

Tersedia online di: <http://ejournal-balitbang.kkp.go.id/index.php/jra>

## EVALUASI VARIASI FENOTIPE DAN GENOTIPE POPULASI IKAN TAMBAKAN DARI KALIMANTAN TENGAH, JAWA BARAT, DAN JAMBI DENGAN TRUSS MORFOMETRIK DAN RANDOM AMPLIFIED POLYMORPHIC DNA (RAPD)

Anang Hari Kristanto<sup>#</sup>, Jojo Subagja, Wahyulia Cahyanti, dan Otong Zenal Arifin

Balai Riset Perikanan Budidaya Air Tawar dan Penyuluhan Perikanan

(Naskah diterima: 10 Agustus 2017; Revisi final: 4 Desember 2017; Disetujui publikasi: 4 Desember 2017)

### ABSTRAK

Ikan tambakan (*Helostoma temminckii*) digemari sebagai ikan konsumsi, di daerah Sumatera dan Kalimantan. Dalam rangka pengembangan budidayanya melalui program domestikasi, informasi terkait variasi fenotipe dan genotipe induk asal perlu dilakukan. Penelitian ini bertujuan untuk mendapatkan karakteristik fenotipe dan genotipe ikan tambakan dari Kalimantan Tengah, Jawa Barat, dan Jambi. Penelitian dilakukan di Balai Riset Perikanan Budidaya Air Tawar dan Penyuluhan Perikanan (BRPBATPP), Bogor. Data diperoleh melalui pengukuran jarak bagian tubuh berdasarkan metode *truss morphometric* dan analisis DNA menggunakan metode RAPD. Hasil yang diperoleh menunjukkan bahwa nilai polimorfisme (81,25%) dan heterozigositas (0,3544) tertinggi terdapat pada populasi ikan tambakan asal Kalimantan Tengah. Jarak genetik tertinggi antara populasi Jambi dengan Kalimantan Tengah sebesar 0,1452; sedangkan jarak genetik terendah adalah 0,1044 yaitu antara populasi Jambi dengan Jawa Barat. Berdasarkan uji karakter morfometrik diketahui terdapat 13 karakter yang berbeda nyata yaitu A1, A2, A4, A5, B3, C1, C3, C4, C5, D3, D4, D5, dan D6. Populasi Jambi dengan Jawa Barat memiliki hubungan kekerabatan lebih dekat dibanding dengan populasi Kalimantan Tengah.

**KATA KUNCI:** keragaman genetik; morfometrik; RAPD; tambakan

**ABSTRACT:** *Evaluation of phenotype and genotype variations of kissing gouramy fish from Central Kalimantan, West Java, and Jambi through trust morphometric and RAPD. By: Anang Hari Kristanto, Jojo Subagja, Wahyulia Cahyanti, and Otong Zenal Arifin*

*Kissing gouramy (Helostoma temminckii) is a favored fish for consumption in Sumatra and Kalimantan area. Currently, information related to phenotypic variation and genotypes of the original broodstocks of kissing gouramy is limited to develop the fish's culture technology through a domestication program. Therefore, the study was conducted to determine the characteristics of phenotype, and genotype of original kissing gouramy broodstocks. The research was conducted at the Institute for Freshwater Aquaculture Research and Development, Bogor. Data collection was carried out by measuring the body length using truss morphometric method and DNA analysis using the RAPD method. The results showed that the highest polymorphism (81.25%) and heterozygosity (0.3544) were found in the Central Kalimantan fish population. The highest genetic distance between Jambi and Central Kalimantan populations was 0.1452, while the lowest genetic distance was 0.1044 between Jambi and West Java population. Based on the trust morphometric measurement, it was identified 13 different characters on A1, A2, A4, A5, B3, C1, C3, C4, C5, D3, D4, D5, and D6. The Jambi and West Java populations are genetically close to each other while the Central Kalimantan population is relatively separated from the two.*

**KEYWORDS:** *genetic variation; morphometric; RAPD; kissing gouramy*

### PENDAHULUAN

Ikan tambakan termasuk dalam ikan ekonomis penting di Provinsi Jambi, dan Kalimantan dengan harga

jual berkisar Rp 20.000,00 sampai Rp 30.000,00 per kg. Ikan ini mempunyai beberapa nama sebutan antara lain: ikan biawan di Malaysia, Sumatera, dan Kalimantan; ikan bawan di Brunei; dan ikan Tambakan di Jawa (Sulaiman & Daud, 2002), sedangkan ikan sapil adalah nama lokal ikan tambakan di Sumatera Selatan (Iqbal, 2011). Budidaya ikan tambakan masih terkendala dengan ketersediaan benihnya. Upaya penyediaan

<sup>#</sup> Korespondensi: Balai Riset Perikanan Budidaya Air Tawar dan Penyuluhan Perikanan. Jl. Sempur No. 1, Bogor 16154, Indonesia.  
Tel. + 62 251 8313200  
E-mail: [ananghari25@gmail.com](mailto:ananghari25@gmail.com)

