

**KARAKTERISASI GENETIK IKAN KERAPU TIKUS (*Cromileptes altivelis*)
GENERASI PERTAMA HASIL PROGRAM DOMESTIKASI**

**Genetic Characterization of Domesticated F1 Generation in Humpback Grouper
(*Cromileptes altivelis*)**

Ratu Siti Aliah¹⁾, Wahidah²⁾, Komar Sumantadinata³⁾, Estu Nugroho⁴⁾ dan Odang Carman³⁾

¹⁾*Pusat Teknologi Pertanian, BPP Teknologi*

²⁾*Politeknik Pertanian Negeri Pangkajene Kepulauan, Sulawesi Selatan*

³⁾*Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan, IPB*

⁴⁾*Badan Riset Kelautan dan Perikanan, DKP*

ABSTRACT

First generation (F1) of hatchery produced humpback grouper (*Cromileptes altivelis*) has been characterized genetically in order to serve the information of their status in related to their breeding strategy. PCR-RFLP method was used to detect the variation of mtDNA D-loop region of F1 population at BBPBL Lampung and BBAP Situbondo. The result of study showed that reducing of haplotype diversity had been arisen from broodstock (0.8548) to F1 generation population (0.7473; 0.7273; and 0.6947, respectively). Genetic divergence that had found between population BBPBL Lampung and BBAP Situbondo make it possible to do outbreeding in order to get its heterosis's effect.

Keywords: mtDNA, haplotype diversity, genetic differentiation, *Cromileptes altivelis*

ABSTRAK

Ikan kerapu tikus (*Cromileptes altivelis*) generasi pertama (F1) hasil domestikasi di hatchery telah dikarakterisasi secara genetik untuk menyediakan informasi status sehubungan dengan program pemuliaannya. Metode PCR-RFLP digunakan untuk mendeteksi variasi sekuens D-loop mtDNA ikan kerapu tikus F1 yang diproduksi di BBPBL Lampung dan BBAP Situbondo. Hasil penelitian menunjukkan bahwa telah terjadi penurunan keragaman haplotipe dari induk (0,8548) ke populasi generasi F1 (masing-masing 0,7473; 0,7273; dan 0,6947). Adanya keragaman genetik antara populasi ikan kerapu tikus di BBPBL dan BBAP Situbondo memungkinkan dilakukannya *outbreeding* untuk mendapatkan efek heterosis.

Kata kunci: mtDNA, keragaman haplotipe, diferensiasi genetik, *Cromileptes altivelis*

PENDAHULUAN

Ikan kerapu merupakan jenis ikan karang, yang dalam dunia internasional dikenal dengan nama *grouper*. Tercatat 10 komoditas kerapu asal Indonesia yang laku di pasar Hongkong, diantaranya kerapu tikus atau bebek (*Cromileptes altivelis*), sunu halus (*Plectropomus leopardus*), kerapu macan (*Epinephelus fuscoguttatus*), kerapu lumpur (*E. coioides*), kerapu malabar (*E. malabaricus*), kerapu kertang (*E. lanceolatus*), kerapu batik (*E. microdon*), kerapu potato, kerapu pasir dan Napoleon wrasse (*Chelinius undulatus*). Karena

bernilai ekonomis tinggi, teknologi pembenihan pada beberapa jenis kerapu telah berhasil dilakukan sehingga ke depan, kegiatan budidaya ikan kerapu tidak tergantung sepenuhnya pada sediaan di alam. Teknologi pembenihan ikan kerapu bebek dan kerapu macan telah dapat dikuasai dengan baik, sehingga sintasan sampai menghasilkan benih ukuran 3 cm dapat mencapai 30% (Sumantadinata *et al.*, 2004).

Dalam melaksanakan "budidaya ikan berkelanjutan (*sustainable aquaculture*)", ketergantungan pada induk-induk dari alam harus dikurangi secara bertahap, dan digantikan dengan induk-induk produksi

hatchery hasil domestikasi yang dilanjutkan dengan program *selective breeding*. Proses Domestikasi pada ikan kerapu bebek belum dilakukan sepenuhnya karena saat ini panti benih baik milik pemerintah maupun swasta masih menggunakan induk-induk asal alam. Selanjutnya terdeteksi bahwa manajemen induk-induk yang ada di hatchery belum dilakukan secara benar sehingga sering terjadi kematian massal dan abnormalitas pada benih yang dihasilkan. Untuk menunjang pelaksanaan perbaikan mutu genetik ikan kerapu, maka informasi karakteristik genetik induk-induk yang digunakan sangat diperlukan untuk mengetahui karakter dan tingkat keragaman genetiknya, sehingga pengelolaan genetik induk-induk dapat dilakukan secara optimal.

