

KONSERVASI GENETIK IKAN BETOK (*Anabas testudineus* Bloch 1792) DI PERAIRAN RAWA, KALIMANTAN SELATAN

Slamat, Marsoedi, Athaillah Mursyid dan Diana Arfiati

Dosen pada Fakultas Perikanan Universitas Lambung Mangkurat Banjarmasin

Teregistrasi I tanggal: 10 Agustus 2011; Diterima setelah perbaikan tanggal: 2 Maret 2012;

Disetujui terbit tanggal: 5 Maret 2012

ABSTRAK

Penelitian ini dilakukan dengan menggunakan sample ikan betok (*Anabas testudineus* Bloch 1972) yang berasal dari perairan rawa Kalimantan Selatan, dengan tujuan untuk mendeskripsikan keragaman genetik dan aspek konservasinya dengan metode amplifikasi mtDNA. Proses amplifikasi mtDNA ikan betok terjadi di daerah D Loop. Hasil analisis mt-DNA D Loop ikan betok menunjukkan bahwa, analisis keseimbangan populasi *Hardy-Weinberg* berkisar antara 0,02 - 0,09, sedangkan haplotipe tertinggi terdapat pada rawa monoton (0,9384), kemudian tadah hujan (0,7111) dan pasang surut (0,6). Heterozigositas ditemukan unik pada populasi rawa monoton (BAAAA) dan rawa pasang surut (BAACA) dan umum di temukan di ketiga ekosistem rawa (AAABA). Ikan betok di bagi menjadi dua stok populasi yaitu populasi rawa monoton dan pasang surut serta stok tadah hujan. Konsep utama dalam konservasi genetik adalah fitness population dimana populasi dipertahankan minimal 500 ekor/kawasan. Untuk meningkatkan keragaman genetik ikan betok, dilakukan dengan cara introduksi individu-individu baru yang memiliki keragaman genetik yang lebih tinggi kedalam populasi lokal, restocking dan membuat kawasan suaka yang dilindungi oleh Dinas Perikanan setempat bersama-sama dengan masyarakat di sekitar perairan rawa tersebut.

KATA KUNCI : Ikan betok, mtDNA, konservasi, Perairan Rawa

ABSTRACT : *Genetic Conservation Of Climbing Perch (*Anabas testudineus* Block 1792) on Swampy Waters In South Kalimantan. By: Slamati, Athaillah Mursyid and Diana Arfiati*

The research was conducted using climbing perch samples originated from the swampy waters of the southern Borneo, and the objective of this study to investigate the genetic diversity and the conservation aspect using mtDNA amplification method. mtDNA amplification process occurs in the D Loop region. The results of the analysis of D-Loop mtDNA of climbing perch showed that, the analysis of Hardy-Weinberg equilibrium population ranged from 0.02 to 0.09, while the highest haplotypes found in swamp bogs (monotonic) (0.9384) then rainfed (0.7111) and tides (0.6). Heterozygosity was found uniquely in the swamp monotonic population (BAAAA) and marsh tides (BAACA) and common in all three ecosystems found in the swampy area (AAABA). Climbing perch stock divided into two populations monotone and tidal swamp population and rainfed stock. The main concept of genetic conservation is the fitness population where the population is maintained at least 500 tail/region. To increase the genetic diversity of climbing perch, can be done by the introduction of new individuals wich has a higher genetic diversity into the local population, restocking and create reserves of protected areas by the Local Fisheries Authority together with the community around the swampy waters.

KEYWORDS : *Climbing perch, mtDNA, conservation, Swamp*

PENDAHULUAN

Upaya eksploitasi terhadap ikan yang kurang memperhatikan kelestarian dan cenderung merusak habitatnya, menyebabkan penurunan tingkat produktivitasnya secara umum. Oleh sebab itu Pemerintah membuat suatu Peraturan Perundang-Undangan untuk melindungi dan melestarikan sumber daya ikan tersebut. Perlindungan serta pemanfaatannya diatur dalam Undang-Undang Perikanan Nomor 31 Tahun 2004 (Anonim, 2004) dan

Peraturan Pemerintah Nomor 60 Tahun 2007 tentang konservasi sumber daya ikan (Anonim, 2007).