benih untuk budidaya dapat dilakukan melalui keberhasilan domestikasi. Program domestikasi dapat dilakukan melalui pengumpulan induk dari berbagai lokasi. Induk ikan tambakan ini mempunyai keragaman genetik yang berbeda. Keragaman genetik dalam satu spesies dapat terjadi baik antara populasi yang terpisah secara geografik maupun antara individu dalam satu populasi. Keragaman genetik timbul karena setiap individu mempunyai bentuk-bentuk gen yang khas, dapat bertambah apabila keturunan menerima kombinasi gen dan kromosom dari induknya melalui rekombinasi gen yang terjadi melalui reproduksi (Indrawan, 2007). Keragaman genetik dapat tercermin dari fenotipe dan genotipenya. Pengamatan fenotipe dapat dilakukan melalui pengukuran morfometrik dari struktur tubuh ikan. Studi morfometrik tidak hanya digunakan untuk memahami taksonomi ikan, tetapi variasi yang terjadi dalam pengukuran terkait dengan kebiasaan dan habitat di antara varian spesies tersebut (Langer *et al.*, 2013; Mojekwu & Anumudu, 2015). Identifikasi keragaman fenotipe berdasarkan karakteristik morfometrik memiliki kelemahan, yaitu tidak dapat mengungkap keragaman pada tingkat *strain* dalam suatu spesies, sehingga perlu memanfaatkan karakter molekuler berdasarkan DNA ribosom. Teknologi *Random Amplified Polymorphic DNA* (RAPD) didasarkan pada metode *Polymerase Chain Reaction* (PCR) dengan menggunakan primer rantai pendek. Metode RAPD memiliki beberapa keunggulan diantaranya mampu mendeteksi sekuen nukleotida hanya dengan satu primer, polimorfisme tinggi, dan dapat digunakan tanpa mengetahui latar belakang genom sebelumnya (Dunham, 2011). Pengukuran ikan secara fenotipe dan genotipe telah dilakukan pada beberapa jenis ikan antara lain ikan gabus (Gustiano *et al.*, 2013; Kusmini *et al.*, 2016; Rahmawati, 2016), ikan baung (*Mystus* sp.) (Ferdous, 2013), ikan tengadak (Radona *et al.*, 2017); ikan gurami (Nugroho *et al.*, 2016), dan ikan sepat (Iskandariah *et al.*, 2015). Pengukuran fenotipe dan genotipe ikan tambakan dari Jawa Barat, Kalimantan Tengah, dan Jambi, untuk keperluan domestikasi perlu dilakukan.

Tujuan dari penelitian ini adalah mengkaraktisasi secara fenotipe dan genotipe ikan tambakan yang berasal dari Kalimantan Tengah, Jawa Barat, dan Jambi.

## BAHAN DAN METODE

### Pengukuran Morfometrik

Pengukuran secara morfometrik dilakukan untuk mengetahui keragaman fenotipe. Pengukuran dilakukan terhadap 30 ekor ikan uji untuk masing-masing populasi. Populasi yang digunakan merupakan hasil tangkapan dari alam yang telah terlebih dahulu

diadaptasikan di kolam budidaya dengan ukuran panjang standar ikan masing-masing populasi bervariasi, terkecil populasi Kalimantan Tengah dengan ukuran rata-rata  $9,3 \pm 1,25$  cm; populasi Jambi sebesar  $10,2 \pm 1,78$  cm; dan populasi Jawa Barat sebesar  $12,6 \pm 2,18$  cm. Untuk menghilangkan bias akibat perbedaan ukuran ikan, nilai yang digunakan dalam analisis adalah nilai rasio panjang karakter kerangka tubuh dibagi dengan panjang standar. Metode pengukuran adalah *truss morphometric* mengacu pada Brzesky & Doyle (1988), meliputi pengukuran jarak setiap titik pada kerangka tubuh seperti tertera pada Gambar 1, dengan deskripsi bagian titik *truss* tertera pada Tabel 1.

### Genotipe

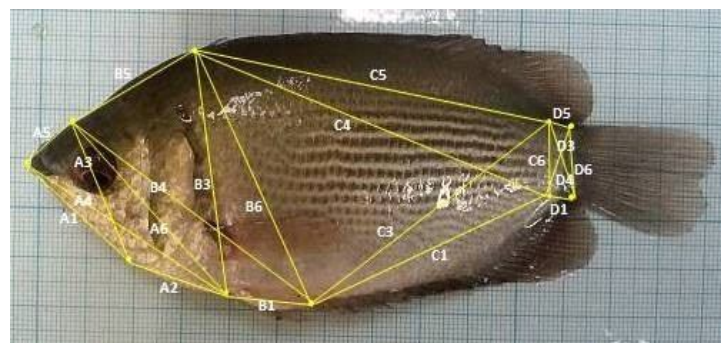
Ikan uji yang digunakan populasi ikan tambakan yang berasal dari Jawa Barat, Kalimantan Tengah, dan Jambi. Ikan yang digunakan sebanyak 15 ekor, di mana setiap populasi diambil lima ekor. Sirip dada dari setiap populasi sampel diambil sepanjang 1 cm dan ditempatkan dalam botol *ependorf* yang berisi aseton. DNA genomik diekstraksi dari sirip dada menggunakan *Genomic DNA Purification Kit* (Fermentas). Primer yang digunakan dalam amplifikasi DNA adalah OPC-2, OPA-2, dan OPC-5 mengacu pada Putriana (2011) dengan urutan basa (5'-3') masing-masing adalah GTGAGGCGTC, TGCCGAGCTG, dan GATGACCGCCC. Standarisasi dilakukan pada penggunaan DNA *template*, primer, dan jumlah siklus termal PCR yang digunakan untuk menghasilkan pola PCR RAPD yang jelas dan konsisten, serta proses pembacaan pitanya dilakukan dengan menggunakan gel doc.

### Analisis Data

Analisis data *truss morphometric* dilakukan dengan mengonversi seluruh karakter morfometrik ke dalam rasio karakter yang dibagi dengan panjang standar, data yang diperoleh dianalisis menggunakan SPSS ver. 19,0 guna menentukan nilai koefisien keragaman, perbedaan antar karakter penciri, nilai *sharing component* dan hasilnya disajikan dalam bentuk dendrogram. Keragaman genetik hasil RAPD dianalisis menggunakan program TFGA (*Tools for Population Genotype Analysis*) (Nei & Tajima, 1981). Hubungan kekerabatan antar-individu dianalisis menggunakan jarak genetik berdasarkan program UPGMA dari *software* TFGA (Hatanaka & Galetti, 2003). Polimorfisme genetik diukur dengan rata-rata heterozigositas (H), jumlah dan frekuensi alel yang dihitung untuk semua lokus. Frekuensi alel, jumlah alel,  $H_o$  (*observed heterozygosities*), dan  $H_e$  (*expected heterozygosities*) dihitung dengan menggunakan program Microsatellite Toolkit V.3.1.