Pada awal tahun 1980-an, keragaman atau variasi genetik suatu populasi pada umumnya dianalisa pada tingkat proteinnya yaitu melalui pengamatan polimorfik isozimnya. Tetapi karena ketidakmampuannya mendeteksi variasi pada tingkat sekuens nukleotida, membuat para ahli mencari penanda genetik (*genetic marker*) yang mampu mendeteksi pada tingkat sekuens DNA, diantaranya adalah Restriction Fragment Length Polymorphism (RFLP), Random Amplified Polymorphiv DNA (RAPD), Amplified Fragment Length Polymorphism (AFLP), Single-Strand Conformation Polymorphism (SSCPs) dan micro-satellite DNA (msDNA) (Liu, 1998; Livingstone *et al.*, 1999). Studi mengenai variasi DNA mitokondria (mtDNA) menggunakan metoda RFLP telah memberikan hasil yang lebih baik dibandingkan dengan analisa isozim. Dengan metoda RFLP mtDNA ini, penurunan variasi genetik pada strain atau stok ikan yang dipelihara pada panti benih dapat terdeteksi (Sugaya *et al.*, 1999; Sekino *et al.*, 2002). Daerah D-loop pada genom mitokondria paling banyak digunakan untuk mendeteksi keragaman antar sup spesies atau antar populasi, karena daerah ini memiliki perkembangan yang amat cepat dibandingkan dengan sekuens mtDNA lainnya (Kitamura *et al.*, 1996). Informasi mengenai keragaman genetik pada populasi ikan budidaya dengan menggunakan metoda

RFLP-mtDNA telah dilakukan pada ikan brown trout (Moran *et al.*, 1996), flounder Jepang (Sugaya *et al.*, 1999 dan Sekino *et al.*, 2002), serta ikan nila (Romana-Eguia, 2004).

Pada ikan kerapu, studi tentang variasi genetik dan hubungan kekerabatan antar spesies telah dilakukan pada *Epinephelus* spp. (Muslimin, 1999; Moria *et al.*, 2001; Koedprang *et al.*, 2007), *Epinephelus coioides* (Antoro *et al.*, 2006) dan ikan kerapu bebek (Sugama *et al.*, 2002) dan sedangkan Aliah *et al.* (2004) mengamati keragaman genetik pada populasi hatchery ikan kerapu bebek.

Domestikasi ikan kerapu bebek (*Cromileptes altivelis*) telah dimulai sejak tahun 2001, di Balai Besar Pengembangan Budidaya Laut (BBPBL) – Lampung dan Balai Budidaya Air Payau (BBAP) Situbondo. Ikan kerapu bebek generasi pertama hasil seleksi telah diperoleh di BBPBL Lampung, karenanya karakteristik induk-induk dan calon-calon induk generasi pertama perlu dilakukan untuk menentukan strategi pemuliaan selanjutnya.

BAHAN DAN METODE

Sampel ikan kerapu bebek (*Cromileptes altivelis*) yang dianalisa merupakan produk domestikasi yang dilakukan di Balai Besar Pengembangan Budidaya Laut (BBPBL) Lampung dan Balai Budidaya Air Payau (BBAP) Situbondo. Jumlah sampel dari BBPBL Lampung adalah 20 ekor; masing-masing 10 ekor dari populasi F1 cohort-1 dan 10 ekor dari populasi F1 cohort-2. Perbedaan umur cohort-1 dan cohort-2 adalah 1 tahun. Sementara itu, sampel dari BBAP Situbondo berjumlah 52 ekor, masing-masing 33 ekor dari populasi induk dan 19 ekor dari populasi F1.

Ekstraksi dan pemurnian DNA genom dilakukan berdasarkan prosedur Amersham-Pharmacial dengan menggunakan kit *Genomic PrepTM Cell* dan *Tissue Isolation*, yaitu melalui tahap penghancuran sel, eliminasi RNA, pengendapan protein, pengendapan DNA dan hidrasi DNA. Kualitas dan kuantitas DNA diukur dengan elektroforesis agarose 0,8% dengan

pewarnaan etidium bromida dan mesin kuantifikasi DNA.

Amplifikasi sekuens mitokondria D-loop dilakukan dengan metode PCR menggunakan primer *forward* LHI 509 (5'-CAT ATT AAA CCC GAA TGA TAT TT-3') dan *reverse* FH 1202 (5'-ATA ATA GGG TAT CTA ATC CTA GTT T-3') (Martin *et al.*, 1992) dengan tahapan sebagai berikut: pre-denaturasi pada suhu 94°C selama 2 menit, 33 siklus amplifikasi dengan denaturasi pada suhu 94°C selama 1 menit, *annealing* pada suhu 50°C selama 1 menit, dan *elongasi* 72°C selama 2 menit; serta *elongasi* akhir pada 72°C selama 7 menit. Pemotongan produk PCR dilakukan dengan menggunakan 7 jenis enzim restriksi, yaitu *Rsa* I, *Sac* I, *Msp* I, *Hae* III, *Nde* II, *Alu* I dan *Hinf* I.