Salah satu jenis ekosistem perairan lahan basah yang cukup luas yang berada di pulau Kalimantan adalah perairan rawa yang luasnya mencapai ± 12 juta hektar (Mackinnon *et al.*, 2001). Secara khusus luas perairan rawa yang ada di Kalimantan Selatan mencapai ±1 juta hektar atau sekitar 27% dari luas Provinsi Kalimantan Selatan sebesar 36.974,50 km². Perairan rawa tersebar di seluruh Kabupaten yang

Korespondensi Penulis

Kantor Jl. A. Yani Km.36 Simpang Empat Banjarbaru Kalimantan Selatan Kotak Pos 6 Telp/Fax. 05114772124,
Email: slamet1976@yahoo.co.id /Rumah Jl. Negara Dipa RT.09 No. 401 Sei Malang Amuntai Kab. HSU

ada di Kalimantan Selatan yang dapat dikelompokkan menjadi perairan rawa monoton (452.704 ha), rawa tadah hujan (169.094 ha) dan rawa pasang surut (372.637 ha) (Slamat, 2009).

Banyak jenis ikan yang hidup di ekosistem perairan rawa adalah ikan betok (*Anabas testudineus* Bloch 1792). Ikan betok merupakan jenis ikan yang mampu hidup di hampir semua tipe ekosistem perairan, bahkan dapat hidup di perairan payau dengan salinitas mencapai 15 ppt (Kottelat *et al.*, 1993). Di Kalimantan Selatan pada khususnya, ikan betok merupakan jenis ikan yang sangat digemari oleh masyarakat, selain rasa dagingnya yang gurih juga harganya tergolong mahal yaitu mencapai Rp. 50.000 – 80.000 yang berukuran 5–10 ekor/kg. Karena harganya yang tergolong tinggi tersebut, maka jenis ikan ini banyak diburu oleh para nelayan sampai mengalami tangkapan berlebih sehingga populasi dan produktivitas ikan betok di rawa menurun secara drastis.

Pada saat ini produktivitas ikan di perairan rawa mengalami tren penurunan, hal ini disebabkan oleh beberapa faktor seperti penangkapan ikan dengan alat dan bahan berbahaya, penangkapan anak-anak ikan dalam jumlah yang besar untuk dikonsumsi, pembukaan lahan rawa untuk perkebunan kelapa sawit, pembuangan limbah yang cukup besar akibat aktivitas industri, rumah tangga, dan aktivitas pertambangan batu bara yang sebagian limbahnya yang tidak tertampung mengalir ke perairan rawa. Dalam jangka panjang apabila aktivitas pencemaran tersebut tidak ditangani secara serius, maka akan mengancam seluruh biota di perairan rawa tersebut. Oleh sebab itu diperlukan suatu upaya konservasi genetik ikan-ikan bernilai ekonomis tinggi seperti betok untuk mengatasi dan mencegah dari

kelangkaan dan penurunan produktivitas di habitat ekosistem perairan rawa tersebut.

Keragaman genetik merupakan bagian dari keragaman hayati yang memiliki pengertian lebih luas, yakni keragaman struktural maupun fungsional dari kehidupan pada tingkat komunitas dan ekosistem, populasi, spesies, dan genetik (Soewardi, 2007). Dalam rangka mempertahankan keragaman hayati, sumber daya genetik memiliki peranan penting karena semakin beragam sumber daya genetik, akan semakin tahan populasi tersebut untuk hidup dalam jangka waktu yang lama, serta semakin tinggi daya adaptasinya terhadap perubahan lingkungan yang semakin besar (Yongshuang *et al.*, 2008).