Tabel 1. Titik penanda yang digunakan pada *truss* morfometrik ikan tambakan  
 Table 1. Landmark points used in *truss* morphometric of kissing gouramy fish

Ruang <i>truss</i> Truss section	Kode Code	Deskripsi jarak Distance description
Kepala Head	A1	Ujung <i>operculum</i> bawah-ujung mulut ( <i>Bottom operculum tip-mouth tip</i> )
	A2	Ujung <i>operculum</i> bawah-awal sirip perut ( <i>Bottom operculum tip-anterior of ventral fin</i> )
	A3	Ujung <i>operculum</i> bawah-atas mata ( <i>Bottom operculum tip-upper eye</i> )
	A4	Ujung mulut-awal sirip perut ( <i>Mouth tip-anterior of ventral fin</i> )
	A5	Ujung mulut-atas mata ( <i>Mouth tip-upper eye</i> )
	A6	Awal sirip perut-atas mata ( <i>Anterior of ventral fin-upper eye</i> )
Tengah tubuh Middle body	B1	Awal sirip perut-awal sirip dubur ( <i>Anterior of ventral fin-anterior anal fin</i> )
	B3	Awal sirip perut-awal sirip punggung ( <i>Anterior of ventral fin-anterior of dorsal fin</i> )
	B4	Atas mata-awal sirip dubur ( <i>Upper eye-anterior of anal fin</i> )
	B5	Atas mata-awal sirip punggung ( <i>Upper eye-anterior of dorsal fin</i> )
	B6	Awal sirip dubur-awal sirip punggung ( <i>Anterior of anal fin-anterior of dorsal fin</i> )
	Tubuh belakang Rear body	C1
C3		Awal sirip dubur-akhir sirip punggung ( <i>Anterior of anal fin-posterior end of dorsal fin</i> )
C4		Awal sirip punggung-akhir sirip dubur ( <i>Anterior of dorsal fin-posterior end of anal fin</i> )
C5		Awal sirip punggung-akhir sirip punggung ( <i>Anterior of dorsal fin-posterior end of dorsal fin</i> )
Pangkal ekor Base of tail		C6
	D1	Akhir sirip dubur-awal sirip ekor ( <i>Posterior end of anal fin-anterior caudal fin</i> )
	D3	Akhir sirip dubur-awal sirip ekor ( <i>Posterior end of anal fin-anterior caudal fin</i> )
	D4	Akhir sirip punggung-awal sirip ekor ( <i>Posterior end of dorsal fin-anterior caudal fin</i> )
	D5	Akhir sirip dorsal-awal sirip ekor ( <i>Posterior end of dorsal fin-anterior caudal fin</i> )
	D6	Awal sirip ekor bawah-awal sirip ekor ( <i>Anterior of bottom caudal fin-anterior of caudal fin</i> )



Gambar 1. Titik *truss* yang digunakan pada ikan tambakan dengan keterangan seperti pada Tabel 1.

Figure 1. *Truss* landmark points used on kissing gouramy fish, each point is described in Table 1.

**HASIL DAN BAHASAN**

Pola keragaman morfometrik ketiga populasi ikan tambakan mempunyai nilai rata-ran ukuran yang hampir sama untuk semua karakter. Secara keseluruhan nilai koefisien keragaman semua populasi termasuk kategori yang rendah, dengan nilai tertinggi pada

populasi Kalimantan Tengah sebesar  $13,5 \pm 6,86\%$ ; sedangkan terendah pada populasi Jambi sebesar  $10,5 \pm 5,69\%$ . Karakter B4 (atas mata-awal sirip anal) merupakan karakter dengan nilai koefisien variasi dan simpangan baku sebesar  $4,7 \pm 2,31$ ; menunjukkan bahwa karakter tersebut memiliki keragaman ukuran

yang rendah, baik dalam maupun antar populasi. Karakter D1 (akhir sirip anal-awal sirip ekor bawah) mempunyai koefisien variasi dan simpangan baku sebesar  $29,4 \pm 14,59\%$ ; mengindikasikan bahwa karakter tersebut memiliki keragaman ukuran yang sangat tinggi, baik dalam maupun antar populasi (Tabel 2). Arifin *et al.* (2017b) pada penelitian ikan tambakan mendapatkan nilai koefisien keragaman (KK) ukuran karakter *truss* yang rendah, yaitu dengan nilai rerata koefisien variasi (CV) seluruh karakter sebesar  $12,2 \pm 10,73\%$ .

Nilai *Wilk's lambda* berfungsi untuk menguji perbedaan yang signifikan antara populasi ikan uji untuk setiap variabel karakter. Hasil yang diperoleh menunjukkan terdapat perbedaan yang signifikan antara populasi ikan tambakan. Setiap variabel karakter menunjukkan perbedaan yang nyata ( $P < 0,05$ ); kecuali

untuk karakter A3, A6, B1, B4, B5, B6, C6, dan D1 (Tabel 3).