Analisis variasi DNA dilakukan untuk melihat variasi genetik ikan kerapu bebek dari populasi dan kelompok (*cohort*) umur yang berbeda. Keragaman haplotipe (h) dalam suatu populasi dihitung menurut persamaan Nei dan Tajima (1981):

$$h = 2n \left(1 - \sum_{i=1} x_i^2 \right) / (2n - 1)$$

Keterangan :

- h = diversitas haplotipe
- n = ukuran sampel
- xi = frekwensi haplotipe sample ke-i.

Susunan haplotipe dari setiap enzim *restriksi* dikumpulkan dan dianalisis dengan menggunakan analisis *exact test for population differentiation* dan *Fst* (Raymond dan Rousset, 1995) dengan menggunakan program TFGA (*Tool for Population Genetic Analysis*). Kekerabatan antar populasi dianalisis dengan menggunakan jarak genetik, berdasarkan program UPGMA modifikasi Rogers (1972). Data yang dihasilkan dari penggunaan program tersebut berupa konstruksi pohon filogeni yang disajikan dalam bentuk dendrogram.

HASIL DAN PEMBAHASAN

Hasil amplifikasi PCR sekuens mtDNA *D-Loop* dengan menggunakan primer *forward* LHI 509 dan primer *reverse* FH

1202 adalah sekitar 1800 bp. Dari 72 sampel yang diamplifikasi, hanya 39 sampel yang menghasilkan produk PCR, yaitu 7 sampel dari populasi F1 cohort-1 Lampung, 6 sampel dari populasi F-1 cohort-2 Lampung, 16 sampel dari populasi induk Situbondo dan 10 sampel dari populasi F1 Situbondo. Selanjutnya produk PCR dipotong menggunakan 7 jenis enzim restriksi, yaitu *Rsa* I, *Sac* I, *Msp* I, *Hae* III, *Nde* II, *Alu* I dan *Hinf* I. Diantara ketujuh enzim restriksi tersebut, hanya 4 enzim restriksi yang menunjukkan situs restriksi, yaitu enzim *Hae* III, *Nde* II, *Alu* I dan *Hinf* I. Berdasarkan hasil restriksi diperoleh 13 macam komposit haplotipe mtDNA *D-Loop region*. Ukuran fragmen mtDNA ikan kerapu bebek yang direstriksi dengan enzim *Hae* III, *Nde* II, *Hinf* I dan *Alu* I disajikan pada Tabel 1.

Produk restriksi dari keempat enzim restriksi menunjukkan perbedaan dalam jumlah dan ukuran fragmen restriksi (*restriction fragment*) beserta situs restriksinya (*restriction sites*). Enzim *Hae* III yang mengenali situs pemotongan 4 pasang basa (GG'CC) memberikan 2 pola pemotongan DNA, enzim *Nde* II yang mengenali situs pemotongan 4 pasang basa ('GATC) memberikan 3 pola pemotongan DNA, enzim *Hinf* I yang mengenali situs pemotongan 5 pasang basa (G'ANTC) memberikan 4 pola pemotongan DNA, sedangkan enzim *Alu* I yang mengenali situs pemotongan 4 pasang basa (AG'CT) memberikan 3 pola pemotongan DNA. Berdasarkan pola pemotongan *D-Loop* mtDNA tersebut, enzim *Hinf* I merupakan enzim yang paling sensitif mendeteksi perbedaan panjang fragmen terpotong dibandingkan dengan enzim *Hae* III, *Nde* II dan *Alu* I (Tabel 1).

Berdasarkan tipe digesti dari keempat enzim yang digunakan, enzim *Hae* III yang mengenali situs pemotongan 4 pasang basa (GG'CC) memberikan 2 pola pemotongan DNA. Enzim *Nde* II yang mengenali situs pemotongan 4 pasang basa ('GATC) memberikan 3 pola pemotongan DNA. Enzim *Hinf* I yang mengenali situs pemotongan 5 pasang basa (G'ANTC) memberikan 4 pola pemotongan DNA. Enzim *Alu* I yang mengenali situs

pemotongan 4 pasang basa (AG³CT) memberikan 3 pola pemotongan DNA. Berdasarkan pola pemotongan *D-Loop* mtDNA tersebut, enzim *Hinf* I merupakan enzim yang paling sensitif mendeteksi perbedaan panjang fragmen terpotong dibanding enzim *Hae* III, *Nde* II dan *Alu* I (Tabel 1).