Upaya untuk mengkaji keragaman polimorfisme menggunakan DNA mitokondria dengan metode PCR (*Polymerase Chain Reaction*) dan RFLP (*Restriction Fragment Length Polymorphism*) dilakukan terhadap populasi ikan betok yang hidup di tiga tipe ekosistem rawa yaitu rawa monoton, rawa tadah hujan dan rawa pasang surut, yang ada di wilayah Kalimantan Selatan.

BAHAN DAN METODE

Proses penelitian ini dilakukan pada bulan Maret 2010 sampai dengan Juli 2011. Peralatan yang digunakan dalam penelitian ini yaitu sentrifugasi, vortex, pipet micro, inkubator, vakum, alat elektroforesis, kamera polaraid, mesin PCR. Sedangkan bahan-bahan yang digunakan diantaranya yaitu botol sample, tabung, eppendrop, alkohol, aquades, Tnes, protein kinase, fenol klorofom, DNA rehydration solution, enzim restriksi (Rsa1, Mbo1, Hae111, Hind111, dan HincVI) dan agar. Lokasi pengambilan sampel di tiga tipe ekosistem perairan rawa dapat dilihat pada gambar 1.



Gambar 1. Peta pengambilan sampel di rawa Kalimantan Selatan
Figure 1. Map of sampling sites in the swampy areas of South Kalimantan

Keterangan/Remarks : 1. Rawa monoton (bogs), 2. Rawa pasang surut (marsh), 3. Tadah hujan (swamp)

Pengambilan sampel dilakukan di wilayah rawa monoton di Kabupaten Hulu Sungai, Rawa Tadah hujan di Kabupaten Banjar dan rawa pasang surut di Kabupaten Barito Kuala, Provinsi Kalimantan Selatan. Analisis sampel DNA dilakukan di Laboratorium Molekuler Balai Riset Perikanan Budidaya Air Tawar, Sempur-Bogor.

Karakterisasi Genotip

Setiap Sampel diambil di beberapa titik kawasan rawa yang menjadi objek pengambilan sampel. Jumlah sample per kawasan rawa 10 ekor, jadi jumlah sampel dari tiga kawasan rawa tersebut adalah 30 ekor. Sampel dipilih sehingga dapat mewakili populasi dalam habitatnya dengan melihat kondisi tubuh yaitu; normal (sirip, sisik, utuh) panjang dan beratnya seragam.

Ekstraksi

Sumber sel yang digunakan untuk ekstraksi DNA ikan betok adalah jaringan otot daging dan ekornya, dengan masing-masing sampel yang digunakan sebanyak 5–10 mg, dengan menggunakan metode standar phenol-chloroform (Nugroho, 1997). Ekstraksi DNA terdiri dari beberapa tahap, yaitu tahap penghancuran sel, tahap eliminasi RNA, tahap pengendapan DNA, dan tahap hidrasi DNA.

Amplifikasi Dengan Teknik PCR

Polymerase Chain Reaction (PCR), secara garis besar terdiri dari tiga tahap utama, yaitu tahap denaturasi untuk memisahkan DNA menjadi utas tunggal (*single strain*), tahap *annealing* merupakan proses penempelan primer DNA baru pada utas tunggal yang telah terpisah dan tahap ekstensi yang merupakan proses pemanjangan utas DNA baru (Baker & Birt, 2000). Proses amplifikasi menggunakan primer universal mt1 dengan urutan sekuen 5'ATAATAGGGTATCTAATCCTAGTTT 3'.

Restriksi

Sekuen yang diperoleh dengan cara pemotongan (*restriction*) menggunakan enzim restriksi endonuklease, dengan cara menambahkan 1-2 µl enzim kedalam mikrotube berisi sekuens yang telah diamplifikasi (Xiao *et al.*, 2008). Enzim restriksi yang digunakan dalam penelitian ini adalah HindIII, RsaI, HincVI, MboI dan HaeIII, dan markernya 100 bp *leader*. Setelah itu dilakukan proses elektroforesis pada gel agarosa 1,5%, dan hasilnya dapat dilihat di bawah sinar ultraviolet.