Wedemeyer (2001) mengemukakan bahwa fenotipe merupakan hasil interaksi antara genotipe dan lingkungan, serta merupakan bentuk luar atau sifat-sifat yang tampak, variasi yang terdapat untuk tiap-tiap karakter fenotipe bersifat tetap. 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. Kurangnya populasi ikan yang ada, dapat menjadi salah satu penyebab peluang terjadinya silang dalam. Soewardi (2007) mengemukakan bahwa penurunan keragaman genetik

Tabel 2. Pola keragaman morfometrik 21 karakter pengukuran tiga populasi ikan tambakan yang berasal dari Kalimantan Tengah, Jawa Barat, dan Jambi

Table 2. Morphometric variation pattern of 21 measurement characters of three kissing gouramy populations (Central Kalimantan, West Java, and Jambi)

Karakter Character	Kalimantan Tengah Central Kalimantan		Jawa Barat West Java		Jambi Jambi		Rerata Average CV (%)
	Rerata $\pm$ SD Average $\pm$ SD	KK CV (%)	Rerata $\pm$ SD Average $\pm$ SD	KK CV (%)	Rerata $\pm$ SD Average $\pm$ SD	KK CV (%)	
A1	0.40 $\pm$ 0.036	9.1	0.36 $\pm$ 0.027	7.5	0.38 $\pm$ 0.027	7.2	7.9 $\pm$ 1.04
A2	0.05 $\pm$ 0.013	23.4	0.06 $\pm$ 0.016	27.0	0.07 $\pm$ 0.012	15.9	22.1 $\pm$ 5.68
A3	0.39 $\pm$ 0.024	6.2	0.38 $\pm$ 0.018	4.6	0.38 $\pm$ 0.029	7.5	6.1 $\pm$ 1.42
A4	0.45 $\pm$ 0.029	6.6	0.41 $\pm$ 0.032	7.7	0.45 $\pm$ 0.033	7.3	7.2 $\pm$ 0.58
A5	0.22 $\pm$ 0.046	20.7	0.19 $\pm$ 0.022	11.7	0.23 $\pm$ 0.016	6.9	13.1 $\pm$ 7.02
A6	0.41 $\pm$ 0.025	6.0	0.41 $\pm$ 0.018	4.5	0.41 $\pm$ 0.028	6.8	5.7 $\pm$ 1.17
B1	0.44 $\pm$ 0.085	19.3	0.41 $\pm$ 0.037	9.0	0.43 $\pm$ 0.033	7.7	12.0 $\pm$ 6.36
B3	0.43 $\pm$ 0.024	5.6	0.46 $\pm$ 0.029	6.4	0.42 $\pm$ 0.035	8.3	6.8 $\pm$ 1.43
B4	0.72 $\pm$ 0.053	7.3	0.71 $\pm$ 0.027	3.8	0.72 $\pm$ 0.022	3.0	4.7 $\pm$ 2.31
B5	0.23 $\pm$ 0.051	21.7	0.21 $\pm$ 0.015	7.4	0.20 $\pm$ 0.038	18.6	15.9 $\pm$ 7.50
B6	0.59 $\pm$ 0.063	10.6	0.62 $\pm$ 0.023	3.8	0.61 $\pm$ 0.047	7.7	7.4 $\pm$ 3.45
C1	0.20 $\pm$ 0.029	14.3	0.24 $\pm$ 0.029	12.1	0.19 $\pm$ 0.038	19.7	15.4 $\pm$ 3.90
C3	0.30 $\pm$ 0.021	7.0	0.35 $\pm$ 0.016	4.5	0.30 $\pm$ 0.046	15.4	9.0 $\pm$ 5.71
C4	0.66 $\pm$ 0.064	9.6	0.71 $\pm$ 0.023	3.2	0.64 $\pm$ 0.040	6.3	6.4 $\pm$ 3.18
C5	0.60 $\pm$ 0.064	10.7	0.66 $\pm$ 0.033	5.1	0.60 $\pm$ 0.039	6.5	7.4 $\pm$ 2.92
C6	0.15 $\pm$ 0.031	20.4	0.15 $\pm$ 0.014	9.3	0.15 $\pm$ 0.035	23.6	17.8 $\pm$ 7.46
D1	0.05 $\pm$ 0.015	29.8	0.05 $\pm$ 0.021	43.8	0.04 $\pm$ 0.006	14.6	29.4 $\pm$ 14.59
D3	0.14 $\pm$ 0.016	11.9	0.16 $\pm$ 0.028	17.4	0.13 $\pm$ 0.005	4.1	11.2 $\pm$ 6.70
D4	0.14 $\pm$ 0.015	11.2	0.16 $\pm$ 0.026	16.4	0.13 $\pm$ 0.010	7.4	11.7 $\pm$ 4.54
D5	0.05 $\pm$ 0.008	15.6	0.04 $\pm$ 0.013	33.3	0.04 $\pm$ 0.007	16.6	21.9 $\pm$ 9.95
D6	0.12 $\pm$ 0.020	17.0	0.16 $\pm$ 0.027	17.4	0.12 $\pm$ 0.012	10.0	14.8 $\pm$ 4.19
Rerata (Average)		13.5 $\pm$ 6.86		12.2 $\pm$ 10.73		10.5 $\pm$ 5.69	

Tabel 3. Beda nyata antar karakter penciri pada tiga populasi ikan tambakan yang berasal dari Kalimantan Tengah, Jawa Barat, dan Jambi berdasarkan nilai *Wilks' Lambda*  
 Table 3. *The significant differences between the identified characters in the three kissing gouramy populations (Central Kalimantan, West Java, and Jambi) based on Wilks' Lambda*

Karakter (Character)	Wilks' Lambda	F	Sig.
A1	0.795	4.117	0.026*
A2	0.651	8.564	0.001*
A3	0.972	0.462	0.634 <sup>ns</sup>
A4	0.758	5.102	0.012*
A5	0.693	7.079	0.003*
A6	0.993	0.116	0.891 <sup>ns</sup>
B1	0.925	1.290	0.289 <sup>ns</sup>
B3	0.755	5.204	0.011*
B4	0.979	0.341	0.713 <sup>ns</sup>
B5	0.897	1.836	0.176 <sup>ns</sup>
B6	0.943	0.962	0.393 <sup>ns</sup>
C1	0.744	5.499	0.009*
C3	0.697	6.956	0.003*
C4	0.694	7.062	0.003*
C5	0.749	5.364	0.010*
C6	0.988	0.190	0.828 <sup>ns</sup>
D1	0.950	0.835	0.443 <sup>ns</sup>
D3	0.622	9.719	0.001*
D4	0.700	6.866	0.003*
D5	0.807	3.838	0.032*
D6	0.556	12.761	0.000*

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

Note: \* Show significantly different ( $P < 0.05$ )

bisa disebabkan oleh beberapa hal seperti isolasi populasi, *inbreeding*, dan *genetic drift*.

