

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

KARAKTERISTIK FENOTIPE DAN GENOTIPE LIMA STRAIN IKAN MAS DI JAWA BARAT DAN BANTEN

Didik Ariyanto^{*)#}, Odang Carman^{**)}, Dinar Tri Soelistyowati^{***)}, Muhammad Zairin Jr.^{**)}, dan Muhamad Syukur^{***)}

^{*)} Balai Riset Pemuliaan Ikan

Jl. Raya 2 Sukamandi Pantura, Patokbeusi, Subang 41263

^{**)} Departemen Budidaya Perairan, Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan, Institut Pertanian Bogor
Kampus IPB Darmaga, Jl. Agatis, Babakan, Dramaga, Bogor, Jawa Barat 16680

^{***)} Departemen Agronomi dan Hortikultura, Fakultas Pertanian, Institut Pertanian Bogor
Kampus IPB Darmaga, Jl. Meranti, Babakan, Dramaga, Bogor, Jawa Barat 16680

(Naskah diterima: 11 Mei 2018; Revisi final: 8 Agustus 2018; Disetujui publikasi: 8 Agustus 2018)

ABSTRAK

Langkah awal program pemuliaan adalah koleksi dan pengenalan karakter materi pemuliaan tersebut. Hasil karakterisasi digunakan sebagai dasar pertimbangan metode pelaksanaan program pemuliaan yang akan dilakukan. Koleksi material genetik untuk program pemuliaan ikan mas menghasilkan lima strain yang dominan dibudidayakan di wilayah Jawa Barat dan Banten, yakni *strain* Rajadanu, Sutisna, Majalaya, Wildan, dan Sinyonya. Pengenalan karakter material genetik ikan mas hasil koleksi dilakukan melalui dua pendekatan, yaitu fenotipe menggunakan metode *truss* morfometrik dan genotipe menggunakan metode mikrosatelit DNA. Hasil analisis menunjukkan bahwa variasi keragaman fenotipe kelima *strain* ikan mas relatif sesuai dengan variasi keragaman genotipenya. Selain mengelompokkan antar *strain*, hasil analisis genotipe juga menunjukkan bahwa tingkat keragaman genetik kelima *strain* ikan mas yang diindikasikan dengan nilai heterozigositas (H_o) relatif rendah, yaitu berkisar antara 0,08-0,20 dengan jarak genetik antar *strain* berada dalam kisaran 0,420-0,582.

KATA KUNCI: karakterisasi; *truss* morfometrik; mikrosatelit; ikan mas

ABSTRACT: *Phenotype and genotype characteristics of five strains of common carp from West Java and Banten Province, Indonesia. By: Didik Ariyanto, Odang Carman, Dinar Tri Soelistyowati, Muhammad Zairin Jr., and Muhamad Syukur*

*The first step in a fish breeding program is the collection and characterization of the breeding subject. The results of characterization are used as a baseline to select suitable potential methods used in the breeding program. The samples of genetic materials of five strains of common carp (Rajadanu, Sutisna, Majalaya, Wildan, and Sinyonya) were obtained from West Java and Banten Province. The characterization of collected genetic materials of the common carp species followed the phenotype and genotype approaches. Phenotypic characterization used *truss* morphometric method while genotype characterization applied DNA microsatellite method. The results showed that the phenotypic variation of the common carp had a close fit with its genotypic variation. In addition, the genotype analysis also showed that the genetic diversity level of the strains was relatively low indicated by the narrow ranges of heterozygosity values (H_o) (0.08-0.20) and genetic distance among strains (0.420-0.582).*

KEYWORDS: *characterization; truss morphometric; microsatellite; common carp*

PENDAHULUAN

Pengembangan budidaya ikan mas di Indonesia mengalami kendala yang cukup serius. Hal ini ditandai

dengan penurunan jumlah produksi ikan mas budidaya sejak sekitar tahun 2003 (Rukmono, 2005). Penurunan angka produksi ikan mas disebabkan oleh adanya serangan penyakit dan penurunan laju pertumbuhan benih. Ketidakmampuan benih menghadapi serangan penyakit, serta penurunan laju pertumbuhan ini diduga karena benih telah mengalami penurunan kualitas genetik. Penurunan kualitas genetik benih ikan mas

Korespondensi: Balai Riset Pemuliaan Ikan. Jl. Raya 2 Sukamandi Pantura, Patokbeusi, Subang 41263, Indonesia.
Tel. + 62 21 7520482
E-mail: didik_ski@yahoo.com

budidaya diduga kuat terkait dengan kesalahan manajemen perbenihan pada tingkat pembenih (Subagyo *et al.*, 2000). Kondisi tersebut menuntut segera dilakukannya perbaikan mutu genetik (pemuliaan) benih ikan mas budidaya.

