

**RAGAM GENETIK TIGA POPULASI SEPAT SIAM (*Trichopodus pectoralis* Regan; *Osphronemidae*) ASAL KALIMANTAN MENGGUNAKAN ANALISIS RAPD DAN PENGUKURAN *MORPHOMETRIC TRUSS***  
**[Genetic Diversity of Three Populations of Snakeskin Gourami (*Trichopodus pectoralis* Regan; *Osphronemidae*) from Kalimantan Based on RAPD Analysis and Truss Morphometrics Measurements]**

**Iskandariah<sup>1✉</sup>, Dinar Tri Soelistyowati<sup>2</sup>, Rudhy Gustiano<sup>3</sup>, Irin Iriana Kusmini<sup>3</sup>, dan Gleni Hasan Huwoyon<sup>3</sup>**

<sup>1✉</sup>Mahasiswa Pascasarjana Institut Pertanian Bogor

<sup>2</sup>Departemen Budidaya Perairan, Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan Institut Pertanian Bogor  
Jl. Lingkar Akademik, Kampus IPB Darmaga, Bogor 16680

<sup>3</sup>Balai Penelitian dan Pengembangan Budidaya Air Tawar Bogor  
Jl. Sempur No.1 Kota Bogor  
e-mail: iskandariah@yaho.com

**ABSTRACT**

The aim of this study was to evaluate the genetic diversity of three populations of Snakeskin Gourami (*Trichopodus pectoralis*; *Osphronemidae*) from three provinces of Indonesian Borneo: West, Central, and South Kalimantan using *Random Amplified Polymorphism DNA (RAPD)* and *morphometric truss methods*. DNA amplification using primer OPC-02, OPC-05, and OPA-09 resulted in 21 to 28 fragments with sizes ranged from 200 to 1600 bp, polymorphism value was of 7.14 to 25.00%, heterozygosity was of 0.02 to 0.11 and the genetic distance between populations was of 0.27 to 0.28. Truss morphometrics analysis showed that the coefficient of variability was ranging between 2.75 to 12.52%. There were 9 characters that can be used as diagnostic characters for Snakeskin Gourami. The intra population similarity index in Snakeskin Gourami populations from West Kalimantan was the highest (80%) followed by populations from Central Kalimantan (16.7%) and South Kalimantan (3.3%). The results of RAPD and truss morphometric analysis suggested that populations from West Kalimantan have higher genetic diversity than populations from Central and South Kalimantan.

**Key words:** Genetics, Kalimantan, morphometric truss, RAPD, *Trichopodus pectoralis*.

**ABSTRAK**

Tujuan penelitian ini adalah untuk evaluasi ragam genetik dari tiga populasi Sepat Siam (*Trichopodus pectoralis*; *Osphronemidae*) asal Propinsi Kalimantan Barat, Kalimantan Tengah, dan Kalimantan Selatan menggunakan metoda *Random Amplified Polymorphism DNA (RAPD)* dan *morphometric truss*. Amplifikasi DNA dilakukan menggunakan primer OPC-02, OPC-05 dan OPA-09, menghasilkan 21 hingga 28 fragmen dengan ukuran 200 hingga 1600 bp, nilai polimorfisme 7,14 hingga 25,00%, heterozigositas 0,02 hingga 0,11 dan jarak genetik antar populasi 0,27 hingga 0,28. Hasil analisis *morphometric truss* menunjukkan koefisien keragaman berkisar antara 2,75 hingga 12,52%. Ada 9 karakter yang dapat dijadikan sebagai karakter penciri Sepat Siam. Populasi Sepat Siam asal Propinsi Kalimantan Barat memiliki indeks kesamaan *intra* populasi sebesar 80%, kesamaan dengan populasi Kalimantan Tengah sebesar 16,7% dan kesamaan dengan populasi Kalimantan Selatan 3,3%. Berdasarkan analisis *morphometric truss* dan RAPD populasi Sepat siam asal Propinsi Kalimantan Barat mempunyai tingkat keragaman genetik lebih tinggi dari populasi asal Propinsi Kalimantan Tengah dan Kalimantan Selatan.

**Kata kunci:** Genetika, Kalimantan, morphometric truss, RAPD, *Trichopodus pectoralis*.

**PENDAHULUAN**

Sepat Siam (*Trichopodus pectoralis*; *Osphronemidae*) bukan merupakan jenis ikan asli perairan tawar Indonesia tetapi dari perairan tawar daratan Asia Tenggara, terutama di Kamboja, Laos, Thailand, dan Vietnam, serta dari lembah Sungai Chao Phraya di Thailand. Jenis ikan ini di-introduksi ke Indonesia (saat itu Hindia Timur Belanda) pada tahun 1934 dan dikembangkan di kolam

-kolam dan persawahan. Pada tahun 1937 jenis ikan ini ditebarkan di Danau Tempe di Propinsi Sulawesi Selatan. Dua tahun setelah ditebarkan, jenis ikan ini mendominasi 70% hasil tangkapan ikan di danau tersebut (Anonim, 2013).

Produksi Sepat Siam Indonesia sampai saat ini sebagian besar masih berasal dari hasil penangkapan di alam. Upaya budidaya belum banyak dilakukan untuk melestarikan keberadaan

jenis ikan ini, sehingga dikhawatirkan lambat laun populasinya akan semakin berkurang dan mengalami kepunahan. Berbagai aktivitas manusia terbukti telah menyebabkan gangguan terhadap lingkungan sumber daya ikan air tawar dan sebagai konsekuensinya keanekaragaman jenis ikan menghadapi ancaman penurunan keanekaragaman ikan (Mamangkey *et al.*, 2007). Kegiatan penangkapan yang tidak terkontrol dan berlebihan mengarah pada hasil tangkap lebih (*overfishing*) mengancam kelestarian sumberdaya jenis-jenis ikan lokal, terutama apabila kegiatan penangkapan tersebut dilakukan tanpa memperhatikan siklus reproduksi ikan sehingga dapat berdampak pada tekanan seleksi ikan ukuran tertentu yang berakibat pada penurunan umur kematangan seksual dan masa reproduksi.