Elektroforesis

Elektroforesis merupakan suatu metode untuk memisahkan fraksi suatu zat, yang berdasarkan migrasi partikel bermuatan atau ion-ion mikro molekul, di bawah pengaruh medan listrik dengan media gel agarose. Sekuen hasil restriksi merupakan partikel bermuatan negatif yang dapat dipisahkan melalui elektroforesis pada gel agarose (Garg *et al.*, 2009). Gel agarose diletakkan pada alat elektroforesis, kemudian ditambahkan larutan TBE 1x pada alat elektroforesis sampai tanda tera atau sampai gel tenggelam. Elektroforesis berlangsung selama ± 30 menit pada tegangan 100 volt, pada suhu ruangan. Selanjutnya gel agarose diamati di atas lampu ultraviolet, dan didokumentasikan lewat kamera polaroid khusus.

Analisis Data

Keragaman *haplotype* dianalisis dengan cara melihat proporsi jumlah individu heterozigot dari seluruh individu dalam sampel. Jarak genetik dihitung dengan cara menghitung frekuensi haplotipe dan nilai varian genetik antar populasi. Analisis data lebih rinci menggunakan *software* dengan program TFGA (*Tools for Population Genetic Analysis*).

HASIL DAN BAHASAN

Amplifikasi mt-DNA

Amplifikasi mt-DNA ditujukan pada daerah mt-DNA D Loop (*displacement loop*), yaitu sekuen yang tidak berkode atau daerah kontrol (*control region*), yang fungsinya mengatur proses replikasi dan transkripsi seluruh genom mitokondria. Amplifikasi menggunakan primer universal mt1, dengan urutan nukleotidanya 5'ATAATAGGGTATCTAATCCTAGTTT3', menghasilkan fragmen mt-DNA antara 1600 - 3375 bp.

Frekuensi Komposit allel dan Keragaman Haplotype (Intrapopulasi)

Distribusi frekwensi dan identifikasi genotipe (*site restriksi*) mt-DNA D Loop hasil digesti dengan 5 enzim restriksi disajikan pada Tabel 1.

Keragaman genetik intrapopulasi berdasarkan analisis haplotipe pada ketiga populasi ikan betok di peroleh 6 komposit haplotipe. Tiap populasi terdiri dari 2 hingga 5 komposit haplotipe (Tabel 1), haplotipe terendah pada rawa pasang surut (2) dan haplotipe tertinggi terdapat di rawa monoton (5).

Tabel 1. Frekwensi komposit haplotipe mt-DNA D Loop ikan betok yang di potong dengan lima jenis enzim endonuklease yaitu RsaI, MboI, HaeIII, HindIII, dan HincVI

Table 1. The composite haplotype frequencies of mt-DNA D Loop of Climbing perch which is cut by five types of endonuclease enzyme, RsaI, MboI, HaeIII, HindIII, and HincVI

Type Komposite Haplotype / type composite haplotype	Total	Monoton / bogs	Tadah hujan / marshs	Pasang surut / swamps
AAAAA	3	0,17	0,2	
AAABA	8	0,17	0,4	0,5
AAACA	5	0,17	0,4	
BAAAA	2	0,32		
BABDB	1	0,17		
BAACA	3			0,5
∑ Sampel	22	6	10	6
∑ Haplotype		5	3	2
Keragaman Haplotype Diversity haplotype		0,9384	0,7111	0,6

