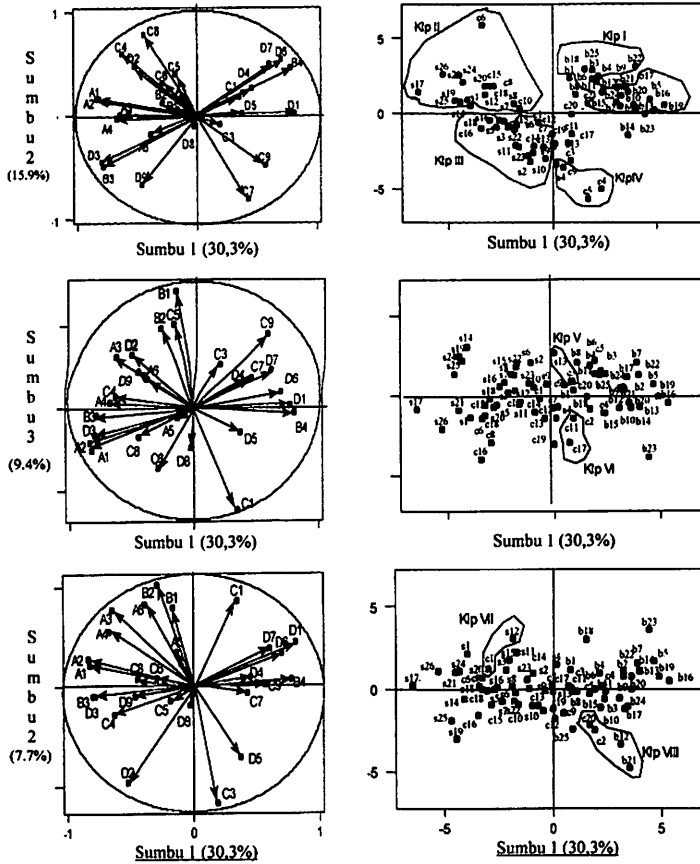
Dari 16 enzim yang dianalisis terdeteksi 22 lokus dan tiga lokus di antaranya polimorfik yaitu GPI*2, MDH*2, dan EST*2. Sebelas enzim dikontrol oleh satu lokus yaitu: ADH, IDH, PGM, MPI, a-GPD, 6-PGD, LDH, SOD, SDH, AAT, IDDH, dan empat enzim dikontrol oleh masing-masing 2 lokus yaitu MDH*1, MDH*2, GPI*1, GPI*2, ME*1, ME*2, EST*1, dan EST*2. *Sarcoplasmic protein* dikontrol oleh tiga lokus yaitu SP*1, SP*2, SP*3. Hasil analisis allozyme pada lokus polimorfik disajikan pada Gambar 4.

Glucose-6-phosphatase Isomerase (GPI)

Enzim GPI terdeteksi dua tokus pada daerah katoda yaitu GPI*1 dan GPI*2 Lokus GPI*1 memunculkan struktur dimer pada populasi Cilacap polimorfik dan lokus homozigot pada populasi Negara dan Saugi sedangkan lokus GPI*2 memunculkan lokus homozigot pada Cilacap-Jawa Tengah dan struktur dimer pada populasi Negara dan Pulau Saugi-Sulawesi Selatan mempunyai struktur yang polimorfik.

Malate Dehydrogenase (MDH)

Enzim MDH terdeteksi pada katoda dengan dua lokus yaitu MDH-1 dan MDH 2 Lokus MDH-1* menunjukkan homozigot dan tiga populasi yang diamati. Lokus MDH-2 menunjukkan struktur dimer pada populasi Negara (polimorfik)



Gambar 3. Korelasi antar variabel dan antar individu jantan rajungan, *P. pelagicus*
 Figure 3. Variable correllation between male individual of swimming blue crab, *P. pelagicus*

dan homozigot pada Pulau Saugi-Sulawesi Selatan dan Cilacap-Jawa Tengah.

Esterase (EST)

Enzim EST terdeteksi pada daerah katoda dengan dua lokus yaitu EST-1 dan EST-2. EST-1 hanya menampakkan allele homozigot sedangkan EST-2 heterozigot pada populasi Negara-Bali dan Cilacap-Jawa Tengah dan homozigot pada populasi Pulau Saugi-Sulawesi Selatan

Dari Tabel 3 terlihat bahwa frekuensi alel pada lokus polimorfik yaitu GPI*2, EST*2, dan MDH*2 dengan distribusi genotip teramati sesuai dengan kaidah hukum Hardy-Weinberg. Hasil perhitungan genotip secara observasi dan ekspektasi diperoleh hasil yang hampir sama dan frekuensi genotip lokus polimorfik seperti

pada Tabel 3. Frekuensi alel f rajungan pada ketiga lokus polimorfik tidak berbeda nyata ($P > 0,05$).