Variasi ukuran *D-loop* pada setiap populasi dapat diketahui dari adanya perbedaan ukuran panjang fragmen dengan menggunakan enzim yang sama. Hal tersebut terlihat dari penjarangan hasil restriksi sekuen *D-loop* antara populasi induk ikan kerapu bebek asal BBAP Situbondo dengan populasi F1 ikan kerapu bebek asal BBL Lampung cohort-1 dan cohort-2, yang direstriksi dengan enzim *Nde* II. Begitupula hasil restriksi enzim *Hae* III pada populasi F1 umur 1 tahun dan populasi F1 umur 2 tahun

asal BBL Lampung, populasi induk dan populasi F1 asal BBAP Situbondo (Gambar 1).

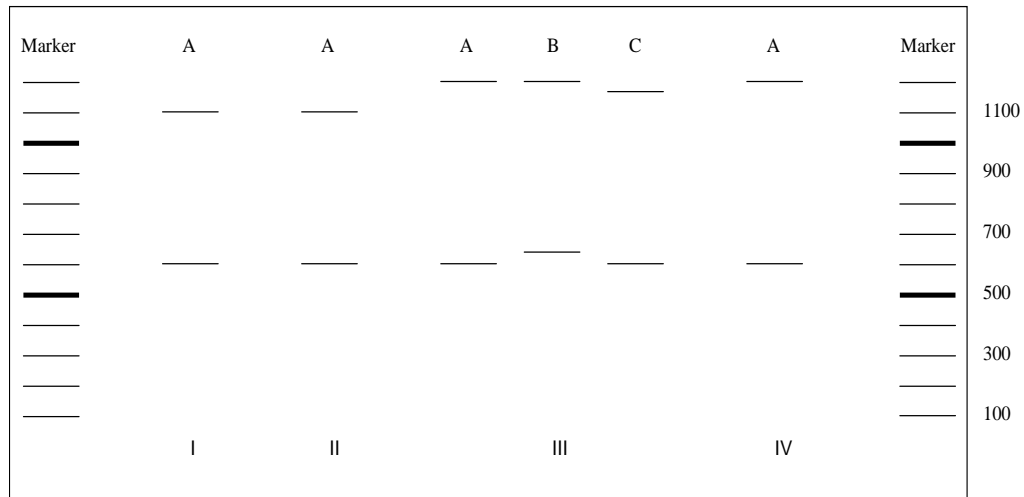
Variasi situs dan ukuran panjang fragmen hasil restriksi dengan menggunakan enzim yang sama, dimungkinkan terjadi akibat substitusi, insersi atau delesi basa pada urutan sekuens yang sama. Dengan demikian enzim spesifik tidak dapat memotong pada urutan basa yang sama, sehingga terjadi pergeseran dalam pemotongan (situs).

Hasil pemotongan yang menunjukkan ukuran panjang fragmen berbeda akan memberikan tipe pemotongan (haplotipe) yang berbeda pula. Penggunaan empat enzim restriksi dalam penelitian ini guna mengukur keragaman genetik suatu populasi telah menunjukkan suatu variabilitas yang cukup tinggi.

Tabel 1. Tipe digesti dan ukuran fragmen mtDNA ikan kerapu bebek yang direstriksi dengan enzim *Hae* III, *Nde* II, *Hinf* I dan *Alu* I.

| Populasi | Tipe digesti dan ukuran fragment mtDNA | | | |
|----------|--|------------------------|----------------------------|-----------------------|
| | Jenis enzim | | | |
| | (*) <i>Hae</i> III (**) | (*) <i>Nde</i> II (**) | (*) <i>Hinf</i> I (**) | (*) <i>Alu</i> I (**) |
| I | (A) 200+250+475+500 (1425) | (A) 600+1100 (1700) | (A) 275+1150 (1425) | (A) 725+750 (1475) |
| I | (B) 200+250+475+500 (1350) | | (B) 275+1100 (1375) | (B) 750+775 (1525) |
| I | | | (C) 300+1150 (1450) | |
| I | | | (D) 300+1100 (1400) | |
| II | (A) 200+250+475+500 (1425) | (A) 600+1100 (1700) | (A) 275+1100 (1375) | (A) 725+750 (1475) |
| II | (B) 250+575+600 (1425) | | (B) 300+1100(1400) | (B) 750+775 (1525) |
| II | | | (C) 275+1150 (1425) | |
| III | (A) 100+275+525+550 (1450) | (A) 600+1200 (1800) | (A) 175+300+1100 (1575) | (A) 700+750 (1450) |
| III | (B) 100+275+500+550 (1425) | (B) 625+1175 (1800) | (B) 175+275+1100 (1525) | (B) 1450 (1450) |
| III | | (C) 600+1175 (1775) | (C) 175+275+1200 (1650) | (C) 700+775 (1475) |
| IV | (A) 100+275+550+575 (1500) | (A) 600+1200 (1800) | (A) 250+1450 (1700) | (A) 700+750 (1450) |
| IV | | | (B) 250+1500 (1750) | (B) 1500 (1500) |