Keeratan hubungan populasi ditunjukkan dengan nilai kesamaan di antara ketiga populasi ikan tambakan yang diamati (Tabel 4). Hasil analisis *scatter plots* (Gambar 2) memperlihatkan hubungan antar populasi yang diwakili oleh variabel sebagai komponen penyusunnya.

Berdasarkan teritorial map *Canonical Discriminant Function*, memperlihatkan adanya pola pemisahan antar populasi ikan tambakan yang diuji. Sekitar 60% individu populasi Jawa Barat menyebar negatif pada fungsi-1 maupun fungsi-2, terpisah dengan populasi Jambi yang individunya 80% menyebar pada wilayah negatif fungsi-2 dan populasi Kalimantan Tengah yang individunya menyebar 70% pada wilayah positif-2. Antara populasi Jambi dengan populasi Jawa Barat memiliki wilayah himpitan pada negatif fungsi-1. Pada populasi

Kalimantan Tengah, wilayah himpitan dengan populasi Jawa Barat berada pada wilayah negatif fungsi-2. Antara populasi Jambi dan Kalimantan Tengah, himpitan berada pada wilayah positif baik fungsi-1 maupun fungsi-2. Berdasarkan karakter yang dominan membentuk sumbu komponen fungsi yaitu: A3, A6, B1, B4, B5, B6, C6, dan D1.

Populasi Jawa Barat menjadi bentuk umum semua populasi, artinya populasi ini memberikan andil alel (*sharing allele*) kepada populasi Jambi dan populasi Kalimantan Tengah. Populasi Kalimantan Tengah menerima *sharing allele* dari populasi Jawa Barat sebesar 30% dan dipertahankan dalam populasi internalnya sebesar 70% dan 10% menjadi bentuk umum dari populasi Kalimantan Tengah dan Jambi. Populasi Jambi menerima *sharing allele* sebesar 10% dari populasi Jawa Barat dan dipertahankan dalam populasi internalnya sebesar 80% dan 20% merupakan bentuk

Tabel 4. Nilai prediksi pertukaran komponen (*sharing component*) atau indeks kesamaan tiga populasi ikan tambakan yang berasal dari Kalimantan Tengah, Jawa Barat, dan Jambi (%)

Table 4. The predicted values of the sharing component or the similarity index of the three kissing gouramy populations (Central Kalimantan, West Java, and Jambi) (%)

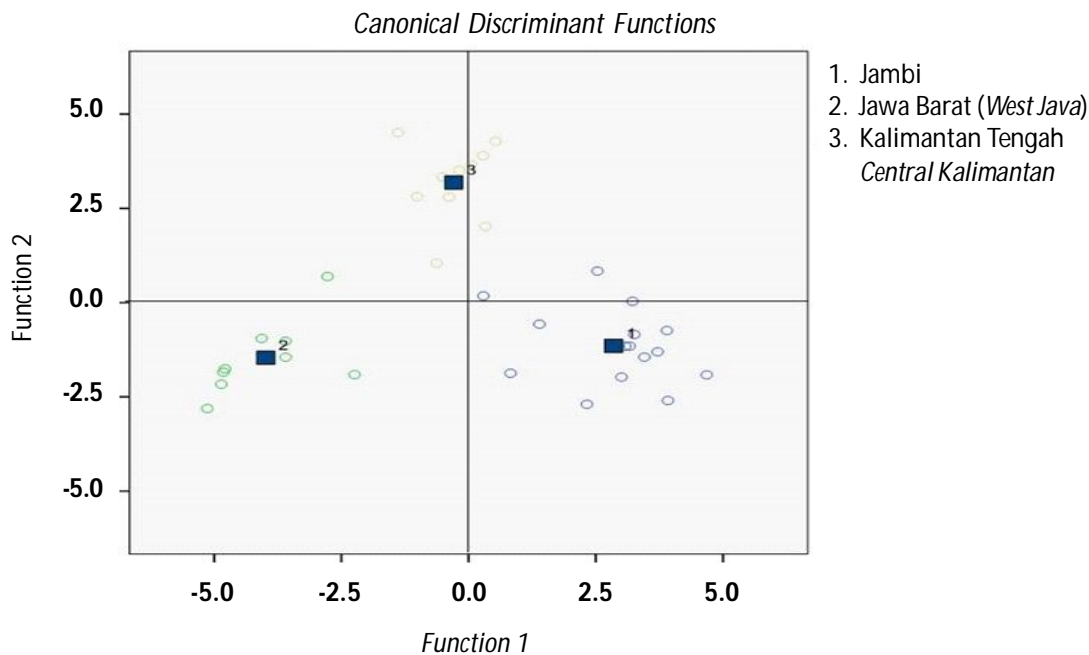
Populasi (Population)	Prediksi pertukaran komponen Predicted value of sharing component			Total (Total)
	Kalimantan Tengah Central Kalimantan	Jawa Barat West Java	Jambi Jambi	
Kalimantan Tengah (Central Kalimantan)	70.0	20.0	10.0	100.0
Jawa Barat (West Java)	30.0	60.0	10.0	100.0
Jambi (Jambi)	20.0	0.0	80.0	100.0

umum (*common allele*) dari populasi Jambi dan Kalimantan Tengah.