Dalam rangka kegiatan pemuliaan, langkah pertama yang perlu dilakukan adalah pengenalan terhadap karakter plasma nutfah. Pengenalan karakter dapat dilakukan melalui dua pendekatan, yaitu secara fenotipe dan genotipe. Karakterisasi fenotipe yang mempunyai akurasi hasil cukup tinggi adalah menggunakan metode *truss morphometric*. Pengukuran karakter morfometrik menggunakan pola *truss* memberikan gambaran bentuk tubuh yang lebih menyeluruh. Metode ini menghasilkan karakter geometrik bentuk tubuh secara lebih sistematis dan menunjukkan peningkatan kemampuan dalam mengidentifikasi perbedaan-perbedaan bentuk tubuh pada ikan. Metode *truss* morfometrik banyak digunakan untuk mengidentifikasi perbedaan bentuk tubuh ikan seperti pada ikan nila (Velasco *et al.*, 1996), ikan salmon (Swain *et al.*, 1991), ikan mackerel (Jayasankaret *et al.*, 2004), dan ikan mas (Imron, 2000).

Dalam banyak kasus, karakter fenotipe suatu populasi dipengaruhi oleh kondisi lingkungan tempat populasi tersebut berkembang. Dalam rangka mengonfirmasi keragaman karakter fenotipe, dikembangkan metode karakterisasi pada tingkat genotipe. Karakterisasi genotipe molekuler yang banyak digunakan sebagai analisis pembeda antar populasi plasma nutfah adalah analisis DNA mikrosatelit (Takezaki & Nei, 1996). DNA mikrosatelit merupakan suatu urutan basa N pendek pada DNA, biasanya terdiri atas dua sampai lima basa N (disebut sebagai motif), yang berulang-ulang tanpa tersela. Panjang pengulangan ini bervariasi tergantung individu/varietas dan diwariskan kepada generasi berikutnya. Mutasi dapat terjadi terhadap banyaknya pengulangan ini sehingga muncul variasi panjang pengulangan di dalam individu-individu dalam suatu spesies. Variasi ini membuat mikrosatelit dapat digunakan sebagai penanda genetik. Penerapan metode mikrosatelit untuk mengkarakterisasi spesies-spesies ikan telah dilakukan antara lain pada ikan rainbow trout (Herbinger *et al.*, 1995), ikan nila (Romana-Eguia *et al.*, 2004), dan ikan mas (Yue *et al.*, 2004; Thai *et al.*, 2007; Hulak *et al.*, 2010).

Penelitian ini bertujuan mengidentifikasi karakter fenotipe dan genotipe lima strain ikan mas di Jawa Barat dan Banten, yaitu *strain* Rajadanu, Sutisna, Majalaya, Wildan, dan Sinyonya. Hasil penelitian ini digunakan sebagai dasar pertimbangan pelaksanaan kegiatan pemuliaan ikan mas selanjutnya.

BAHAN DAN METODE

Populasi Ikan Mas

Bahan penelitian adalah lima *strain* ikan mas milik Balai Penelitian Pemuliaan Ikan, Sukamandi yang dikoleksi tahun 2010-2012. Populasi ikan mas terdiri atas *strain* Rajadanu dan Sutisna dari Kabupaten Kuningan (Jawa Barat), *strain* Majalaya dari Kabupaten Bandung (Jawa Barat), *strain* Wildan dari Kabupaten Cianjur (Jawa Barat), dan *strain* Sinyonya dari Kabupaten Pandeglang (Banten).

Karakterisasi Fenotipe

Analisis keragaman karakter fenotipe dilakukan menggunakan metode *truss morphometric*. Benih sampel diambil dari hasil pemijahan tiga pasang induk dari masing-masing *strain*, berukuran 25-50 g per ekor. Jumlah sampel sebanyak 50 ekor/*strain*, terdiri atas 25 ekor jantan dan 25 ekor betina. Pengambilan titik-titik patokan yang jelas, konsisten, dan homolog dari satu sampel ke sampel lain dipilih di sekitar garis bentuk (*outline*) tubuh ikan mengikuti Nugroho *et al.* (1991) dan Imron *et al.* (2000). Pengukuran jarak antara titik-titik patokan dilakukan menggunakan mistar ukur dengan ketelitian 0,5 mm.

Karakterisasi Genotipe

Karakterisasi genotipe dilakukan menggunakan metode DNA mikrosatelit. Bahan yang digunakan adalah potongan sirip induk ikan mas hasil koleksi, sebanyak 10 ekor/*strain*. Secara umum, analisis DNA mikrosatelit terdiri atas tahap ekstraksi DNA, amplifikasi DNA dalam mesin PCR, elektroforesis, dan analisis fragmen DNA. Karakteristik genotipe dianalisis menggunakan lima lokus mikrosatelit, yaitu MFW-6, MFW-7, MFW-9, MFW-13, dan MFW-16 (Yue *et al.*, 2004; Thai *et al.*, 2007).