Pengembangan budidaya Sepat Siam dapat dilakukan apabila proses domestikasi sudah terlebih dahulu berhasil dengan baik. Upaya domestikasi terhadap Sepat Siam ini diharapkan dapat menjaga kelestarian sumberdaya genetiknya serta meningkatkan produktivitasnya melalui pengelolaan secara terarah dan berkelanjutan. Ragam genetik penting untuk kelestarian jangka panjang suatu jenis atau populasi untuk beradaptasi pada perubahan lingkungan (Dunham, 2004).

Identifikasi keragaman genetik dalam suatu populasi jenis dapat dilakukan dengan pemetaan genotip dan karakterisasi fenotip. Pemetaan genotip dapat dilakukan dengan metode RAPD (*Random Amplified Polymorphism DNA*). Marka RAPD ideal karena polimorfismenya yang tinggi (Dunham, 2004), serta tidak membutuhkan pengetahuan mengenai target sekuens DNA atau organisasi gennya (Liu, 2007). RAPD telah digunakan pada pemetaan genotip ikan Butini (*Glossogobius matanensis*; *Gobiidae*; Mamangkey *et al.*, 2007), ikan Batak (*Tor soro*; *Cyprinidae*; Asih *et al.*, 2008), ikan Nilem (*Osteochilus vittatus*; *Cyprinidae*; Mulyasari, 2010), dan ikan Baronang (*Siganus guttatus*; *Siganidae*; Lante *et al.*, 2012) untuk tujuan domestikasi ikan-ikan lokal.

Analisis keragaman genetik secara fenotip dapat dilakukan antara lain dengan metoda *truss morphometric*. Metode pengukuran morfometrik dilakukan dengan menghubungkan titik-titik pada kerangka tubuh ikan (Blezinsky dan Doyle, 1987). Metoda *truss morphometric* yang menggambarkan perbedaan hubungan kekerabatan populasi telah dilakukan pada ikan Nila (*Oreochromis nilotica*; *Cichlidae*; Arifin dan Kurniasih, 2007), ikan Baung (*Hemibagrus nemurus*; *Bagridae*; Nugroho *et al.*, 2005), ikan Nilem (*Osteochilus vittatus*; *Cyprinidae*; Mulyasari, 2010), ikan Tawes (*Barbonymus gonionotus*; *Cyprinidae*; Kusmini *et al.*, 2010), dan ikan Tengadak (*Barbonymus schwanenfeldii*; *Cyprinidae*; Kusmini *et al.*, 2010).

Penelitian ini bertujuan untuk memetakan keragaman genetik dan fenotip Sepat Siam asal Propinsi Kalimantan Barat, Kalimantan Tengah dan Kalimantan Selatan berdasarkan analisis RAPD dan *truss morphometric*. Diharapkan penelitian ini dapat menyediakan *database* genetika populasi Sepat Siam yang dapat digunakan sebagai acuan dalam kegiatan pengembangan budidaya dan seleksi pemijahan (*selective breeding*) jenis ikan ini.

## BAHAN DAN CARA KERJA

### Ikan Uji

Ikan uji yang digunakan adalah Sepat Siam yang berasal dari populasi di Anjungan (Kalimantan Barat), Kapuas (Kalimantan Tengah), dan Batola (Kalimantan Selatan). Masing-masing populasi terdiri dari 30 sampel untuk analisis *truss morphometric* dan 10 sampel untuk analisis molekuler (DNA). Untuk analisis DNA sampel diambil dari sirip ekor dan disimpan dalam larutan alkohol 70% sebelum digunakan dalam proses ekstraksi DNA.

### Ekstraksi DNA

Ekstraksi DNA dilakukan merujuk kepada metoda *Phenol-Chloroform* (Nugroho *et al.*, 1997). Sampel sirip diambil sebanyak 5 hingga 10 mg dan dimasukkan dalam *microtube*, kemudian dit-

ambahkan 500 ml TNES Urea (campuran dari Tris HCl, NaCl, EDTA, SDS, dan urea) dan 10 µl Protein Kinase. Setelah itu sampel dihomogenisasi dengan *vortex* selama 1 menit kemudian diinkubasi pada suhu 37 °C selama 24 jam. Setelah ditambah dengan larutan *Phenol Chloroform* sebanyak 1000 µl, dihomogenisasi lagi selama 1 menit lalu di-*centrifuge* dengan kecepatan 10.000 rpm selama 10 menit. Supernatan diambil dan ditambahkan 1000 µl *ethanol* 90% dan 10 µl CH<sub>3</sub>COONa. Setelah itu di-*centrifuge* kembali dengan kecepatan 10.000 rpm selama 10 menit, kemudian cairannya dibuang dan dikering-anginkan pada suhu kamar. *Pellet* DNA kemudian dilarutkan dalam 100 µl Tris-EDTA (TE) *buffer*.

#### **Random Amplified Polymorphism DNA (RAPD)**

Primer yang digunakan adalah OPC-02, OPC-05 dan OPA-09. Proses amplifikasi DNA dilakukan dengan metoda *Polymerase Chain Reaction* (PCR) menggunakan komposisi reaksi 2 µl DNA, 2 µl primer dengan konsentrasi 10 pmol, 12,5 µl *KAPA2G Robust HotStart Ready Mix*, dan 21 µl H<sub>2</sub>O; dengan total volume 25 µl.