I: F1-Lampung Cohort-1; II: F1-Lampung Cohort-2; III: Induk Situbondo; IV: F-1 Situbondo. *) Tipe digesti, **) Total ukuran fragmen (bp)



Gambar 1. Profil penjajaran hasil restriksi daerah *D-loop* ikan kerapu bebek (*C. Altilvelis*) dengan menggunakan enzim *Nde* II pada keempat populasi yang dianalisis. I (populasi F1 Lampung cohort-1), II (populasi F1 Lampung cohort-2 t), III (populasi induk Situbondo) dan IV (populasi F1 Situbondo)

Dari 13 haplotipe *D-loop* mtDNA yang dihasilkan, 9 tipe komposit haplotipe ditemui pada populasi induk Situbondo dengan frekuensi berkisar dari 0,0625 sampai 0,3125, sedangkan haplotipe I (AAAA), ditemukan pada ke empat populasi yang diamati dengan frekuensi berkisar antara 0,1667 sampai 0,200 (Tabel 2). Keragaman haplotipe tertinggi ditemui pada populasi induk Situbondo, 0,8548, sedangkan yang terendah ditemui pada populasi F-1 Situbondo (Tabel 2).

Dari 3 tipe komposit haplotipe yang ditemui pada populasi F1 Lampung cohort-1 juga ditemui pada populasi F-1 Lampung cohort-2, yaitu AAAA, BABA, dan AACB. Kalau dilihat dari tipe komposit haplotipe yang terdeteksi dari cohort-1 dan cohort-2, ada kemungkinan induk-induk yang berkontribusi membentuk cohort-1 juga berkontribusi membentuk cohort-2, karena mtDNA bersifat “maternal inheritance”, maka jumlah haplotipe yang terdeteksi akan berhubungan dengan jumlah individu betinanya (induk betina), metoda ini hanya memungkinkan untuk memonitoring (kemampuan) reproduksi individu betinanya. Jumlah induk yang dimiliki BBPBL Lampung diketahui berjumlah 40 ekor, 8 diantaranya adalah induk jantan.

Berdasarkan tipe haplotipenya, 3 tipe haplotipe pada populasi Lampung terdeteksi juga pada populasi Situbondo, yaitu AAA, BABA dan AACB. Jumlah tipe komposit haplotipe yang terdapat pada populasi induk Situbondo adalah 9 buah dari 16 individu yang diamati, memberikan keragaman haplotipe yang cukup tinggi yaitu 0,8548, sementara keturunannya hanya memiliki 4 buah tipe komposit haplotipe. Perbedaan jumlah haplotipe antara populasi induk Situbondo dan populasi F-1 nya dapat disebabkan karena tidak semua induk memijah saat pembentukan F-1.

Berdasarkan tipe haplotipe yang ditemui pada populasi induk dan F-1 Situbondo, dapat diketahui bahwa populasi induk Situbondo memiliki paling sedikit 11 tipe haplotipe. Hal ini terlihat dengan ditemukannya tipe haplotipe AAAB dan AABA pada populasi F-1 nya. Tidak terdeteksinya kedua haplotipe tersebut pada populasi induk kemungkinan besar disebabkan oleh masalah teknis yang dialami selama proses ekstraksi DNA. Keragaman yang tinggi pada populasi induk tersebut perlu dipertahankan dengan mendatangkan induk-induk alam yang berasal dari lokasi yang berlainan.

Tabel 2. Keragaman haplotipe dari 4 populasi ikan kerapu bebek (*C. altivelis*) berdasarkan haplotipe frekwensi dari mtDNA D-Loop yang direstriksi dengan 4 enzim restriksi (*Hae* III, *Nde* II, *Hinf* I dan *Alu* I).

| Populasi | Tipe Komposit Haplotipe ^{*)} | Jumlah Sampel (ekor) | Frekuensi Haplotipe | Keragaman Haplotipe |
|--------------------------|---------------------------------------|----------------------|---------------------|---------------------|
| F1 cohort-1 (Lampung) | AAAA | 1 | 0,1667 | 0,7273 |
| | BABA | 1 | 0,1667 | |
| | AACB | 1 | 0,1667 | |
| | AADB | 3 | 0,5000 | |
| F1 cohort-2 (Lampung) | AAAA | 1 | 0,1429 | 0,7473 |
| | BABA | 1 | 0,1429 | |
| | AACB | 3 | 0,4286 | |
| | ACA | 2 | 0,2857 | |
| Induk (Situbondo) | AAAA | 1 | 0,0625 | 0,8548 |
| | BABA | 2 | 0,1250 | |
| | ACA | 1 | 0,0625 | |
| | ABBA | 1 | 0,0625 | |
| | ACAA | 1 | 0,0625 | |
| | ACBB | 5 | 0,3125 | |
| | AABA | 3 | 0,1875 | |
| | BBBB | 1 | 0,0625 | |
| | BBBC | 1 | 0,0625 | |
| F-1 (Situbondo) | AAAA | 2 | 0,2000 | 0,6947 |
| | AAAB | 1 | 0,1000 | |
| | AABB | 2 | 0,2000 | |
| | AABA | 5 | 0,5000 | |