Berdasarkan analisis keseimbangan populasi Hardy-Weinberg menghasilkan nilai P-value >0,01 yaitu berkisar antara 0,02 hingga 0,09, sedangkan rerata heterozigositas bervariasi antara 0,1347 sampai 0,3758. Hal menunjukkan bahwa dengan keyakinan sekurang-kurangnya 90 hingga 98%, dikatakan frekwensi haplotipe intrapopulasi terdestruksi sesuai dengan keseimbangan Hardy-Weinberg, dan peningkatan heterozigositas diduga terkait dengan mekanisme alamiah aliran gen melalui *interbreeding*. Menurut Wang *et al.*, (2008) peningkatan keragaman genetik dapat terjadi karena adanya *genetic drift* dari suatu populasi yang besar dalam ekosistem yang ditempatinya.

Populasi ikan betok dari rawa monoton terdiri dari lima komposit dengan proporsi berkisar antara 0,17–0,32, rawa tadah hujan ada 3 komposit dengan proporsi 0,2–0,4 dan rawa pasang surut meliputi 2 komposit dengan persentasi 0,5 (Tabel 1). Proporsi keragaman haplotipe intrapopulasi pada fragmen mt-DNA D Loop ikan betok antara 0,5-0,782. Populasi ikan betok yang berasal dari rawa monoton memiliki tingkat keragaman yang paling tinggi yaitu 0,9384 kemudian diikuti oleh ikan betok dari rawa tadah hujan dengan tingkat keragaman 0,7111 dan yang terendah adalah populasi ikan betok yang berasal dari rawa pasang surut dengan tingkat keragaman 0,6. Komposit haplotipe BAAAA dan BABDP ditemukan unik pada populasi ikan betok rawa monoton, demikian pula BAACA pada rawa pasang surut. Komposite

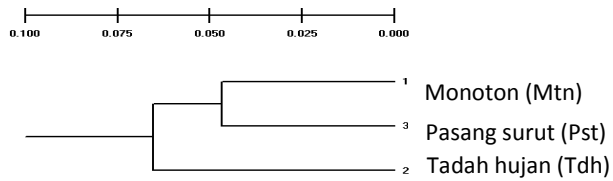
haplotipe AAABA terdistribusi pada ketiga populasi dengan frekwensi tertinggi pada populasi ikan betok rawa monoton dan 2 komposite AAAAA dan AAACA hanya terdistribusi pada populasi ikan rawa monoton dan rawa tadah hujan, yang tidak ditemukan di populasi rawa pasang surut.

Tingginya komposite haplotipe ikan betok yang berasal dari rawa monoton lebih disebabkan oleh adanya hibridisasi ikan betok dari rawa pasang surut atau rawa tadah hujan yang terjadi di rawa monoton, karena rawa monoton lebih kaya dengan sumber nutrisi dan sumber air tetap stabil meskipun datang musim kemarau. Karakter lingkungan perairan yang ditempati oleh ikan dapat juga memacu variasi heterozigositas pada ikan yang lama tinggal dalam perairan tersebut (Yu *et al.*, 2009).

Analisis Jarak Genetik Nei (*Interpopulasi*)

Rerata jarak genetik Nei antara ketiga populasi berkisar antara 0,068-0,106. Jarak genetik terkecil adalah antara populasi rawa tadah hujan dan pasang surut (0,0684), dan yang terbesar jarak genetik antara rawa tadah hujan dengan rawa monoton (0,1060)

Hasil analisis keragaman interpopulasi, menunjukkan penstrukturan genetik, populasi ikan betok menjadi dua unit stok populasi yaitu pemisahan populasi ikan betok yang berasal dari ekosistem perairan rawa monoton dan rawa pasang surut dengan



Gambar 2. Dendrogram ikan betok dari tiga tipe ekosistem perairan rawa jarak genetik Nei

Figure 2. Dendrogram of climbing perch from three types of aquatic swampy ecosystem based on Nei's genetic distance

stok populasi ikan betok yang berasal dari ekosistem perairan rawa tadah hujan (Gambar 2).