Proses PCR menggunakan *thermocycler TAKARA* dengan pra-denaturasi pada suhu 94 °C selama 2 menit, 35 siklus penggandaan yang terdiri dari denaturasi pada suhu 94 °C selama 1 menit, *annealing* pada suhu 36 °C selama 1 menit dan *elongasi* pada suhu 72 °C selama 2,5 menit; dan *elongasi* akhir pada suhu 72 °C selama 7 menit. Selanjutnya elektroforesis hasil PCR menggunakan *gel agarose* 1% dalam Tris-Boric-EDTA (TBE) *buffer* 1% dan hasilnya diamati dengan bantuan UV *illuminator*.

#### **Truss Morphometric**

Pemilihan titik-titik *truss* pada ikan sepat dilakukan dengan modifikasi dari hasil penelitian Blezinsky dan Doyle (1987). Ikan diletakkan di atas kertas folio yang dilapisi plastik dan *styrofoam*, kemudian titik-titik *truss* dibuat dengan cara memasukkan jarum suntik pada *styrofoam*. Selanjutnya

antar titik *truss* tersebut ditarik garis sehingga diperoleh 16 karakter (Gambar 1).

#### **Analisis Data**

Parameter yang diukur dalam penelitian ini adalah karakteristik genotip (berdasarkan hasil analisis RAPD) dan karakteristik fenotip (berdasarkan hasil pengukuran *morphometric truss*).

Nilai polimorfisme, heterozigositas, uji statistik, jarak genetik ditentukan lewat analisis data RAPD dengan menggunakan *Tools For Polpulation Genetic Analysis* (TFPGA) ver. 1.3 (Miller, 1997) dan hasilnya disajikan dalam bentuk dendrogram.

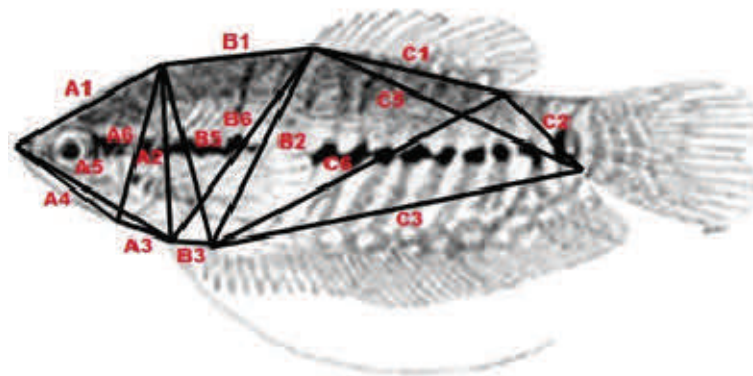
Analisis data *morphometric truss* dilakukan dengan mengkonversi seluruh karakter morfometrik ke dalam rasio karakter yang dibagi dengan panjang standar. Selanjutnya data dianalisis menggunakan SPSS ver. 19,0 guna menentukan nilai koefisien keragaman, signifikansi, sebaran karakter, nilai *sharing component* dan hasilnya disajikan dalam bentuk dendrogram.

## **HASIL**

### **Keragaman Genetik**

Hasil amplifikasi menggunakan primer OPC-02, OPC-05 dan OPA-09 menghasilkan 21 hingga 28 fragmen dengan ukuran berkisar antara 200 hingga 1600 bp (Gambar 2 - 4).

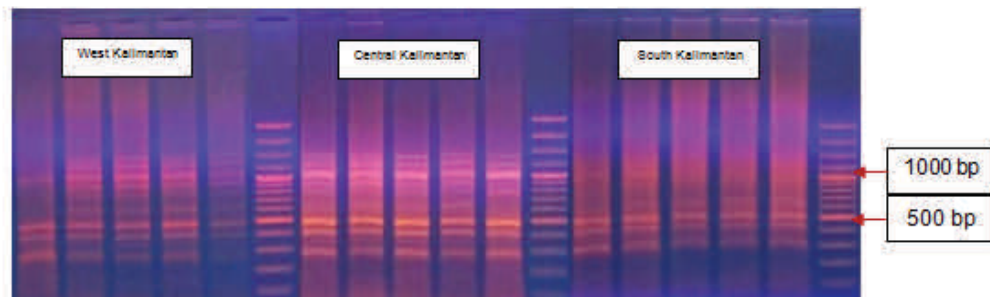
Jumlah fragmen pada populasi Sepat Siam asal Kalimantan Barat sebanyak 21 hingga 27 fragmen, asal Kalimantan Tengah 24 hingga 26 fragmen, dan asal Kalimantan Selatan 26 hingga 28 fragmen dengan ukuran fragmen berkisar 200 hingga 1600 bp (Tabel 1). Meskipun pola fragmen dari ketiga populasi hampir sama, tetapi ada perbedaan dalam jumlah alel-alel yang teramplifikasi dalam setiap lokusnya. Hasil analisis TFPGA menunjukkan polimorfisme ikan uji berkisar antara 7,14 hingga 25,00% dan heterozigositas 0,02 hingga 0,11 (Tabel 2).



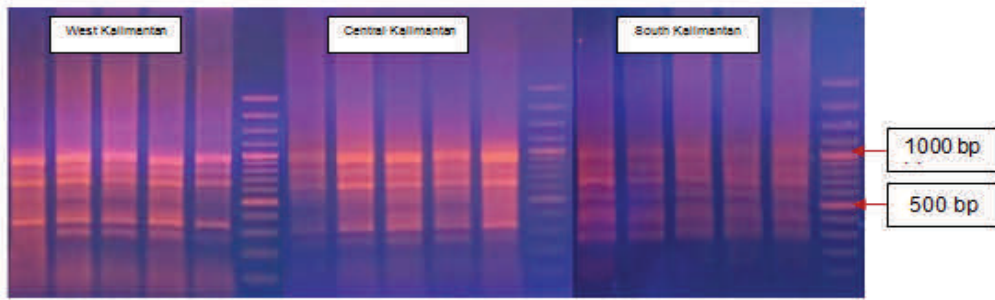
**Gambar 1.** Penentuan titik-titik *morphometric truss* pada Sepat Siam (*Trichopodus pectoralis*) [Determination of *morphometric truss* spots on Snakeskin Gourami (*Trichopodus pectoralis*)]