Perbedaan nilai keragaman haplotipe sebesar 0,02 atau 2% antara populasi induk dan F-1 lebih disebabkan oleh perbedaan induk yang memijah saat itu. Hal serupa juga dijumpai pada larva *red sea bream* dengan *cohort* umur berbeda yang dibenihkan di hatchery, menunjukkan heterozygosity dan jumlah alel yang berbeda antara turunan yang berasal dari perbedaan waktu pemijahan (Perez dan Taniguchi, 1999). Sementara Hansen *et al.* (1997) memperoleh perbedaan yang tidak signifikan pada frekuensi haplotipe antara *cohort* umur *Salmo trutta* L. pada populasi hatchery. Keadaan tersebut disebabkan penambahan/*supplement* secara kontinyu pada populasi hatchery.

Hasil *exact test for population differentiation* menunjukkan adanya perbedaan yang nyata terhadap keragaman antar populasi ($0,0042 \pm 0,0020$), ($P < 0,05$). Hal ini senada dengan banyaknya jumlah haplotipe yang terdeteksi dari 4 populasi ikan kerapu bebek yang dianalisa (Tabel 2). Sedangkan hasil uji keragaman antara populasi melalui metode jarak berpasangan (*Fst*) memperlihatkan adanya perbedaan

keragaman genetik yang nyata antara populasi ikan kerapu asal Situbondo (populasi induk dan F1 nya) dengan populasi ikan kerapu asal Lampung (populasi F1 cohort – 1 dan F1 cohort-2) ($P < 0,05$). (Tabel 3). Hal ini menunjukkan bahwa populasi induk di BBPBL Lampung berbeda secara genetik dengan populasi induk di BBAP Situbondo, sehingga perkawinan antar kedua populasi (*outbreeding*) tersebut dimungkinkan untuk mendapatkan efek heterosisnya. Variasi genetik stock hatchery dibandingkan dengan stock alam juga ditemui pada populasi ikan *red sea bream* (*Pagrus major*) (Taniguchi *et al.*, 1997) dan ikan mas Indonesia (Aliah, 2000).

Keragaman genetik antara populasi F1 cohort-1 dan cohort-2 dari BBPBL Lampung tidak berbeda nyata ($P > 0,05$). Hal ini dapat dimengerti karena keduanya berasal dari populasi induk yang sama. Namun demikian, karena masing-masing cohort masih memiliki keragaman haplotipe yang cukup tinggi, yaitu 0,7273 dan 0,7473 (Tabel 2), maka masing-masing cohort tersebut dapat digunakan sebagai populasi induk dalam

program pemuliaan. Perbedaan keragaman genetik antar *cohort* diperlukan untuk menjaga stabilitas genetik suatu populasi, sebagaimana Koljonen *et al.* (2002) menguraikan bahwa sampling dengan perbedaan *cohort* dari beberapa populasi direkomendasikan untuk mengetahui perbedaan genetik secara temporal, seperti perbedaan yang disebabkan oleh *genetic drift*. Perbedaan keragaman genetik antar populasi ikan mas di juga ditemui pada populasi ikan mas

Hasil perhitungan jarak genetik menunjukkan populasi induk ikan kerapu bebek dan turunannya (F1) asal Situbondo mempunyai jarak genetik yang terkecil (terdekat) yaitu 0,2953 (Tabel 4). Sedangkan jarak genetik antara populasi F1 Situbondo dengan populasi F1 Lampung lebih besar daripada populasi induk Situbondo dengan populasi F1 Lampung.

Bila data tersebut dipetakan dalam suatu dendrogram jarak genetik dengan menggunakan program UPGMA,

sebagaimana pada Gambar 2, terlihat populasi F1 cohort-1 dan cohort-2 asal BBPBL Lampung berada dalam satu *cluster*. Begitupula dengan sampel populasi induk dan turunannya (F1) asal BBAP Situbondo. Keadaan tersebut menunjukkan kedua populasi yang berada dalam satu *cluster* memiliki kekerabatan lebih dekat.

KESIMPULAN

1. Keragaman genetik antar cohort populasi F1 Lampung tidak berbeda dan memiliki keragaman haplotipe yang cukup tinggi, yaitu 0,7273 da 0,747.
2. Terjadi penurunan nilai keragaman haplotipe dari populasi induk alam hasil domestikasi ke populasi hatchery (generasi F1).
3. Keragaman genetik populasi ikan kerapu asal Situbondo berbeda dengan populasi ikan kerapu asal Lampung.