Analisis Data

Data fenotipe dianalisis menggunakan analisis komponen utama (*Principal Component Analysis/PCA*) sebagai pembeda bentuk tubuh antar *strain*. Analisis ragam multivariasi (Amova) dilakukan antar populasi jantan dan betina untuk mengetahui kemungkinan adanya dimorfisme seksual. Analisis komponen utama dilakukan pada populasi jantan dan betina secara terpisah jika secara nyata terdapat perbedaan antara populasi jantan dan betina. Analisis data gabungan populasi jantan dan betina dilakukan sebagai pembandingan. Analisis komponen utama dilakukan mengikuti prosedur Strauss & Bond (1990) dan Edge *et al.* (1991). Analisis data dilakukan menggunakan program SPSS 16.0.

Parameter genotipe meliputi jumlah alel setiap lokus, frekuensi alel, diversitas gen, heterozigositas, polimorfisme dan jarak genetik dianalisis menggunakan program *Power Maker V3.25*. Visualisasi hubungan antar strain dalam bentuk dendrogram dilakukan menggunakan metode UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*).

HASIL DAN BAHASAN

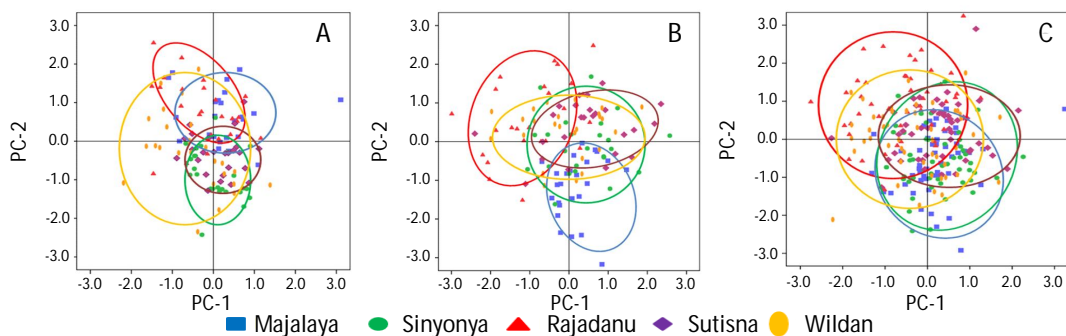
Karakteristik Fenotipe

Analisis ragam multivariasi antara populasi jantan dan betina memberikan nilai $F_{hitung} = 1,663$ dan $P = 0,038$. Hasil ini mengindikasikan adanya dimorfisme seksual pada bentuk tubuh ikan mas, sehingga analisis lanjutan menggunakan analisis komponen utama dilakukan pada masing-masing jenis kelamin. Analisis gabungan kedua jenis kelamin dilakukan sebagai perbandingan. Hasil analisis komponen utama populasi jantan, betina, serta gabungan disajikan pada Tabel 1. Analisis pengelompokan bentuk tubuh berdasarkan analisis komponen utama disajikan dalam bentuk diagram pencar (*scatter plot*) pada Gambar 1, dan analisis gerombol (*cluster analysis*) berdasarkan kemiripan bentuk tubuh antar strain ikan mas disajikan dalam bentuk dendrogram pada Gambar 2.

Tiga komponen utama yang dibangun berdasarkan nilai-nilai karakter *truss* dalam analisis morfometrik menunjukkan keragaman bentuk tubuh populasi ikan mas hingga 58,9% pada populasi jantan; 52,4% pada populasi betina; dan 52,9% pada populasi gabungan (Tabel 1). Hal ini menunjukkan bahwa metode yang digunakan pada penelitian ini relatif baik dalam membedakan bentuk tubuh antar *strain* ikan mas. Hasil analisis komponen utama pada PC-1 dan PC-2 populasi jantan menunjukkan bahwa *strain* Sutisna mempunyai

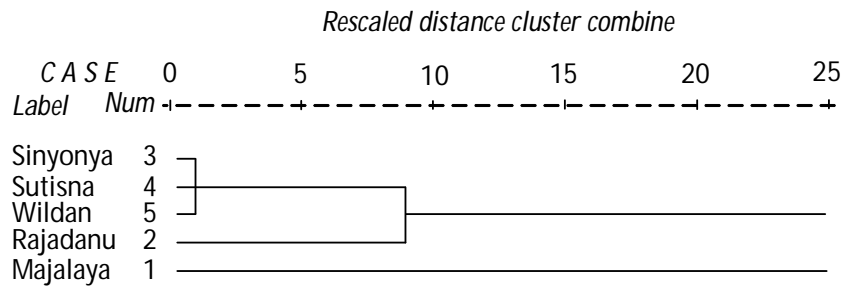
kemiripan tinggi dengan *strain* Sinyonya sedangkan *strain* Rajadanu mempunyai kemiripan dengan *strain* Majalaya (Gambar 1A). Analisis pada populasi betina menunjukkan pola yang hampir sama, yaitu *strain* Sutisna mempunyai kemiripan tinggi dengan *strain* Sinyonya, tetapi bentuk tubuh strain Rajadanu berbeda dengan strain Majalaya (Gambar 1B). Hasil analisis populasi gabungan mendukung hasil analisis pada kedua populasi di atas yang menunjukkan bahwa *strain* Sutisna mempunyai kemiripan yang tinggi dengan *strain* Sinyonya. Analisis data gabungan juga menunjukkan bahwa bentuk tubuh yang paling berbeda adalah antara *strain* Rajadanu dengan *strain* Majalaya. Hal ini diindikasikan dengan daerah sebaran individu yang berhimpitan antara kedua *strain* tersebut relatif sedikit (Gambar 1C). Berdasarkan Tabel 1, karakter *truss* yang secara nyata berkontribusi terhadap perbedaan antar *strain* tersebut adalah A-3, A-4, A-6, B-3, B-4, B-5, C-4, C-5, dan D-3. Hasil ini menunjukkan bahwa perbedaan bentuk tubuh antar strain ikan mas merata pada semua bagian tubuh, mulai dari bentuk kepala, badan bagian depan dan belakang hingga batang ekor.