Keterangan/Remarks:

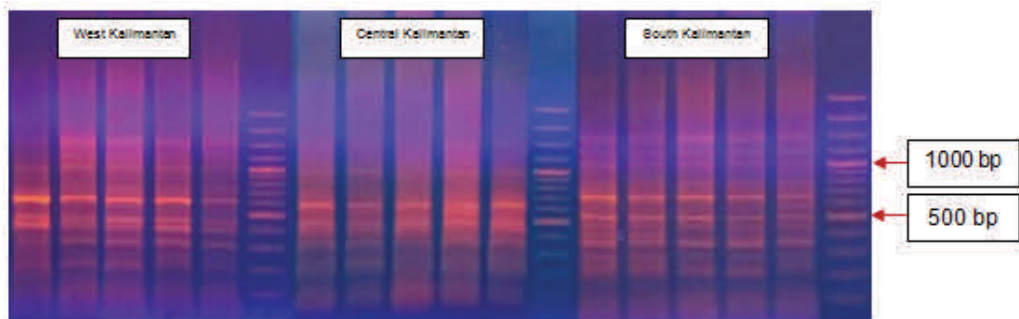
- A1 : Jarak antara ujung mulut bagian atas dengan bagian akhir tulang kepala (The distance between the upper end of the mouth with the end of bones of the head)
- A2 : Jarak antara bagian akhir tulang kepala dengan awal sirip ventral (The distance between the end of bones of the head with the beginning of the ventral fins)
- A3 : Jarak antara awal sirip ventral dengan ujung bawah operculum (The distance between the beginning of the ventral fins with the lower end of the operculum)
- A4 : Jarak antara ujung bawah operculum dengan ujung mulut bagian atas (The distance between the lower end of the operculum with the upper end of the mouth)
- A5 : Jarak antara ujung mulut bagian atas dengan awal sirip ventral (The distance between the upper end of the mouth with the beginning of the ventral fins)
- A6 : Jarak antara ujung bawah operculum dengan bagian akhir tulang kepala (The distance between the lower end of the operculum with the end of bones of the head)
- B1 : Jarak antara bagian akhir tulang kepala dengan awal sirip dorsal (The distance between the end of bones of the head with the beginning of the dorsal fin)
- B2 : Jarak antara awal sirip dorsal dengan awal sirip anal (The distance between the beginning of the dorsal fin with the beginning of the anal fin)



**Gambar 2.** Amplifikasi DNA pada tiga populasi Sepat Siam (*Trichopodus pectoralis*) asal Kalimantan menggunakan primer OPC-02 [DNA amplification on three populations of Snakeskin Gourami (*Trichopodus pectoralis*) from Kalimantan using OPC-02 primer]



**Gambar 3.** Amplifikasi DNA pada tiga populasi Sepat Siam (*Trichopodus pectoralis*) asal Kalimantan menggunakan primer OPC-05 [DNA amplification on three populations of Snakeskin Gourami (*Trichopodus pectoralis*) from Kalimantan using OPC-05 primer].



**Gambar 4.** Amplifikasi DNA pada tiga populasi Sepat Siam (*Trichopodus pectoralis*) asal Kalimantan menggunakan primer OPA-09 [DNA amplification on three populations of Snakeskin Gourami (*Trichopodus pectoralis*) from Kalimantan using OPA-09 primer].

**Tabel 1.** Jumlah fragmen dan kisaran ukuran hasil amplifikasi DNA dari tiga populasi Sepat Siam (*Trichopodus pectoralis*) asal Kalimantan [The number of fragments and size range of DNA amplification products on three populations of Snakeskin Gourami (*Trichopodus pectoralis*) from Kalimantan].

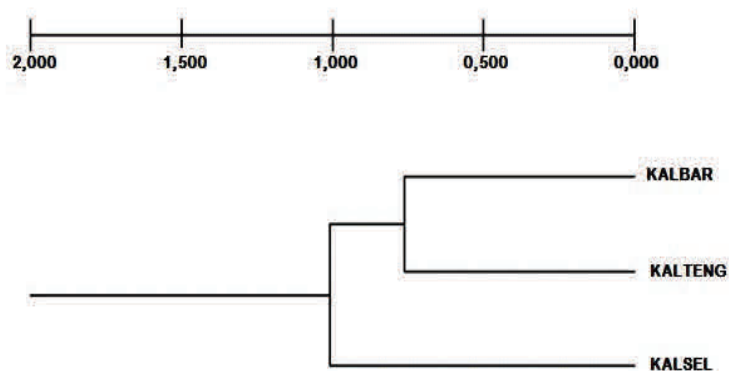
No.	Populasi (Population)	Jumlah Fragmen (Number of Fragments)	Kisaran Ukuran (bp) (Range of Sizes) (bp)
1.	Kalimantan Barat (West Kalimantan)	21 – 27	200 – 1600
2.	Kalimantan Tengah (Central Kalimantan)	24 – 26	200 – 1500
3.	Kalimantan Selatan (South Kalimantan)	26 – 28	200 – 1600

**Tabel 2.** Prosentase polimorfisme dan heterozigositas tiga populasi Sepat Siam (*Trichopodus pectoralis*) asal Kalimantan [Percentage of polymorphism and heterozygosity on three populations of Snakeskin Gourami (*Trichopodus pectoralis*) from Kalimantan].