Distribusi Ikan Betok

Ekosistem perairan rawa dipengaruhi oleh beberapa faktor seperti kualitas air, jenis hewan dan tumbuhan serta letak ekosistem perairan rawa terhadap aliran sungai atau adanya intrusi air laut. Kondisi lingkungan yang berbeda-beda, menyebabkan pola genotipe yang tereksprei berbeda-beda. Menurut (Chen *et al.*, 2008), proses perubahan genetik yang diakibatkan oleh lingkungan merupakan sifat adaptasi prokariot atau eukariot untuk mempertahankan hidup terhadap goncangan lingkungannya.

Pola penyebaran ikan betok yang ada di ekosistem perairan rawa Kalimantan Selatan mengikuti jalur Sungai Barito yang membentang di sepanjang tepi perairan rawa. Migrasi ikan betok terjadi pada awal musim kemarau atau pada puncak musim penghujan mengikuti arus Sungai Barito. Migrasi ikan betok terjadi disebabkan oleh sumber air yang menipis, pencemaran, ketersediaan pakan yang kurang, rangsangan reproduksi serta serangan hama dan penyakit ikan (Slamat, 2009).

Pola penangkapan ikan betok yang tidak memperhatikan kelestarian habitatnya, seperti penggunaan bahan beracun serta penggunaan alat tangkap yang berbahaya seperti strum, merupakan salah satu faktor yang mendorong ikan betok untuk melakukan migrasi ke tempat yang lebih aman dari gangguan predator atau bahan pencemar beracun. Gangguan terhadap populasi ikan betok terjadi di semua tipe ekosistem perairan rawa, terlebih lagi terhadap ekosistem perairan rawa tadah hujan dimana areal ekosistem lebih sempit dan perairannya lebih dangkal dibandingkan dengan rawa lainnya.

Migrasi ikan betok yang melakukan reproduksi di rawa monoton, cenderung tidak akan kembali ke asalnya lagi, ini disebabkan kondisi lingkungan rawa monoton lebih stabil, jarak antar rawa sangat jauh dan jumlah pakan yang tersedia lebih banyak. Jika dikaitkan dengan keragaman genetiknya, populasi rawa monoton lebih tinggi, dibandingkan dengan rawa lainnya karena masing-masing individu membawa variasi genetik yang berbeda dalam satu unit reproduksi. Populasi ikan betok dari rawa tadah hujan dan rawa pasang surut merupakan populasi asal yang bermigrasi ke rawa monoton mengikuti jalur Sungai Barito.

Strategi Konservasi Genetik

Sumberdaya genetik memiliki peranan yang fundamental dalam konteks krisis keragaman hayati. Suatu spesies ikan yang memiliki tingkat keragaman genetik yang tinggi, akan semakin mampu untuk menghadapi perubahan lingkungan yang terjadi setiap saat sehingga tetap lestari. Selain itu sumberdaya genetik dimanfaatkan oleh manusia karena keberadaannya memiliki peran untuk memberdayakan dan memperbaiki produktivitas suatu spesies sehingga bernilai ekonomis untuk mendukung ketahanan pangan.

Konsep utama dalam konservasi genetik adalah *fitness population*. Adanya potensial fitness yang tergambar dari hasil analisa mt-DNA D Loop ikan betok yang memiliki haplotipe yang cukup besar (Tabel 1), mengindikasikan kemampuannya untuk beradaptasi terhadap perubahan lingkungan dan pengembangan dalam lingkungan yang terkontrol sebagai ikan budidaya. Potensial fitness ditentukan oleh keragaman genetik, sedangkan keragaman genetik sangat ditentukan oleh populasi efektif dan berbagai faktor yang mempengaruhi antara lain inbreeding (silang dalam), mutasi, migrasi dan *genetic drift*.