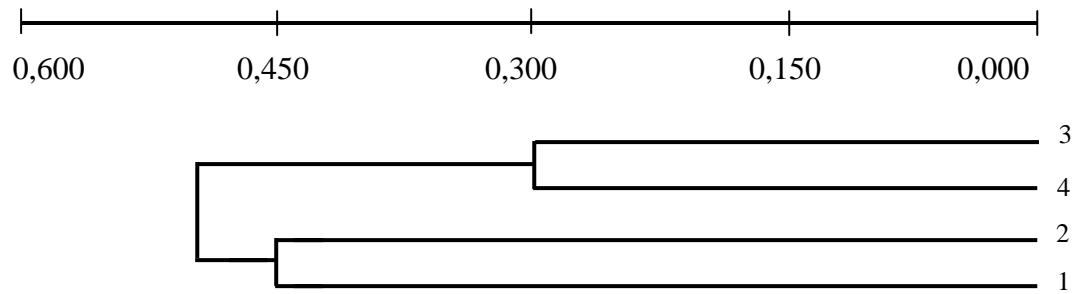
Tabel 3. Hasil uji keragaman antara populasi kerapu bebek (*C. altivelis*) berdasarkan metode jarak berpasangan (Fst)

| | Cohort-1 Lampung | Cohort-2 Lampung | Induk Situbondo | F1 Situbondo |
|---------------------|---------------------|---------------------|-----------------|-----------------|
| Cohort-1 Lampung | | | | |
| Cohort-2 Lampung | 0,2256 ± 0,0053 | | | |
| Induk Situbondo | 0,0397 ± 0,0004* | 0,0440 ± 0,0044* | | |
| F1 Situbondo | 0,0137 ± 0,0015* | 0,0053 ± 0,0011* | 0,2566 ± 0,0112 | |

*) berbeda nyata (P < 0,05)

Tabel 4. Jarak genetik populasi ikan kerapu bebek (*C. altivelis*) berdasarkan modifikasi Rogers.

| Jarak genetik Populasi | Jarak genetik Populasi | | | |
|---------------------------|---------------------------|----------|-----------------|--------------|
| | Cohort-1 | Cohort-2 | Induk Situbondo | F1 Situbondo |
| Cohort-1 | - | - | - | - |
| Cohort-2 | 0,4480 | - | - | - |
| Induk Situbondo | 0,4705 | 0,4409 | - | - |
| F1 Situbondo | 0,5508 | 0,5427 | 0,2953 | - |



Gambar 2. Dendrogram jarak genetik 4 populasi kerapu bebek (*C. altivelis*) berdasarkan program UPGMA. I (populasi F1 cohort-1 asal BBPBAL Lampung), II (populasi F1 cohort-2 asal BBPBL Lampung), III (populasi induk BBAP Situbondo) dan IV (populasi F1 BBAP Situbondo)

UCAPAN TERIMA KASIH

Kami mengucapkan terima kasih banyak kepada Kepala Balai Besar Pengembangan Budidaya Laut – DKP di Lampung dan Kepala Balai Budidaya Air Payau – DKP di Situbondo yang telah menyediakan ikan kerapu bebek sebagai bahan uji. Penelitian ini sebagian didanai oleh Program RUSNAS Kerapu - Badan Pengkajian dan Penerapan Teknologi (BPPT).

DAFTAR PUSTAKA

- Aliah R S. 2000. Studies on genetic changes in common- and ornamental carp (*Cyprinus carpio*), using microsatellites DNA markers. PhD Dissertation. Tohoku University. 129 pp
- Aliah R S, Sumantadinata K, Carman O, dan Irmawati. 2004. Perubahan keragaman genetik ikan kerapu tikus (*Cromileptes altivelis*) generasi pertama stok hatchery. Jurnal Sains dan Teknologi Indonesia, 6(3): 90 – 96.
- Antoro S, Na-Nakorn U, and Koedprang W. 2006. Study on genetic diversity of orange-spotted grouper, *Epinephelus coioides* from Thailand and Indonesia using microsatellite markers. Mar. Biotechnol. 8: 17 – 26.
- Hansen M M, Mensberg K L D, Rasmussen G and Simonsen V. 1997. Genetik variation within and among Danish brown trout (*Salmo trutta* L.) hatchery strains assessed by PCR-RFLP analysis of mitochondrial DNA segments. Aquaculture, 153: 16-29.
- Kitamura T, Takemura A, Watanabe A, Taniguchi T, Shimizu M. 1996. Mitochondrial DNA analysis for the cytochrome b gene and D-loop region from the bull shark *Carcharhinus leucas*. Fisheries Science, 62 : 21 – 27.
- Koedprang W, Na-Nakorn U, Nakajima M and Taniguchi N. 2007. Evaluation of genetic diversity of eight grouper species *Epinephelus* spp, based on microsatellite variations. Fish. Sci., 73: 227 – 236
- Koljonen ML, Tahtinen J, Saisa M and Koskiniemi J. 2002. Maintenance of genetic diversity of Atlantic salmon (*Salmo salar*) by captive breeding programmes and the geographic distribution of microsatellite variation. Aquaculture, 212: 69-92.
- Liu B H. 1998. Statistical Genomics: Linkage, Mapping, and QTL Analysis. CRC Press. New York.
- Livingstone K D, Grube R C, and John M K. 1999. Genom mapping, molecular