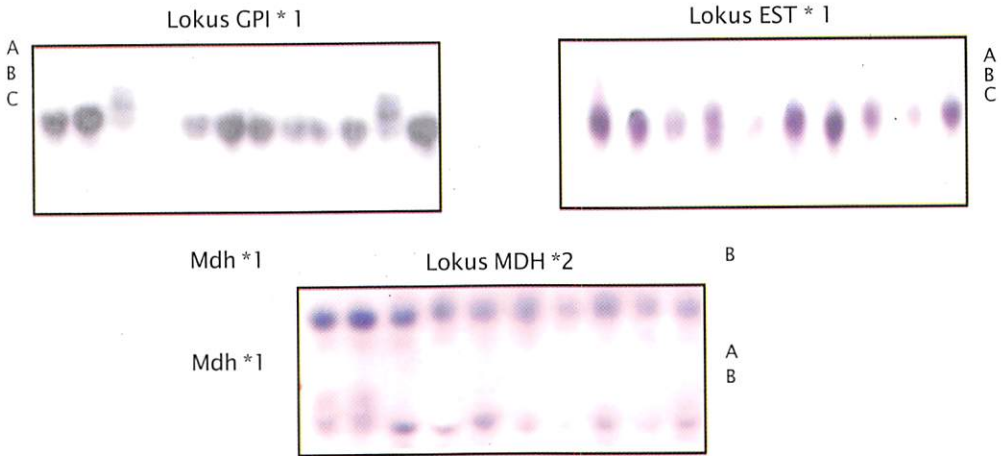
Variasi genetik yang ditentukan oleh persentase lokus polimorfik tertinggi dijumpai dari populasi Jawa Tengah (0,14), tiga populasi lainnya adalah rendah (0,09). Sedangkan jumlah alel per lokus populasi Jawa Tengah dan Bali (1,14) relatif sama dengan Jawa Timur dan Sulawesi Selatan (1,09). Nilai heterosigositas tertinggi terlihat pada populasi Jawa Tengah dan Bali (0,004) sedangkan terendah dimiliki oleh populasi Jawa Timur dan Sulawesi Selatan (0,001). Nilai rata-rata keempat populasi adalah (0,0025) tergolong sangat rendah. Menurut Sugama & Hutapea (1999), variasi henetik dari kepiting bakau, *Scylla paramamosain* diperoleh juga hasil yang rendah, dengan persentase lokus polimorfik adalah 0,0714, S.

Tabel 2. Organ dan bufer yang digunakan dalam analisis allozyme elektroforesis rajungan
 Table 2. Tissue spesific and buffer systems tested for allozyme electrophoretic of swimming blue crab

Enzim Enzymes	Lokus Locus	Bufer Buffer	Jaringan			
			Daging Muscle	Usus Gut	Mata Eye	Insang Gill
Alcohol dehydrogenase	ADH*	CAPM-6	+·	+	+·	-
<i>α</i> -Glycerolphosphate	α-GPD*	CAPM-6	++	-	+·	-
Lactate dehydrogenase	LDH*	CAPM-6	++	-	-	-
Malate dehydrogenase	MDH*1 MDH*2	CAPM-6	++	+·	+·	-
Isocitrate dehydrogenase	IDH*	CAPM-6	+	-	-	-
Phosphoglucomutase	PGM*	CAPM-6	+	-	+·	-
Glucose phosphate isomerase	GPI-1* GPI-2*	TC-8	++	+·	-	-
6-Phosphogluconate	6-PGD	CAPM-6	+·	+·	-	-
L-Iditol dehydrogenase	IDDH*	CAPM-6	+·	+·	+·	+·
Aspartate aminotransferase	AAT*	CAPM-6	+	+·	-	-
Superoxide dismutase	SOD*	TC-8	+·	-	-	-
Sorbitol dehydrogenase	SDH*	TC-8	+·	+·	-	-
Malic Enzyme	ME*1 ME*2	TC-8	+	+	+·	-
Mannose-6 phosphate isomerase	MPI	CAPM-6	++	-	-	-
Sarcoplasmic protein	SP*1 SP*2 SP*3	CAPM-6	+·	+·	+·	+·
Esterase	EST*1 EST*2	CAPM-6	++	+·	+·	-

Keterangan:

- +++ : warna pita bersih dan tajam (*sharp and clear banding pattern*)
- ++ : warna pita bersih (*clear banding pattern*)
- + : warna pita redup/buram (*faint banding pattern*)
- : Tidak teridentifikasi (*un identified*)
- TC : Tris citric Acid buffer pH-8
- Capm-6 : Citric Acid-aminoprophylmorpholine buffer pH-6



Gambar 4. Pola pita elektroforesis lokus polimorfik (Gpi*1, Est-1*, dan Mdh*2), pada rajungan, *Portunus pelagicus*