Nilai kesamaan ukuran tubuh memberikan penjelasan adanya percampuran yang terukur antara populasi satu dengan lainnya. Di antara ketiga populasi terlihat adanya *sharing component* antar populasi, dan semua komponen variabel terukur dibangun antara masing-masing populasi. Ikan tambakan yang berasal dari Jambi merupakan populasi dengan kategori keragaman genetik yang rendah karena memiliki nilai intrapopulasi yang cukup tinggi dibanding populasi lainnya. Suparyanto *et al.* (1999) mengemukakan semakin tinggi nilai *sharing component* intrapopulasi

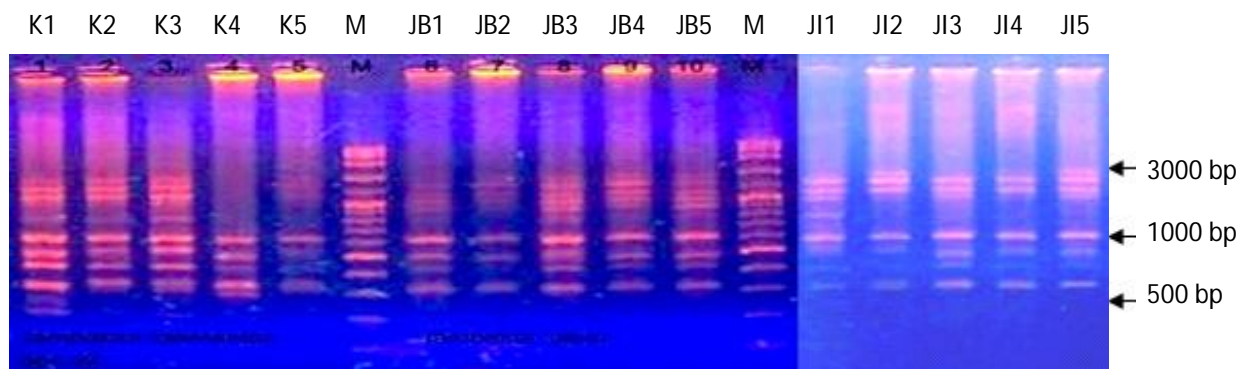
semakin rendah keragaman genetiknya dengan kata lain populasi tersebut lebih murni dibandingkan lainnya, begitu juga sebaliknya. Dunham (2011) mengemukakan bahwa keragaman genetik penting untuk kelangsungan hidup jangka panjang suatu spesies dan juga dapat menjamin *fitness* suatu spesies atau populasi dengan memberikan spesies atau populasi tersebut kemampuan untuk beradaptasi pada perubahan lingkungan.

Berdasarkan analisis genetik memperlihatkan bahwa jumlah fragmen ikan tambakan yang berasal dari Kalimantan Tengah, Jawa Barat, dan Jambi memiliki jumlah yang hampir sama yaitu 10-12 dengan ukuran



Gambar 2. Wilayah *Canonical Discriminant Function* antar populasi ikan tambakan dari Kalimantan Tengah, Jawa Barat, dan Jambi.

Figure 2. Teritorial map of *Canonical Discriminant Function* between kissing gouramy populations (Central Kalimantan, West Java, and Jambi).



Gambar 3. Hasil amplifikasi RAPD DNA tiga populasi ikan tambakan (K: Kalimantan Tengah, JB: Jawa Barat, JI: Jambi, M: marker).

Figure3. RAPD amplification results from the three populations of kissing gouramy fish (K: Central Kalimantan, JB: West Java, JI: Jambi, M: marker).

fragmen setiap populasi berkisar antara 200 bp sampai 1.500 bp.

Populasi ikan tambakan Kalimantan Tengah memiliki nilai rata-rata keragaman genetik yang tinggi, dengan nilai polimorfik 81,25% dan nilai heterozigositas sebesar 0,3544; sedangkan populasi Jambi menghasilkan nilai keragaman genetik yang rendah dengan polimorfik sebesar 50,00% dan heterozigositas 0,1898 (Tabel 5).

Populasi ikan tambakan yang diuji menunjukkan tingkat keragaman genetik yang tinggi dengan nilai polimorfik antara 50,00% sampai 81,25%. Hasil penelitian ini berkesesuaian dengan penelitian yang telah dilakukan oleh Putriana (2011) menggunakan ikan tambakan dari Jawa Barat, Kalimantan Selatan, dan Jambi, di mana polimorfisme dan heterozigositas tertinggi terdapat pada populasi ikan tambakan Kalimantan Selatan dibandingkan dengan ikan tambakan dari Jambi dan Jawa Barat. Arifin *et al.* (2007) memperoleh nilai polimorfik sebesar 47,65%-64%; pada empat populasi ikan nila *O. niloticus*. Arifin *et al.* (2017a) memperoleh nilai polimorfik yang rendah pada ikan gurami yaitu antara 9,09% sampai 31,82%. Abdallah *et al.* (2004) memperoleh nilai polimorfik pada ikan nila

dari alam lebih rendah, yaitu antara 22%-33%. Secara genotipe, tiga populasi ikan tambakan yang diuji menunjukkan tidak berbeda nyata ( $P > 0,05$ ) antara satu populasi dengan populasi lainnya (Tabel 6), hal ini mengindikasikan bahwa populasi ikan tambakan yang diuji kemungkinan awalnya berasal dari sumber genetik yang sama, karena perbedaan habitat mengalami perubahan keragaman fenotipe dan genotipe bersinggungan dengan indeks kemiripan (*sharing component*) masing-masing populasi 100%.