No. (No.)	Populasi (Population)	Polimorfisme (%) (Polimorphism) (%)	Heterozigositas (Heterozygosity)
1.	Kalimantan Barat <i>West Kalimantan</i>	25,00	0,11
2.	Kalimantan Tengah <i>Central Kalimantan</i>	7,14	0,03
3.	Kalimantan Selatan <i>South Kalimantan</i>	7,14	0,02

**Tabel 3.** Uji perbandingan berpasangan Fst pada tiga populasi Sepat Siam (*Trichopodus pectoralis*) asal Kalimantan (ket: ns = tidak berbeda nyata/ $P \geq 0.05$ ) [Fst pairwise comparison test on three populations of Snakeskin Gourami (*Trichopodus pectoralis*) from Kalimantan (note: ns = non signifikan/ $P \geq 0.05$ )].

Populasi (Population)	Kalimantan Barat (West Kalimantan)	Kalimantan Tengah (Central Kalimantan)	Kalimantan Selatan (South Kalimantan)
Kalimantan Barat <i>West Kalimantan</i>	*****		
Kalimantan Tengah <i>Central Kalimantan</i>	0,85(ns)	*****	
Kalimantan Selatan <i>South Kalimantan</i>	0,85(ns)	0,72(ns)	*****



**Gambar 5.** Dendrogram jarak genetik antar tiga populasi Sepat Siam (*Trichopodus pectoralis*) asal Kalimantan berdasarkan analisis TFPGA [Dendrogram of genetic distance between on three populations of Snakeskin Gourami (*Trichopodus pectoralis*) from Kalimantan based on TFPGA analysis]

Uji perbandingan berpasangan *Fst* menunjukkan bahwa secara nyata tidak terdapat perbedaan genetik antar ketiga populasi (Tabel 3). Dendrogram yang dibentuk berdasarkan jarak genetik menunjukkan adanya kedekatan hubungan kekerabatan antara populasi Sepat Siam dari Propinsi Kalimantan Barat dengan Kalimantan Tengah (Gambar 5).

**Morphometric Truss**

Karakterisasi 16 fenotip *morphometric truss* Sepat Siam yang berasal dari Propinsi Kalimantan Barat, Kalimantan Tengah, dan Kalimantan Selatan dinyatakan dalam beberapa parameter: rerata dan simpangan baku (Tabel 4), koefisien keragaman (Tabel 5), uji signifikansi (Tabel 6), persentase *sharing component* (Tabel 7), *canonical discriminant* (Gambar 6), dan dendrogram (Gambar 7).

Rerata dan simpangan baku berkisar antara 0,01 hingga 0,03. Koefisien keragaman (*Coefficient Variance*) dari 16 karakter berkisar antara 2,75 hingga 12,52%, dengan CV tertinggi pada karakter B3 dan terendah pada karakter C5. Hasil uji signifikansi dilakukan untuk melihat karakter mana yang tidak berbeda untuk dijadikan sebagai karakter penciri atau marka dari suatu jenis ikan. Dari 16 karakter yang diuji, karakter A2, A4, A5, B2, B6, C1, C2, C3, dan C6 dapat dijadikan sebagai karakter penciri Sepat Siam.

Hasil analisis penyebaran karakter morfometrik antar populasi memperlihatkan karakter morfologi populasi Sepat Siam asal Propinsi Kalimantan Barat lebih banyak mengumpul di sebelah kanan ordinat Y, populasi asal Kalimantan Tengah mengumpul di sebelah kiri ordinat Y, dan populasi asal Kalimantan Selatan lebih banyak mengumpul di bawah ordinat X,

**Tabel 4.** Rerata dari 16 karakter *morphometric truss* pada tiga populasi Sepat Siam (*Trichopodus pectoralis*) asal Kalimantan [*Means of 16 truss morphometric characters on three populations of Snakeskin Gourami (Trichopodus pectoralis) from Kalimantan*].

Karakter yang diukur <i>Character Measured</i>	Rerata <i>Mean</i>		
	Kalimantan Barat <i>West Kalimantan</i>	Kalimantan Tengah <i>Central Kalimantan</i>	Kalimantan Selatan <i>South Kalimantan</i>
A1	0,21 ± 0,02	0,21 ± 0,01	0,21 ± 0,01
A2	0,29 ± 0,01	0,30 ± 0,01	0,30 ± 0,01
A3	0,13 ± 0,01	0,13 ± 0,01	0,13 ± 0,01
A4	0,19 ± 0,01	0,17 ± 0,01	0,18 ± 0,01
A5	0,31 ± 0,01	0,30 ± 0,01	0,31 ± 0,01
A6	0,24 ± 0,01	0,24 ± 0,01	0,24 ± 0,01
B1	0,35 ± 0,02	0,35 ± 0,02	0,35 ± 0,02
B2	0,41 ± 0,02	0,44 ± 0,02	0,41 ± 0,03
B3	0,08 ± 0,01	0,08 ± 0,01	0,08 ± 0,01
B5	0,33 ± 0,01	0,33 ± 0,01	0,33 ± 0,01
B6	0,45 ± 0,01	0,47 ± 0,02	0,45 ± 0,03
C1	0,27 ± 0,01	0,27 ± 0,01	0,28 ± 0,01
C2	0,29 ± 0,01	0,28 ± 0,01	0,28 ± 0,01
C3	0,69 ± 0,03	0,71 ± 0,02	0,69 ± 0,02
C5	0,54 ± 0,02	0,54 ± 0,01	0,54 ± 0,01
C6	0,56 ± 0,02	0,58 ± 0,02	0,56 ± 0,03

Distribusi karakteristik fenotip dari ketiga populasi saling bersinggungan pada bagian poros sumbu X dan sumbu Y.