Hasil analisis gerombol berdasarkan tingkat kemiripan bentuk tubuh antar *strain* ikan mas menunjukkan bahwa kelima *strain* ikan mas dalam penelitian ini terbagi menjadi tiga kelompok besar, yaitu *strain* Sinyonya, Sutisna, dan Wildan dalam satu kelompok sedangkan *strain* Rajadanu dan Majalaya menjadi kelompok-kelompok yang berbeda (Gambar 2). Hasil ini mendukung hasil analisis sebelumnya yang menunjukkan bahwa *strain* Sutisna dan Sinyonya mempunyai kemiripan bentuk tubuh yang tinggi, sedangkan bentuk tubuh *strain* Rajadanu dan Majalaya saling berbeda.



Gambar 1. Diagram pencar komponen utama 1 dan 2 (PC-1, PC-2) pada populasi ikan mas jantan (A), betina (B), dan gabungan (C) menggunakan 21 jarak *truss*.

Figure 1. Scatter plot for the first and second PC in male (A), female (B), and combination (C) population of common carp using 21 truss characters.



Gambar 2. Dendrogram yang menunjukkan tingkat kemiripan morfologi lima *strain* ikan mas.

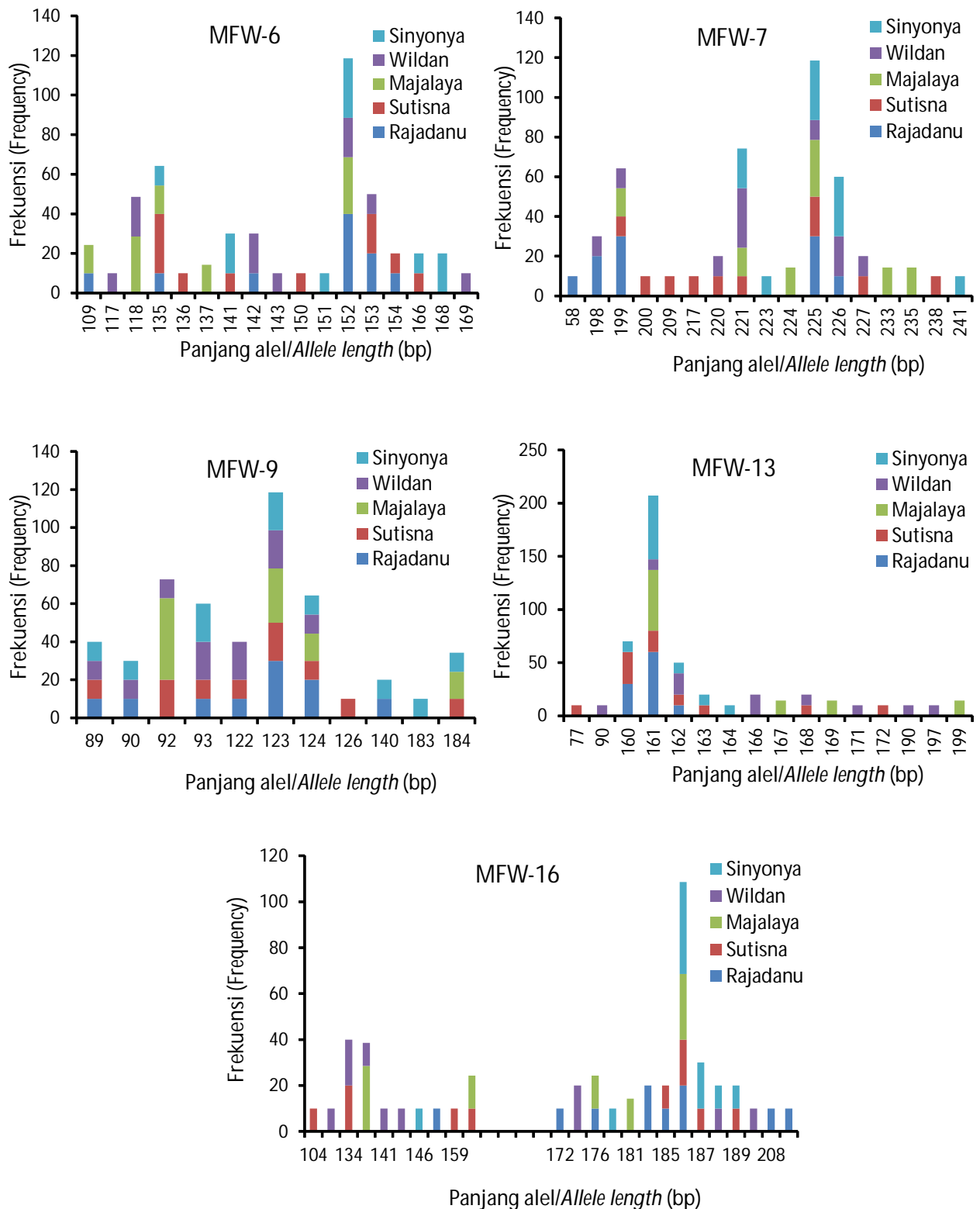
Figure 2. Dendrogram showing the morphological similarity among five strains of common carp.