Salah satu tujuan jangka panjang konservasi genetik adalah mempertahankan keragaman genetik yang cukup untuk adaptasi, keberhasilan ekspansi serta perbaikan kembali populasi ikan betok yang mengalami kerusakan habitatnya. Menurut Li *et al.*, (2009), untuk dapat mempertahankan keragaman genetik, salah satu upaya yang penting adalah menjaga agar populasi efektif tetap tinggi. Populasi efektif yang disarankan oleh Frankham *et al.*, (2002) sebesar 500 ekor untuk dapat mempertahankan keragaman genetik suatu populasi ikan di alam.

Mempertahankan keragaman genetik suatu populasi ditengah meningkatnya tekanan eksploitasi maupun pencemaran lingkungan perairan tidaklah mudah. Kondisi ini jika berlangsung dalam kurun waktu lama dan terus-menerus berlangsung, maka tidak mustahil populasi ikan betok khususnya yang berada di perairan rawa akan menurun keberadaannya, dan tidak menutup kemungkinan akan menjadi langka. Upaya rehabilitasi terhadap kondisi menurunnya keragaman genetik suatu populasi, dapat dilakukan secara preventif diantaranya adalah membuat suatu kawasan reservat, mengurangi tingkat eksploitasinya, mengendalikan pencemaran dan kerusakan habitat populasi ikan di perairan rawa tersebut.

Untuk meningkatkan keragaman genetik ikan betok, dapat dilakukan dengan cara restocking individu-individu baru yang memiliki keragaman genetik yang lebih tinggi kedalam populasi lokal. Proses restocking ini dimungkinkan untuk ikan-ikan yang telah berhasil di domestikasi. Apabila proses restocking ini tidak memungkinkan oleh karena belum ada ikan betok yang berhasil di domestikasi atau jumlahnya relatif sedikit untuk melakukan restocking, maka upaya yang ditempuh untuk konservasi genetiknya adalah, membuat suatu kawasan reservat yang dilindungi oleh Dinas Perikanan setempat bersama-sama dengan masyarakat sekitarnya. Kawasan reservat ini berguna untuk menjaga kelangsungan hidup populasi ikan betok, meningkatkan reproduksi dan menjaga keseimbangan genetiknya agar tetap tumbuh dan berkembang di habitatnya.

KESIMPULAN

Amplifikasi mtDNA ikan betok terjadi di daerah D Loop. Hasil analisis mt-DNA D Loop ikan betok menunjukkan bahwa, analisis keseimbangan populasi Hardy-Weinberg berkisar antara 0,02-0,09, sedangkan haplotipe tertinggi terdapat di rawa monoton (0,9384), kemudian tadah hujan (0,7111) dan pasang surut (0,6). Heterozigositas ditemukan unik pada populasi rawa monoton (BAAAA) dan rawa pasang surut (BAACA) dan umum ditemukan di ketiga ekosistem rawa (AAABA). Ikan betok dibagi menjadi dua stok populasi yaitu populasi rawa monoton dan pasang surut serta populasi tadah hujan.

Konsep utama dalam konservasi genetik adalah *fitness population* dimana populasi dipertahankan minimal 500 ekor/kawasan. Untuk meningkatkan keragaman genetik ikan betok, dapat dilakukan

dengan cara *restocking* individu-individu baru yang memiliki keragaman genetik yang lebih tinggi kedalam populasi lokal, *restocking*, dan membuat kawasan reservat yang dilindungi oleh Dinas Perikanan Setempat bersama-sama dengan masyarakat di sekitar perairan rawa tersebut.

PERSANTUNAN

Konservasi Genetik Ikan Betok (*Anabas Testudinius* Bloch 1792) Di Perairan Rawa Kalimantan Selatan. Ucapan terimakasih pada UNLAM yang telah membantu sebagian dana dari penelitian dan teman-teman yang telah berpartisipasi dalam kegiatan penelitian ini.