Pendugaan nilai indeks kesamaan interpopulasi (*sharing component*) dilakukan dengan menggunakan hasil analisis diskriminan

**Tabel 5.** Koefisien keragaman (CV) dari 16 karakter *morphometric truss* pada tiga populasi Sepat Siam (*Trichopodus pectoralis*) asal Kalimantan [*Coefficient variance (CV) of 16 truss morphometric characters on three populations of Snakeskin Gourami (Trichopodus pectoralis) from Kaliman-*

Karakter yang diukur ( <i>Character measured</i> )	Koefisien keragaman (%) ( <i>Coefficient variance</i> ) (%)			
	Kalimantan Barat ( <i>West Kalimantan</i> )	Kalimantan Tengah ( <i>Central Kalimantan</i> )	Kalimantan Selatan ( <i>South Kalimantan</i> )	Rerata ( <i>Mean</i> )
A1	7,37	6,72	6,71	6,93
A2	3,42	3,62	3,43	3,49
A3	7,93	7,19	7,47	7,53
A4	5,02	6,34	6,37	5,91
A5	3,62	4,45	3,78	3,95
A6	4,18	4,41	4,91	4,50
B1	4,98	4,95	6,51	5,47
B2	4,06	4,61	7,84	5,50
B3	17,88	8,83	10,84	12,52
B5	3,30	3,69	2,61	3,20
B6	3,15	3,93	6,37	4,48
C1	4,65	5,15	3,32	4,37
C2	3,83	3,33	3,56	3,57
C3	3,99	2,35	3,55	3,30
C5	3,07	2,66	2,51	2,75
C6	3,04	2,97	4,71	3,57

**Tabel 6.** Uji signifikansi 16 karakter morfometrik pada tiga populasi Sepat Siam (*Trichopodus pectoralis*) asal Kalimantan (ket: \* = berbeda nyata/ $P \leq 0,05$  [*Significance test of 16 morphometric characters on three populations of Snakeskin Gourami (Trichopodus pectoralis) from Kalimantan (note: \* = significantly different/ $P \leq 0,05$ )]).*

Karakter yang diukur ( <i>Character measured</i> )	Wilks'Lambda ( <i>Wilks'Lambda</i> )	F ( <i>F</i> )	df1 ( <i>df1</i> )	df2 ( <i>df2</i> )	Sig. ( <i>Sig.</i> )
A1	0,947	2,450	2	87	0,092
A2	0,899	4,906	2	87	0,010*
A3	0,997	0,142	2	87	0,868
A4	0,801	10,816	2	87	0,000*
A5	0,827	9,100	2	87	0,000*
A6	0,938	2,888	2	87	0,061
B1	0,999	0,062	2	87	0,940
B2	0,795	11,191	2	87	0,000*
B3	0,999	0,060	2	87	0,941
B5	0,956	2,000	2	87	0,141
B6	0,841	8,249	2	87	0,001*
C1	0,858	7,196	2	87	0,001*
C2	0,834	8,655	2	87	0,000*
C3	0,759	13,810	2	87	0,000*
C5	0,992	0,333	2	87	0,718
C6	0,749	14,540	2	87	0,000*

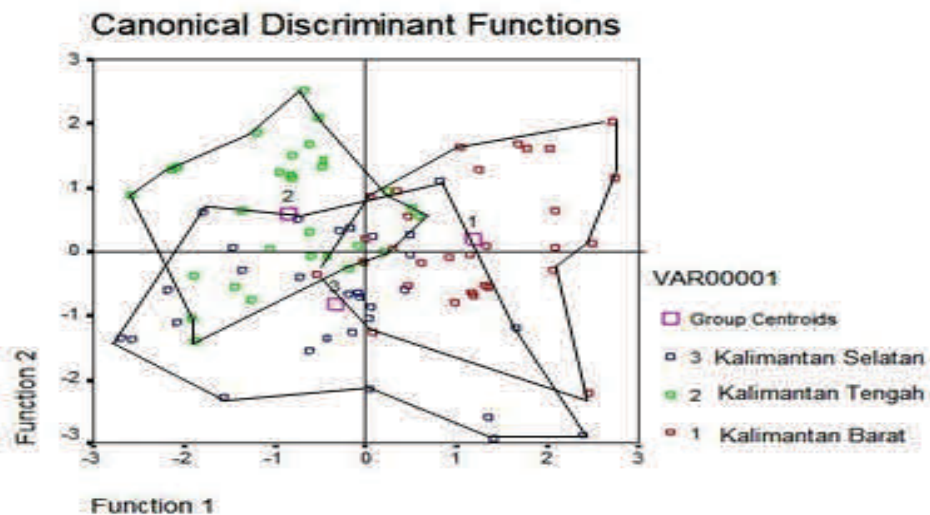


berdasarkan kesamaan ukuran tubuh tertentu, Populasi Sepat Siam asal Propinsi Kalimantan Barat memiliki indeks kesamaan intra populasi sebesar 80%, kesamaan dengan populasi Kalimantan Tengah sebesar 16,7% dan kesamaan dengan populasi Kalimantan Selatan 3,3%; populasi Sepat Siam asal Propinsi Kalimantan Tengah memiliki nilai indeks kesamaan intra