Analisis kluster (UPGMA) dilakukan untuk melihat hubungan antar-populasi dan menggambar dendrogram berdasarkan jarak berpasangan antar-populasi (Gambar 4). Tiga populasi ikan tambakan (Jawa Barat, Kalimantan Tengah, dan Jambi) menunjukkan berada pada jarak genetik yang hampir sama.

Berdasarkan hasil analisis UPGMA berupa dendrogram dengan pola pengelompokan yang sama, terdapat korelasi antara jarak genetik dengan letak geografis populasi. Jarak genetik yang tinggi ditemukan antara populasi Kalimantan Tengah dengan populasi Jambi dan Jawa Barat. Populasi Jambi sangat dekat jarak genetiknya dengan populasi Jawa Barat, yang ditunjukkan dengan kecilnya jarak genetik antara kedua

Tabel 5. Nilai heterozigositas dan polimorfik tiga populasi ikan tambakan yang berasal dari Kalimantan Tengah, Jawa Barat, dan Jambi

Table 5. Heterozygosity and polymorphic loci of the three populations kissing gouramy (Central Kalimantan, West Java, and Jambi)

	Kalimantan Tengah Central Kalimantan	Jawa Barat West Java	Jambi
Jumlah sampel (Number of sample)	5	5	5
Heterozigositas (Heterozygosity)	0.3544	0.2413	0.1898
Polimorfisme lokus (Polymorphic loci) (%)	81.25	56.25	50.00



Tabel 6. Uji perbandingan berpasangan  $F_{ST}$  populasi ikan tambakan yang berasal dari Kalimantan Tengah, Jawa Barat, dan Jambi pada selang kepercayaan 95%

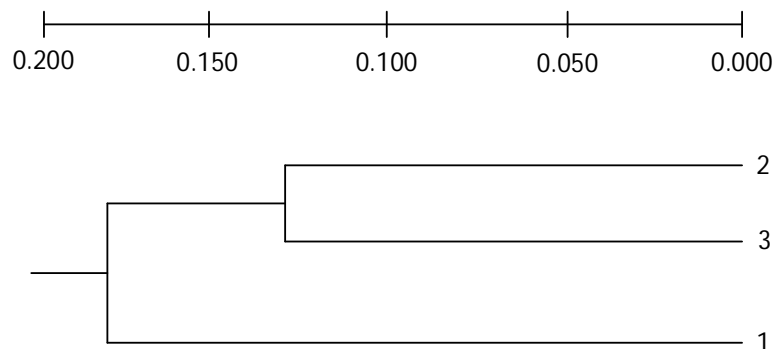
Table 6.  $F_{ST}$  paired comparison test of kissing gouramy populations (Central Kalimantan, West Java, and Jambi) at 95% confidence interval

Populasi Population	Kalimantan Tengah Central Kalimantan	Jawa Barat West Java	Jambi Jambi
Kalimantan Tengah (Central Kalimantan)	*****		
Jawa Barat (West Java)	0.8826	*****	
Jambi (Jambi)	0.8790	0.9999	*****

Tabel 7. Jarak genetik *Nei* tiga populasi ikan tambakan yang berasal dari Kalimantan Tengah, Jawa Barat, dan Jambi

Table 7. *Nei* genetic distance in the three kissing gouramy populations (Central Kalimantan, West Java, and Jambi)

Populasi Population	Kalimantan Tengah Central Kalimantan	Jawa Barat West Java	Jambi Jambi
Kalimantan Tengah (Central Kalimantan)	*****		
Jawa Barat (West Java)	0.1387	*****	
Jambi (Jambi)	0.1452	0.1044	*****



Gambar 4. Dendrogram jarak genetik tiga populasi ikan tambakan (1. Kalimantan Tengah, 2. Jawa Barat, 3. Jambi).

Figure 4. Dendrogram of genetic distance of the three populations of *Helostoma temminckii* (1. Central Kalimantan, 2. West Java, 3. Jambi).

populasi, hal ini dimungkinkan karena adanya hubungan di antara kedua lokasi. Populasi Jambi kemungkinan berasal dari induk ikan tambakan yang didatangkan dari Jawa, atau sebaliknya.

#### KESIMPULAN

Nilai polimorfisme (81,25%) dan heterozigositas (0,3544) tertinggi terdapat pada populasi ikan tambakan Kalimantan Tengah. Jarak genetik tertinggi antara populasi Jambi dengan Kalimantan Tengah sebesar 0,1452; sedangkan jarak genetik terendah

adalah 0,1044 yaitu antara populasi Jambi dengan Jawa Barat. Berdasarkan uji karakter morfometrik diketahui terdapat 13 karakter pembeda yaitu A1, A2, A4, A5, B3, C1, C3, C4, C5, D3, D4, D5, dan D6.

#### UCAPAN TERIMA KASIH

Penulis mengucapkan terima kasih kepada Ir. Retna Utami, M.Sc., Deni Irawan, dan Sirodiana atas kontribusinya selama penelitian berlangsung. Penelitian ini merupakan bagian dari penelitian yang dibiayai oleh DIPA BPPBAT Tahun 2015.