Figure 4. Electrophoretic banding pattern of polymorphic loci (Gpi*1, Est-1*, and Mdh*2) of swimming blue crab, *Portunus pelagicus*

Tabel 3. Hukum Hardy-Weinberg pada lokus polimorfik rajungan, *P. pelagicus*

Table 3. Hardy-Weinberg expectation at polymorphic loci of swimming blue crab, *P. pelagicus*

Lokus Locus	Lokasi Locality	N	Genotip Genotype						Alel frekuensi Frequency allele			χ^2	
			AA	AB	AC	BB	BC	CC	A	B	C		
GPI*2	Bali	(obs.)	90	0	0	0	86	4	0	0.978	0.002	0	1
		(exp.)		0	0	0	86	3.92	1.04				
	Jatim	(obs.)	66	0	0	0	65	2	0	0.992	0.008	0	0
		(exp.)		0	0	0	65	1.99	0.01				
	Jateng	(obs.)	40	0	0	0	39	1	0	0.988	0.013	0	0
		(exp.)		0	0	0	39	0.09	0				
	Sulsel	(obs.)	109	0	0	0	108	1	0	0.995	0.005	0	0
		(exp.)		0	0	0	108	1	0				
EST*2	Bali	(obs.)	90	0	0	0	88	2	0	0	0.989	0.011	1
		(exp.)		0	0	0	88	1.98	0.01				
	Jatim	(obs.)	66	0	0	0	65	1	0	0	0.992	0.008	0
		(exp.)		0	0	0	65	1.99	0.01				
	Jateng	(obs.)	40	0	0	0	39	1	0	0	0.988	0.013	0
		(exp.)		0	0	0	39	0.99	0				
	Sulsel	(obs.)	109	0	2	0	107	0	0	0.018	0.982	0	2.32
		(exp.)		0	2.92	0	105	0	1.04				
MDH*2	Bali	(obs.)	90	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
		(exp.)		0	0	0	0	0	0				
	Jatim	(obs.)	66	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0
		(exp.)		0	0.99	0	0	0	0				
	Jateng	(obs.)	40	0	2	0	38	0	0	0.013	0.988	0	1.98
		(exp.)		0	0.99	0	39	0	0				
	Sulsel	(obs.)	109	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
		(exp.)		0	0	0	0	0	0				

Keterangan: db = S Genotip-S alel; a = 0.05

Tabel 4. Variasi genetik rajungan, *P. pelagicus*, heterozygosities (Ho) dan jumlah alel per lokus dalam 22 lokus

Table 4. Summary of genetic variability of swimming blue crab, *P. pelagicus*, heterozygosities (Ho) and number of allele per loci (Na) at polymorphic loci based on 22 loci

Parameter (Item)	Negara Bali	Situbondo Jatim	Cilacap Jateng	P. Saugi Sulse
Jumlah sampel (No of sample examined)	90	66	40	109
Jumlah lokus (No of loci examined)	22	21	22	21
Jumlah lokus polimorfik (No of polymorphic)	2	2	3	2
Persentase lokus polimorfik (% polymorphic)	0.09	0.09	0.14	0.09
Jumlah alel per lokus (No of alel per locus)	1.18	1.09	1.18	1.09
Heterosigositas (Heterozygosity)				
Teramati (Observed) (Ho)	0.004	0.001	0.004	0.001
Harapan (expected) (He)	0.004	0.003	0.004	0.002
Ho/He	1	0.333	1	0.500

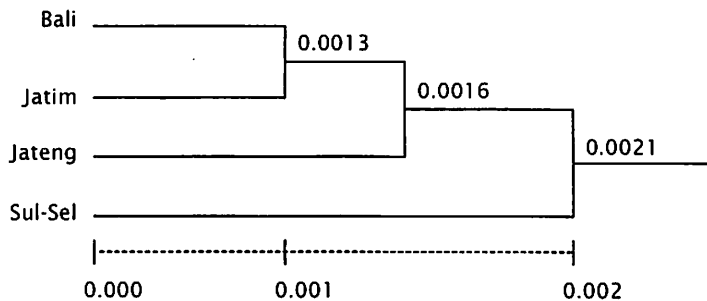
Ho : Average observed heterozygosity over 22 loci

He : Average expected heterozygosity

tranquebarica (0,1428) dan *S. olivacea* (0,2145). Rata-rata heterozigositas diperoleh pada *S paramamosain* (0.001), *S. tranquebarica* (0,011) dan *S. olivacea* (0,036). Rendahnya nilai variasi genetik pada rajungan kemungkinan karena terjadinya perkawinan acak sangat kecil atau terjadi pembatasan pertukaran gen pada setiap populasi. Hal ini mengindikasikan bahwa populasi dengan laju migrasi yang sempit atau jarak pendek akan memiliki nilai heterosigositas kecil bila dibandingkan dengan populasi yang mempunyai migrasi luas dan bersifat terbuka. Terjadinya pembatasan pertukaran gen yang melakukan perkawinan dapat mengakibatkan perkawinan sekerabat yang terjadi secara berulang-ulang mengakibatkan menurunnya

variasi genetik atau munculnya peluang homisogot akan lebih tinggi.