Secara umum, penampilan fenotipe populasi ditentukan oleh keragaman genetik dan dipengaruhi oleh kondisi lingkungan. Pada populasi ikan mas, pengaruh kondisi lingkungan terhadap keragaman morfologi populasi tersebut sangat besar (Wang & Li, 2007; Ninh *et al.*, 2011). Hasil penelitian yang dilakukan oleh Matricia (1990), Hardjamulia *et al.* (1996), dan Imron *et al.* (2000) pada populasi ikan mas menunjukkan bahwa *strain* Rajadanu dan Sutisna mempunyai bentuk tubuh yang relatif sama. Hal ini diduga karena kedua *strain* tersebut dikembangkan di daerah dengan kondisi geografis dan agro-klimatologis yang sama, yaitu di daerah Kuningan, Jawa Barat. Imron *et al.* (2000) juga memperoleh hasil bahwa bentuk tubuh ikan mas *strain* Majalaya dari daerah Bandung mempunyai kemiripan tinggi dengan *strain* Wildan dari daerah Cianjur. Secara geografis, Kabupaten Bandung dengan Kabupaten Cianjur relatif berdekatan dengan kondisi agro-klimatologi yang relatif sama. Namun, hasil yang diperoleh pada penelitian ini relatif berbeda dengan penelitian sebelumnya. Bentuk tubuh ikan mas *strain* Sutisna (Kuningan) cenderung mempunyai kemiripan dengan bentuk tubuh *strain* Wildan (Cianjur) dan Sinyonya (Pandeglang), tetapi berbeda dengan bentuk tubuh *strain* Rajadanu (Kuningan) maupun Majalaya (Bandung). Beberapa alasan dapat menyebabkan terjadinya perbedaan hasil antar penelitian, antara lain: (1) Metode pembangkitan dan analisis data yang digunakan. Penggunaan metode yang berbeda cenderung menghasilkan keluaran yang berbeda. Hal ini karena sensitivitas alat, metode dan analisis yang digunakan pada masing-masing metode tersebut berbeda. (2) Metode koleksi contoh yang digunakan. Di dalam penelitian sebelumnya, contoh benih ikan mas yang digunakan diambil langsung dari daerah endemik populasi tersebut berkembang, sedangkan pada penelitian ini, benih yang digunakan berasal dari pemijahan induk yang dikoleksi oleh BRPI, Sukamandi

pada tahun 2010-2012. (3) Lingkungan pemeliharaan. Induk yang digunakan untuk produksi benih dalam penelitian sebelumnya dipelihara di daerah asal masing-masing *strain*, sedangkan induk ikan mas hasil koleksi BRPI yang digunakan pada penelitian ini sudah dipelihara pada lingkungan yang relatif sama selama lebih dari lima tahun. Berdasarkan analisis di atas, argumentasi nomor 2 dan 3 nampaknya lebih memungkinkan terjadinya perbedaan hasil penelitian ini. Hal ini mengingat semua metode yang digunakan dalam penelitian ini mengacu pada penelitian sebelumnya, sehingga kemungkinan besar perbedaan hasil penelitian bukan disebabkan oleh faktor tersebut. Proses adaptasi yang sudah berlangsung lebih dari lima tahun diduga menyebabkan terjadinya perubahan bentuk tubuh dari masing-masing *strain* ikan mas. Dengan demikian, adanya variasi bentuk tubuh antar *strain* ikan mas dalam penelitian ini diduga lebih disebabkan karena perbedaan karakter genotipe.