## DAFTAR ACUAN

- Abdallah, H.H., Elnaldy, M., Obeida, A., & Itriby, H. (2004). Genetic diversity of Nile tilapia populations revealed by randomly amplified polymorphic DNA (RAPD). *Aquaculture Research*, 35, 587-593.
- Arifin, O.Z., Nugroho, E., & Gustiano, R. (2007). Keragaman genetik populasi ikan nila (*Oreochromis niloticus*) dalam program seleksi berdasarkan RAPD. *Berita Biologi*, 8(6), 465-471.
- Arifin, O.Z., Imron, Muslim, N., Hendri, A., Aseppendi, & Yani, A. (2017a). Karakteristik fenotipe dan genotipe ikan gurami, *Osphronemus goramy*, strain Galunggung Hitam, Galunggung Putih dan hibridanya. *Jurnal Riset Akuakultur*, 12(2), 99-110.
- Arifin, O.Z., Cahyanti, W., Subagja, J., & Kristanto, A.H. (2017b). Keragaman fenotipe ikan tambakan (*Helostoma temminckii*, Cuvier 1829) jantan dan betina generasi kedua hasil domestikasi. *Media Akuakultur*, 11(2), 1-9.
- Brzesky, V.J. & Doyle, R.W. (1988). A morphometric criterion for sex discrimination in tilapia. In Pullin, R.S.V., Bhukaswan, T., Tonguthai, K., & Maclan, J.L. (Eds.), *The second ISTA*, Bangkok, Thailand. *ICLARM Conf. Proceeding*, 15, 439-444.
- Dunham, R.A. (2011). *Aquaculture and fisheries biotechnology: Genetic Approaches*. 2nd Edition Cambridge, USA: CABI Publishing, 495 pp.
- Ferdous, S. (2013). *Geometric morphometrics and phylogeny of the catfish genus *Mystus scopoli* (Siluriformes: Bagridae) and North American cyprinids (Cypriniformes)*. Dissertation. Auburn University, Alabama, United State, 120 pp.
- Gustiano, R., Oktaviani, T., Soelistyowati, D.T., Kusmini, I.I., Wahyutomo, & Huwoyon, G.H. (2013). Analisis ragam genotipe RAPD dan fenotipe truss morfometrik pada tiga populasi ikan gabus [*Channa striata* (Bloch, 1793)]. *Berita Biologi*, 12(3), 325-333.
- Hatanaka, T. & Galetti, P.M. Jr. (2003). RAPD marker indicate the occurrence of structured population in a migratory freshwater fish species. *Genetics and Molecular Biology*, 26(1), 19-25.
- Indrawan, M. (2007). *Biologi konservasi*. Jakarta: Yayasan Obor Indonesia, 15 hlm.
- Iskandariah, Soelistyowati, D.T., Gustiano, R., Kusmini, I.I., & Huwoyon, G.H. (2015). Ragam genetik tiga populasi sepat siam (*Trichopodus pectoralis* Regan; *Osphronemidae*) asal Kalimantan menggunakan analisis RAPD dan pengukuran morfometrik truss. *Berita Biologi*, 14(1), 56-68.
- Iqbal. (2011). *Ikan-ikan di hutan rawa gambut Merang-Kepayang dan sekitarnya*. Merang REDD Pilot Project, 85 hlm.
- Kusmini, I.I., Gustiano, R., Radona, D., Prakosa, V.A., Putri, F.P., & Prihadi, T.H. (2016). Karakterisasi fenotipe dan genotipe tiga populasi ikan tengadak (*Barbonymus schwanefeldii*). *Jurnal Riset Akuakultur*, 11(3), 207-216.
- Langer, S., Tripathi, N.K., & Khajuria, B. (2013). Morphometric and meristic study of golden mahseer (*Tor putitora*) from Jhajjar Stream India. *Journal of Animal, Veterinary and Fishery Sciences*, 1(7), 1-4.
- Mojekwu, T.O. & Anumundu, C.I. (2015). Advanced techniques for morphometric analysis in Fish. *Journal of Aquaculture Research & Development*, 6(354), 1-6.
- Nei, M. & Tajima, F. (1981). DNA Polymorphism detectable by restriction endonuclease. *Genetics*, 97, 146-163.
- Nugroho, E., Azrita, A., Syandri, H., & Refilza, R. (2016). Evaluasi keragaman genetik ikan kalui (*Osphronemus goramy*) dari Kabupaten Lima Puluh Kota, Sumatera Barat berdasarkan marka *random amplified polymorphism DNA* (RAPD). *Jurnal Riset Akuakultur*, 11(4), 313-319.
- Putriana, I. (2011). *Keragaman tiga populasi ikan tambakan (*Helostoma temminckii*) dengan metode RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) dan karakter morfometrik*. Skripsi. Departemen Budidaya, Institut Pertanian Bogor. Bogor, 28 hlm.
- Radona, D., Kusmini, I.I., & Ath-thar, M.H.F. (2017). Karakterisasi meristik dan morfometrik tiga generasi ikan tengadak (*Barbonymus schwanefeldii*) asal Kalimantan Barat. *Jurnal Riset Akuakultur*, 12(1), 1-8.
- Rahmawati. (2016). *Studi jarak genetik populasi *Channa striata* (Bloch 1793) di tiga sungai dalam aliran DAS Brantas*. Skripsi. Fakultas Sains dan Teknologi, Universitas Airlangga. Surabaya, 85 hlm.
- Sulaiman, Z.H. & Daud, H.K.H. (2002). Pond aquaculture of kissing gouramis [*Helostoma temminckii* (Pisces: Helostomatidae)] in Bukit Udal, Totong. Preliminary investigation. *Bruneiana: Anthology of Science Article*, 3, 34-41.
- Soewardi, K. (2007). *Pengelolaan keragaman genetik sumber daya perikanan dan kelautan*. Departemen Manajemen Sumberdaya Perairan, Fakultas Perikanan dan Ilmu kelautan, Institut Pertanian Bogor. Bogor, 153 hlm.
- Suparyanto, A., Purwadaria, T., & Subandriyo. (1999). Pendugaan jarak genetik dan faktor peubah pembeda bangsa dan kelompok domba di Indonesia melalui pendekatan analisis morfologi. *Jurnal Ilmu Ternak dan Veteriner*, 4, 80-87.
- Wedemeyer, G.A. (2001). *Fish hatchery management*. 2<sup>nd</sup> ed. Bethesda, MD: American Fisheries Society, 733 pp.