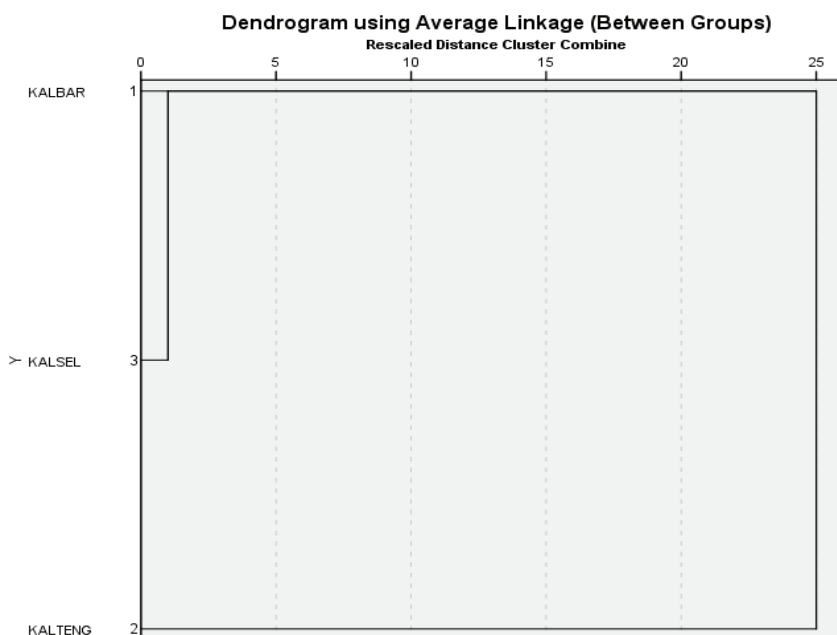
populasi sebesar 70%, kesamaan dengan populasi Kalimantan Barat sebesar 10% dan kesamaan dengan populasi Kalimantan Selatan 20%; dan populasi Sepat Siam asal Propinsi Kalimantan Selatan memiliki nilai indeks kesamaan intra populasi sebesar 66,7%, kesamaan dengan populasi Kalimantan Barat sebesar 16,7% dan kesamaan dengan populasi Kalimantan Tengah 23,3%.

**Tabel 7.** Persentase *sharing component* pada tiga populasi Sepat Siam (*Trichopodus pectoralis*) asal Kalimantan [Percentage of sharing component on three populations of Snakeskin Gourami (*Trichopodus pectoralis*) from Kalimantan].

Populasi (Population)	Kalimantan Barat (West Kalimantan)	Kalimantan Tengah (Central Kalimantan)	Kalimantan Selatan (South Kalimantan)	Total (%)
Kalimantan Barat (West Kalimantan)	80,0	16,7	3,3	100,0
Kalimantan Tengah (Central Kalimantan)	10,0	70,0	20,0	100,0
Kalimantan Selatan (South Kalimantan)	16,7	23,3	66,7	100,0



**Gambar 6.** Penyebaran karakter morfometrik pada tiga populasi Sepat Siam (*Trichopodus pectoralis*) asal Kalimantan [Distribution of morphometric characters on three populations of Snakeskin Gourami (*Trichopodus pectoralis*) from Kalimantan].



**Gambar 7.** Dendrogram hubungan inter-populasi Sepat Siam (*Trichopodus pectoralis*) asal Kalimantan berdasarkan fenotip morfometrik [Dendrogram on inter-relationships between three populations of Snakeskin Gourami (*Trichopodus pectoralis*) from Kalimantan based on morphometric phenotypes].

## PEMBAHASAN

### Keragaman Genetik

Secara umum persentase polimorfisme maupun nilai heterozigositas populasi Sepat Siam asal Propinsi Kalimantan tergolong rendah dimana persentase polimorfisme hanya berkisar antara 7,14 hingga 25,00% dan heterozigositas 0,02 hingga 0,11 (Tabel 2). Polimorfisme genetik rendah memang kerap ditemukan pada jenis-jenis ikan tawar yang telah didomestikasi seperti yang teramati pada ikan Batak (Asih *et al.*, 2008), yaitu berkisar antara 22 – 33% dan heterozigositas 0,080 – 0,12.

Menurut Sugama *et al.* (1996), rendahnya nilai keragaman genetik ini menunjukkan laju migrasi yang sempit sehingga pertukaran gen dengan populasi lain sangat terbatas. Variasi genetik sendiri dapat muncul karena mutasi, seleksi alam, pengaruh lingkungan, dan perkawinan yang dapat menyebabkan terjadinya perubahan, baik pada susunan genetik individu

maupun pada populasi. Nilai heterozigositas berkontribusi terhadap keragaman genetik dari suatu populasi. Suatu populasi dengan tingkat heterozigositas yang tinggi memungkinkan memiliki gen-gen yang menguntungkan dan dapat dieksploitasi untuk perbaikan mutu genetik stok. Nilai heterozigositas dan polimorfisme yang lebih tinggi pada populasi Sepat Siam asal Propinsi Kalimantan Barat memungkinkan adanya alel-alel yang menguntungkan dan dapat dieksploitasi pada pengelolaan stok untuk budidaya Sepat Siam.

Polimorfik yang tinggi juga mengindikasikan bahwa populasi alami jenis ikan tersebut masih besar (Lante *et al.*, 2012). Hal ini dapat ditafsirkan bahwa populasi alami Sepat Siam terbesar di Kalimantan adalah di Propinsi Kalimantan Barat, dan ini juga berarti bahwa Kalimantan Barat menjadi daerah prioritas untuk konservasi jenis ikan ini.

Hasil analisis morfometrik menunjukkan nilai koefisien keragaman (CV) dari 16 karakter berkisar

antara 2,75 hingga 12,52%. Nilai koefisien keragaman ini tergolong rendah. Rendahnya nilai koefisien keragaman bukanlah hal yang luar biasa untuk jenis-jenis ikan air tawar dalam domestikasi seperti yang teramati sebelumnya pada ikan Nilem (Mulyasari, 2010), yaitu berkisar antara 3,38 hingga 10,35%. Rendahnya nilai koefisien keragaman ini kemungkinan disebabkan oleh laju migrasi ikan yang relatif sempit sehingga peluang terjadinya pertukaran gen dengan populasi lain juga relatif kecil (Sugama *et al.*, 1996).

Dendrogram yang dibentuk dari ke-enam belas karakter morfometrik yang diukur membentuk 2 *cluster* utama. Sepat Siam asal Propinsi Kalimantan Barat dan Kalimantan Selatan berada dalam satu *cluster*, sedangkan Sepat Siam asal Propinsi Kalimantan Tengah berada pada *cluster* yang terpisah. Hal ini dapat ditafsirkan bahwa terdapat kedekatan hubungan karakter fenotip antara populasi sepat siam asal Kalimantan Barat dengan Kalimantan Selatan.