Karakteristik Genotipe

Karakteristik genotipe lima *strain* ikan mas berdasarkan analisis mikrosatelit disajikan pada Gambar 3 dan Tabel 2. Gambar 3 menunjukkan adanya beberapa *private allele* pada masing-masing lokus dari setiap *strain*. *Private allele* merupakan alel yang hanya ditemukan pada satu *strain* dan tidak ditemukan pada *strain* lainnya (Syahputra *et al.*, 2016). Sebagai contoh, alel berukuran 117 bp dan 143 bp pada lokus MFW-6 merupakan alel yang hanya ditemukan pada *strain* Wildan, sedangkan alel berukuran 136 bp dan 150 bp hanya ditemukan pada *strain* Sutisna. Pada lokus MFW-7, alel berukuran 58 bp merupakan alel yang hanya ditemukan pada *strain* Rajadanu, alel berukuran 200, 209, 217, dan 238 bp ditemukan hanya pada *strain* Sutisna, sedangkan alel berukuran 266 bp hanya ditemukan pada *strain* Wildan. Pada lokus MFW-13 dan MFW-16, variasi alel antar *strain* lebih beragam dengan



Gambar 3. Ukuran dan frekuensi alel di setiap lokus mikrosatelit pada lima strain ikan mas.
 Figure 3. The allele sizes and frequencies in each microsatellite locus of five strains of common carp.

ditemukannya beberapa *private allele* pada kelima *strain* ikan mas. Tingginya variasi alel antar *strain* maupun antar individu dalam *strain* ikan mas menunjukkan bahwa tingkat polimorfisme marka mikrosatelit yang digunakan pada penelitian ini relatif tinggi.

Jumlah rata-rata alel setiap *strain* ikan mas dalam penelitian ini berbeda-beda, berkisar antara 5,8 pada *strain* Majalaya hingga 8,8 pada *strain* Wildan (Tabel 2). Rata-rata jumlah alel ini relatif sama jika dibandingkan dengan rata-rata jumlah alel yang teridentifikasi pada populasi ikan mas di Asia dan Eropa (Kohlmann *et al.*, 2005), Bangladesh (Mondol *et al.*, 2006), dan Vietnam (Thai *et al.*, 2007). Frekuensi rata-rata alel pada *strain* Rajadanu sama dengan *strain* Sinyonya, mengindikasikan bahwa kedua *strain* tersebut mempunyai struktur genotipe yang relatif sama, tetapi berbeda dengan tiga *strain* lainnya. Tingkat keragaman genetik kelima *strain* ikan mas ditunjukkan dengan nilai diversitas gen dan heterozigositas. Dalam analisis ini, nilai diversitas gen sama dengan nilai heterozigositas harapan (*expected heterozygosity/He*) sedangkan nilai heterozigositas adalah nilai heterozigositas teramati (*observed heterozygosity/Ho*) (Nei, 1987). *Strain* Wildan mempunyai nilai heterozigositas (*Ho*) rata-rata paling tinggi sebesar 0,20 (Tabel 2). Hasil ini mengindikasikan bahwa *strain* Wildan merupakan populasi plasma nutfah dengan tingkat keragaman genetik paling lebar. Namun demikian, nilai rata-rata diversitas gen (*He*) *strain* Wildan lebih tinggi dibanding nilai heterozigositasnya (*Ho*). Kondisi yang sama juga terjadi pada semua *strain* ikan mas dalam penelitian ini, di mana nilai diversitas gen (*He*) lebih tinggi di atas nilai rata-rata heterozigositas (*Ho*). Hasil ini menunjukkan terjadinya defisit heterozigositas pada semua populasi ikan mas hasil koleksi. Dijelaskan oleh Syahputra *et al.* (2016) bahwa defisit heterozigositas pada suatu populasi disebabkan oleh adanya keadaan homozigot berlebihan (*excess of homozygote*). Munculnya keadaan homozigot berlebihan dapat disebabkan oleh fenomena *null alleles*, *inbreeding*, *assortative mating*, aktivitas seleksi, dan kombinasi dari beberapa faktor tersebut (Garcia de Leon *et al.*, 1997). Homozigot berlebihan yang mengakibatkan rendahnya tingkat keragaman genetik ikan mas dalam penelitian ini diduga disebabkan aktivitas seleksi maupun fenomena *inbreeding*. Sebagai contoh, *strain* Rajadanu yang digunakan dalam penelitian ini adalah populasi yang telah mengalami seleksi selama tiga generasi di Balai Riset Pemuliaan Ikan, Sukamandi (Syahputra *et al.*, 2015). Diduga aktivitas seleksi tersebut telah mengakibatkan hilangnya beberapa alel sehingga meningkatkan frekuensi alel-alel tertentu yang secara bersamaan menurunkan tingkat heterozigositasnya. Fenomena *inbreeding* pada *strain-strain* ikan mas

didukung oleh analisis keseimbangan Hardy-Weinberg yang menunjukkan bahwa semua *strain* ikan mas tidak berada dalam kesimbangan ($P < 0,05$) yang baik.

Berdasarkan hasil analisis polimorfisme dan heterozigositas di atas, kelima *strain* ikan mas dalam penelitian ini merupakan populasi dengan tingkat homozigositas dan tingkat polimorfisme yang tinggi (homozigot heterogen). Dalam konteks ilmu pemuliaan, populasi dengan karakteristik tersebut baik untuk digunakan dalam kegiatan hibridisasi karena akan memunculkan sifat heterosis yang baik pada keturunannya. Pada kegiatan seleksi, populasi-populasi dengan karakteristik tersebut akan menjadi efektif jika digabungkan dalam sebuah populasi sintetis, yaitu populasi yang merupakan kombinasi dari beberapa sumberdaya genetik. Populasi sintetis umumnya mempunyai tipe yang heterozigot heterogen.