DAFTAR PUSTAKA

- Anonim. 2004. Undang-Undang Republik Indonesia Nomor 31 Tahun 2004 tentang perikanan. DPR dan Presiden RI.
- Anonim. 2007. Peraturan Pemerintah Republik Indonesia Nomor 60 Tahun 2007 Tentang konservasi sumber daya ikan. Presiden RI.
- Baker, A.J., & P., Birt. 2000. *Polymerase Chain Reaction Molecular Methods In Ecology*. Blackwell Science Ltd. Oxford. p. 50-63.
- Chen, S. T., Liu. Z., Li & T, Gao. 2008. Genetic population structuring and demographic history of red spotted grouper (*Epinephelus akaara*) in South and East China Sea. *African Journal of Biotechnology*. 7 (20). 3554-3562.
- Frankham, R., Ballou, J.D., & Briscoe, D.A. 2002. *Introduction To Conservation Genetics*. Cambridge University Press. 312 p.
- Garg, K.R.N., Silawat. P., Sairkar. N., Vijay N.N., & Mehrotran. 2009. RAPD analysis for genetic diversity of two populations of *Mystus vittatus* (Bloch) of Madhya Pradesh, India. *African Journal of Biotechnology*. 8 (17). 4032-4038.
- Kottelat., Anthony, J., Sri, N.K., & Soetikno, W. 1993. *The Freshwater Fishes of western Indonesia and Sulawesi*. Periplus, Singapore. 650 p.
- Li, L.Y., Xiao, Y.K., Zi, N.Y., Jie, K. Shen, M & Li, M.C. 2009. Genetic diversity and historical demography of Chinese shrimp *Fenneropenaeus chinensis* in Yellow Sea and Bohai Sea based on mitochondrial DNA analysis. *African Journal of Biotechnology*. 8 (7). 1193-1202.

- Mackinnon, K., Muhammad, H., H, Halim., & A, Mangalik. 2001. *Ekologi Kalimantan*. Prenhalindo, Jakarta. p. 800 - 806.
- Nugroho, E. 1997. Practical Manual On Detection Of DNA Polymorphism In Fish Population Study. In *Bulletin Of Marine Science And Fisheries*. Kochi University, Japan. p. 109 - 129.
- Slamat. 2009. *Keanekaragaman Genetik Ikan Betok (Anabas testudineus Bloch 1792) pada Tiga Tipe Ekosistem Perairan Rawa di Provinsi Kalimantan Selatan*. Tesis. IPB Press. 91 p.
- Soewardi, K. 2007. *Pengelolaan Keragaman Genetik Sumber Daya Perikanan dan Kelautan*. IPB Press. 153 p.
- Wang, M.Z., Xiumei, Y., Tianyan, H., Zhiqiang, Y., Takashi & Tianxiang, G. 2008. Genetic diversity in the mtDNA control region and population structure in the *Sardinella zunasi* Bleeker. *African Journal of Biotechnology*. 7 (24). 4384-4392.
- Xiao, Y.T., Masakazu, Y., Takashi, Z., Yan, G., Tianxiang, Y., Mamoru & S, Yasunori. 2008. Genetic variation and population structure of willow flounder *Tanakius kitaharai* collected from Aomori, Ibaraki and Niigata in Northern Japan. *African Journal of Biotechnology*. 7 (21). 3836-3844.
- Yongshuang, X., Masakazu, T., Takashi, Y., Yan, Z., Tianxiang, G., Mamoru, Y & Yasunori, S. 2008. Genetic variation and population structure of willow flounder *Tanakius kitaharai* collected from Aomori, Ibaraki and Niigata in Northern Japan. *African Journal of Biotechnology*. 7 (21). 3836-3844.
- Yu, H.D., Gui-ju, H.G., Yi-hui., Xiao-yu, W & Ai-min, W. 2009. Genetic characteristics of hybrid populations derived by crossing Chinese and Indian pearl oysters, *Pinctada fucata*, based on AFLP markers. *African Journal of Agricultural Research*. 4 (7). 659-66.