Populasi Sepat Siam asal Propinsi Kalimantan Tengah dan Kalimantan Selatan lebih terbuka dibandingkan dengan populasi asal Propinsi Kalimantan Barat. Semakin tinggi nilai *sharing component* menunjukkan populasi semakin tertutup (Tabel 7).

Hasil penelitian ini juga menunjukkan bahwa secara umum terdapat korelasi antara hasil analisis RAPD dan analisis *morphometric truss*. Nilai keragaman genetik yang rendah pada hasil analisis RAPD juga didukung oleh data koefisien keragaman yang rendah pada hasil analisis *morphometric truss*.

## KESIMPULAN

Terdapat 9 karakter (A2, A4, A5, B2, B6, C1, C2, C3, dan C6) yang dapat dijadikan sebagai karakter penciri Sepat Siam.

Populasi Sepat Siam asal Propinsi Kalimantan Barat memiliki indeks kesamaan intra populasi sebesar 80%, kesamaan dengan populasi Kalimantan Tengah sebesar 16,7% dan kesamaan

dengan populasi Kalimantan Selatan 3,3%.

Berdasarkan analisis *morphometric truss* morfometrik dan RAPD menunjukkan populasi Sepat Siam asal Propinsi Kalimantan Barat mempunyai tingkat keragaman genetik lebih tinggi dari populasi Kalimantan Tengah dan Kalimantan selatan.

## DAFTAR PUSTAKA

- Anonim. 2013. [http://id.wikipedia.org/wiki/Sepat\\_siam](http://id.wikipedia.org/wiki/Sepat_siam). [29 April 2013].
- Arifin OZ dan T Kurniasih. 2007. Karakterisasi morfologi keturunan pertama ikan Nila (*Oreochromis niloticus*) GET dan GIFT berdasarkan metode *truss morphometrics*. *Jurnal Riset Akuakultur* 2, 377 – 387.
- Asih S, E Nugroho, AH Kristanto, dan Mulyasari. 2008. Penentuan variasi genetik ikan Batak (*Tor soro*) dari Sumatera Utara dan Jawa Barat dengan metode analisis *Random Amplified Polymorphism DNA* (RAPD). *Jurnal Riset Akuakultur* 3, 91 – 97.
- Blezinsky VJ and RW Doyle. 1987. *A morphometrics criterion for sex discrimination in Tilapia*. In: RSV Pullin, Bhukaswan T, Tonguthai K, Maclan JL (Eds). 15, 439-444. *The second international symposium on Tilapia in aquaculture*. ICLARM Conference Proceeding. Philippines.
- Dunham RA. 2004. *Aquaculture and fisheries biotechnology: genetic approach*, 85 – 99. CABI Publishing Cambridge. USA.
- Kusmini II, R Gustiano, dan Mulyasari. 2010. Karakterisasi *truss* morfometrik ikan Tengadak (*Barbonymus schwanenfeldii*) asal Kalimantan Barat dengan ikan Tengadak Albino dan ikan Tawes asal Jawa Barat. *Prosiding Forum Inovasi Teknologi Akuakultur (FITA) 2010*, 507 – 513.
- Lante S, A Tenriulo, dan NN Palinggi. 2012. Variasi genetik ikan Beronang (*Siganus guttatus*) asal perairan Barru, Lampung dan Sorong menggunakan penanda RAPD (*Random Amplified Polymorphism DNA*). *Jurnal Riset Akuakultur* 7, 195 – 204.
- Liu Z. 2007. *Randomly amplified polymorphism DNA (RAPD)*. In: *Aquaculture genome technologies*. Blackwell Publishing, USA.
- Mamangkey JJ, Sulistiono, DS Sjafei, D Soedarma, S Sukimin, dan E Nugroho. 2007. Keragaman genetik ikan endemik Butini (*Glossogobius matanensis*) berdasarkan penanda *Random Amplified Polymorphism DNA* (RAPD) di danau Towuti Sulawesi Selatan. *Jurnal Riset Akuakultur* 2, 389 – 397.
- Mulyasari. 2010. Karakteristik fenotipe morfometrik dan keragaman genotipe RAPD (*Random Amplified Polymorphism DNA*) ikan Nilem (*Osteochilus hasselti*) di Jawa Barat, 70 hal. [Thesis], Pascasarjana IPB. Bogor.
- Miller MP. 1997. *Tools For Population Genetic Analysis (TFPGA) version 1.3*, 30 pp Department of Biological Science, Northern Arizona University, Arizona, USA.
- Nei M and F Tajima. 1981. *DNA polymorphism detectable by restriction endonuclease*. *Genetics* 97, 146 -163.
- Nugroho E, M Takagi, and N Taniguchi. 1997. *Practical manual on detection of DNA polymorphism in fish population study*. *Bulletin of Marine Sciences and Fisheries*, 17, 109 – 129.

- Nugroho E, W Hadie, J Subagja, dan T Kurniasih. 2005.** Keragaman genetik dan morfometrik pada ikan Baung, *Mystus nemurus* dari Jambi, Wonogiri dan Jatiluhur. *Jurnal Penelitian Perikanan Indonesia* **11**, 1 – 6.
- Nugroho E, J Subagja, S Asih, dan T Kurniasih. 2006.** Evaluasi keragaman genetik ikan Kancra dengan menggunakan marker mt DNA *D-loop* dan *Random*

- Amplified Polymorphism DNA (RAPD)*. *Jurnal Riset Akuakultur* **1**, 211 – 217.
- Sugama K, Haryanti, dan F Cholik. 1996.** *Bio-chemical genetics of tiger shrimp Penaeus monodon description electrophoresis detectable loci*. *Indonesian Fisheries Research Journal* **II**, 19 – 28.