- markers, and marked-assisted breeding for crop improvement in the United States. *Biotechnology in Agriculture in Asia*. Asian Productivity Organization. Tokyo.
- Martin A P, Hunphrey R, and Palumbi S R. 1992. Population genetic structure of the armorhead, *Pseudopentaceros wheeleri* in the North Pacific ocean: Application of the polymerase chain reaction to fisheries problems. *Can.J. Fish. Aquat. Sci.* 49: 2366 – 2391.
- Morán P, Pendás A M, García-Vázquez E .1996. Mitochondrial DNA variation in wild and hatchery brown trout (*Salmo trutta* L.) populations from Spain. *Aquaculture*, 141: 59–65.
- Moria S B, Haryanti, Permana G N dan Sugama K. 2001. Keragaman dan hubungan kekerabatan tiga spesies kerapu *Epinephelus* spp. dengan metode RFLP mt-DNA. *Teknologi Budidaya Laut dan Pengembangan Sea Farming di Indonesia*.
- Muslimin A B. 1999. Analisa allozyme variasi genetik tiga spesies ikan kerapu (*Epinephelus* spp.) dari Panti Pembenuhan. Program Studi Biologi Reproduksi. Program Pascasarjana Universitas Brawijaya. Malang. Tesis. 45 hal.
- Nei M and Tajima F. 1981. DNA polymorphism detectable by restriction endonucleases. *Genetics*, 97, 146 - 163
- Perez-Enriquez R and Taniguchi N, 1999. Use microsatellite DNA as genetic tags for the assessment of a stock enhancement program of red sea bream. *J. Fish Sci.*, 65:374-379.
- Permana I G N, Moria S B, Haryanti dan Sugama K. 2001. Pengaruh domestikasi terhadap variasi genetik pada ikan kerapu bebek (*Cromileptes altivelis*) yang dideteksi dengan allozyme electrophoresis. *J. Penelitian Perikanan Indonesia* 7(1): 25-30.
- Raymond M L and Rousset F. 1995. An exact test for population differentiation. *Evolution*, 49: 1280-1283.
- Rogers J S. 1972. Measures of genetic similarity and genetic distance. p. 145-154. *in* *Studies in Genetiks VII*. University of Texas Publication No 7213. Austin.
- Romana-Eguia M R R, Ikeda M, Basiao ZU, and Taniguchi N. 2004 . Genetic diversity in farmed Asian Nile dan red hybrid tilapia stocks evaluated from microsatellite and mitochondrial DNA analysis. *Aquaculture*, 236: 131 – 150.
- Sekino, M., Hara, M. & Taniguchi, N. 2002. Loss of microsatellite and mitochondrial DNA variation in hatchery strains of Japanese flounder *Paralichthys olivaceus*. *Aquaculture*, 213: 101–122.
- Sugama K, Trijoko, Haryanti Moria S B and Cholik F. 2002. Genetic variation and population structure in the humpback grouper, *Cromileptes altivelis*, throughout its range in Indonesian waters. *J. Indonesian Fisheries Research*, 1: 32-38.
- Sugaya, T., Ikeda, M. and Fujio, Y. 1999. Comparison for the genetic variabilities of natural and seed populations of Japanese flounder based on PCR-RFLP analysis of mtDNA D-Loop. *Fish Genetics and Breeding Science*, 28: 65–73.
- Sumantadinata K, Aliah R S, Amarullah M H, Rustidja dan Kurniasih, 2004. Breeding program nasional untuk mendukung industri budidaya ikan kerapu berkelanjutan. *Kelompok Kerja Induk dan Benih, Seminar dan Pameran Riset Unggulan Strategis*

Nasional (RUSNAS), PUSPIPTEK
Serpong, 11 – 12 Agustus 2004. 8 Hal.

Taniguchi N, Takagi M, and Matsumoto S.
1997. Genetic evaluation of

quantitative and qualitative traits of
hatchery stocks for aquaculture in red
sea bream. Bull. Natl. Res. Inst.
Aquacult. (Suppl.), 3: 35 – 41.