Berdasarkan hasil analisis pada Tabel 2, selanjutnya dihitung jarak genetik antar *strain* ikan mas. Jarak genetik antar *strain* ikan mas berkisar antara 0,420 yaitu antara *strain* Rajadanu dengan Sinyonya hingga 0,582 yaitu antara *strain* Majalaya dengan Sutisna (Tabel 3). Hasil penelitian ini senada dengan hasil penelitian Ariyanto *et al.* (2003) yang menunjukkan bahwa *strain* Majalaya mempunyai keragaman genotipe yang berbeda dari tiga *strain* ikan mas lainnya, yaitu *strain* Rajadanu, Sutisna, dan Wildan dengan jarak genetik sebesar 0,018. Pada penelitian ini, penggunaan metode yang lebih teliti mampu menunjukkan perbedaan keragaman genotipe dan jarak genetik antara *strain* Rajadanu, Sutisna, dan Wildan dengan *strain* Majalaya, masing-masing sebesar 0,512; 0,582; dan 0,557 (Tabel 3).

Berdasarkan analisis jarak genetik pada Tabel 3 selanjutnya dibuat hubungan filogenetik antar *strain* ikan mas hasil koleksi (Gambar 4). Berdasarkan analisis filogenetik pada Gambar 4, *strain* Majalaya secara sendiri terpisah dari keempat *strain* lainnya, senada dengan hasil analisis gerombol berdasarkan bentuk tubuh (Gambar 2). Hasil ini juga sesuai dengan penelitian Ariyanto *et al.* (2003) yang menunjukkan bahwa *strain* Majalaya terpisah dengan *strain* Rajadanu, Sutisna, dan Wildan. Pengelompokan keempat *strain* lainnya dalam penelitian ini menempatkan *strain* Wildan terpisah dari *strain* Sutisna, Rajadanu, dan Sinyonya. Hasil analisis genotipe ini sedikit berbeda dengan analisis morfologi yang menempatkan *strain* Rajadanu terpisah dari ketiga *strain* lainnya (Wildan, Sutisna, dan Sinyonya). Perbedaan hasil analisis ini diduga karena adanya faktor lingkungan yang memengaruhi keragaman fenotipe ikan mas. Selain itu, lima macam lokus mikrosatelit yang digunakan dalam analisis keragaman genotipe ini bukan merupakan marka spesifik yang berhubungan dengan keragaman bentuk tubuh ikan mas.

Tabel 1. Skor, korelasi, dan proporsi keragaman yang dapat dijelaskan oleh tiga komponen utama pertama menggunakan 21 karakter truss morfometrik pada lima strain ikan mas.

Table 1. Scores, correlation, and variation explained by the first three principal component using 21 truss morphometric characters in five strains of common carp.