Dendrogram (Gambar 5) menunjukkan adanya hubungan antara jarak genetik dengan jarak geografis suatu populasi. Jarak genetik rata rata keempat populasi adalah (0,0016). Populasi Bali dan Jawa Timur mempunyai jarak genetik terdekat yaitu (0,0013) kedekatan jarak genetik di antara kedua populasi tersebut disebabkan tidak adanya pembatas geografis di antara populasi yang secara geografis mempunyai jarak yang dekat. Populasi Jawa Tengah mempunyai jarak genetik (0,0016) dan Sulawesi Selatan mempunyai jarak genetik paling jauh (0,0021) dapat dinyatakan bahwa populasi tersebut terpisah dari populasi lain.



Gambar 5. Dendrogram jarak genetik rajungan, *P. pelagicus*

Figure 5. Dendrogram of genetic distance of swimming blue crab, *P. pelagicus*

KESIMPULAN

1. Uji analisis komponen utama (*Principal component analysis*, PCA), menunjukkan bahwa secara morfometrik rajungan jantan dan betina yang berasal dari populasi Cilacap-Jawa Tengah dan P. Saugi-Sulawesi Selatan dapat membentuk satu sub populasi yang sama, sebaliknya populasi asal Negara-Bali membentuk sub populasi tersendiri.
2. Variasi genetik yang ditunjukkan dari nilai heterosigositas tertinggi terdapat pada rajungan dari Jawa Tengah dan Bali. Populasi Bali dan Jawa Timur mempunyai jarak genetik yang dekat sedangkan populasi Sulawesi Selatan mempunyai jarak genetik paling jauh.

DAFTAR PUSTAKA

- Agnese, J.F., Z.J. Oteme, and S. Gilles. 1995. Effects of Domestication on Genetic Variability, Fertility, Survival and Growth Rate in Tropical Siluriform: *Heterobranchus longifilis*. Valenciennes 1840. *Aquaculture*, 131: 197—204.
- Benzie, J.A.H. and S.T.W. Williams. 1996. Limitation of The Genetic Variation of Hatchery Produced Bathes of Giant Clam; *Tridacna gigas*. *Aquaculture*, 139: 225—241.
- Leary, F.L.; F.W. Allendorf, and K.L. Knudsen. 1985. Developmental Instability as an Indicator of Reduced Genetic Variation in Hatchery Trout. *Trans. Am. Fish. Soc.* 114: 230—235.
- Ryman, N. and G. Stahl. 1980. Genetic Change in Hatchery Stocks of Brown Trout (*Salmon trout*). *Canadian. J. of Fish. Aqua. Scien.*, 37: 82—87.
- Raymond, M. and Rousset, F. 1995. GENEPOP (Version 1.2): Population Genetic Software for Exact Test and Ecumenicism. *J. Hered.*, 86: 248—249.
- Sugama, K., N. Taniguchi, and S. Umeda. 1988. An experimental study on genetic drift in hatchery population of red sea bream. *Bull. Japan Scie. Soc.*, 54: 739—744.
- Sugama, K., Wardoyo, D. Rohaniawan, dan H. Matsuda. 1998. Teknologi perbenihan ikan kerapu tikus, *Cromoleptes altivelis*. in A. Sudradjat, E.S. Heruwati, K. Sugama, A. Poernomo, Z.I. Azwar, and N.A. Giri (Eds.). *Seminar Teknologi Perikanan Pantai*, Denpasar. p. 80—88.
- Sugama, K. and A. Prijono. 1998. Biochemical genetic differentiation among wild populations of Milkfish (*Chanos-chanos*) in Indonesia. *Indonesian Fisheries Research Journal*, 4(1): 11—18.
- Sugama, K. and J.H. Hutapea. 1999. Genetic Characterization in Mud Crab *Scylla (Brachyura: Portunidae)*. In Keenan, C.P. and A. Blackshaw (Eds.) *Mud Crab Aquaculture and Biology*. ACIAR, Canberra, p. 43—48.
- Sokal, R.R. and R.G. Rohlf. 1981. *Biometry*. Freeman and Co. San Francisco. California, 776 pp.
- Taniguchi, N., K. Sumantadinata, and S. Iyama. 1983. Genetic change in the first and second generation of hatchery stock of black sea bream. *Aquaculture*, 35: 309—320.