Kode truss Truss code	Deskripsi karakter truss Truss characters description	Jantan Male			Betina Female			Kombinasi jantan dan betina Combine of male and female		
		PC1	PC2	PC3	PC1	PC2	PC3	PC1	PC2	PC3
		PC1	PC2	PC3	PC1	PC2	PC3	PC1	PC2	PC3
A1	Pangkal rahang bawah-bawah dasar sirip dada (Posterior point of maxillary-origen lower of pelvic fin)	0.22	0.34	0.71*	0.16	-0.61	0.00	0.17	-0.47	0.38
A2	Pangkal rahang bawah-ujung mulut atas (Posterior point of maxillary-origen of upper head)	0.18	-0.59	0.38	0.43	-0.25	-0.10	0.32	-0.52	-0.28
A3	Ujung mulut atas-pangkal atas kepala (Anterior tip at upper jaw-origen of upper head)	0.65	-0.60	0.13	0.70*	-0.51	0.01	0.70*	-0.46	-0.21
A4	Pangkal atas kepala bawah dasar sirip dada (Origin of upper head-origen lower of pelvic fin)	0.83	-0.24	0.34	0.84*	-0.40	0.10	0.84*	-0.37	0.37
A5	Ujung mulut atas-bawah dasar sirip dada (Anterior tip at upper jaw-origen lower of pelvic fin)	0.22	-0.04	0.80*	0.28	-0.81	0.05	0.24	-0.71	0.35
A6	Pangkal rahang bawah-pangkal atas kepala (Posterior point of maxillary-origen of upper head)	0.80*	-0.44	0.12	0.77*	-0.45	0.03	0.80*	-0.38	-0.10
B1	Bawah dasar sirip dada-dasar sirip perut (Origin lower of pelvic fin-origen of abdominal fin)	0.43	-0.34	-0.67	0.40	0.68*	-0.06	0.43	0.47	-0.56
B2	Pangkal atas kepala-ujung depan dasar sirip punggung (Origin of upper head-origen of dorsal fin)	0.05	0.26	-0.16	0.03	0.23	-0.30	0.02	0.17	-0.09
B3	Pangkal depan dasar sirip punggung-dasar sirip perut (Origin of dorsal fin-origen of abdominal fin)	0.90*	-0.07	-0.08	0.88*	0.22	0.06	0.89*	0.14	-0.04
B4	Pangkal atas kepala-dasar sirip perut (Origin of upper head-origen of abdominal fin)	0.80*	-0.10	-0.11	0.77*	0.24	-0.05	0.79*	0.12	-0.16
B5	Pangkal depan dasar sirip punggung-bawah dasar sirip dada (Origin of dorsal fin-origen lower of pelvic fin)	0.81*	-0.19	-0.24	0.81*	0.17	-0.06	0.81*	0.10	-0.24
Badan	C1 Dasar sirip perut-ujung belakang dasar sirip dubur (Origin of abdominal fin-posterior of anal fin)	0.44	0.60*	-0.31	0.04	0.15	-0.04	0.19	0.41	0.17
Body	Pangkal depan dasar sirip punggung-ujung belakang dasar sirip punggung	0.40	0.40	0.13	0.27	0.19	-0.48	0.33	0.21	0.38
	Origin of dorsal fin-posterior of dorsal fin									
	Ujung belakang dasar sirip punggung-ujung belakang dasar sirip dubur	0.38	-0.11	-0.27	0.70*	0.22	0.29	0.46	0.16	-0.20
C3	Posterior of dorsal fin-posterior of anal fin									
C4	Pangkal depan dasar sirip punggung-ujung belakang dasar sirip dubur (Origin of dorsal fin-posterior of anal fin)	0.74*	0.26	0.21	0.58*	0.19	-0.37	0.56*	0.11	0.28
C5	Dasar sirip perut-ujung belakang dasar sirip punggung (Origin of abdominal fin-posterior of dorsal fin)	0.74*	0.36	-0.34	0.62*	0.27	0.01	0.57*	0.43	0.10
D1	Pangkal belakang dasar sirip dubur-pangkal bawah sirip ekor (Posterior of anal fin-origen of lower caudal fin)	0.17	0.66	0.15	-0.20	-0.08	0.61	-0.02	0.20	0.67*
Batang	D2 Ujung belakang dasar sirip punggung-pangkal atas sirip ekor (Posterior of dorsal fin-origen of upper caudal fin)	-0.14	0.33	0.04	-0.40	0.15	0.51	-0.28	0.20	0.21
ekor	D3 Pangkal atas sirip ekor-pangkal bawah sirip ekor (Origin of upper caudal fin-origen of lower caudal fin)	0.80*	0.07	0.01	0.72*	0.21	0.20	0.77*	0.17	0.15
Caudal	Ujung belakang dasar sirip punggung-pangkal bawah sirip ekor	0.44	0.45	-0.00	0.18	0.30	0.59	0.27	0.37	0.32
peduncle	Posterior of dorsal fin-origen of lower caudal fin									
D5	Ujung belakang dasar sirip dubur-pangkal atas sirip ekor (Posterior of anal fin-origen of upper caudal fin)	0.65	0.41	0.08	0.36	0.10	0.50	0.51	0.20	0.42
Proporsi ragam/Variation proportion (%)		33.7	14.1	11.2	30.5	13.1	8.8	31.0	11.9	10.0
Ragam kumulatif/Cummulative variation (%)		33.7	47.7	58.9	30.5	43.6	52.4	31.0	42.9	52.9

Keterangan: Angka yang dicetak tebal adalah nilai yang signifikan, nilainya lebih dari setengah PC yang bersangkutan (Velasco et al., 1996). Tanda asterik (*) menunjukkan nilai korelasi yang tinggi (>0.7) antara karakter truss dengan PC yang bersangkutan, mengindikasikan karakter-karakter yang spesifik membedakan bentuk tubuh antar strain ikan mas.

Notes: Bold printed values represent scores considered to be significant which absolute value is greater than a half maximum coefficient for relevant PC (Velasco et al., 1996). The asterisk (*) showed the high correlation (>0.7) between truss character with its PC, which indicated those characters were specific differentiate the body shape among strains of common carp.

Tabel 2. Hasil analisis mikrosatelit pada lima strain ikan mas
 Table 2. *Microsatellite analysis of five strains of common carp*

Lokus <i>Loci</i>	Parameter <i>Parameters</i>	Strain				
		Rajadanu	Sutisna	Majalaya	Wildan	Sinyonya
MFW-6	Jumlah sampel (<i>Sample number</i>)	10	10	7	10	10
	Panjang alel (<i>Size range of allele</i>)	109-154	135-166	109-152	117-169	135-168
	Jumlah alel (<i>Number of allele</i>)	7	7	5	7	6
	Frekuensi alel (<i>Allele frequency</i>)	0.40	0.30	0.29	0.20	0.30
	Diversitas gen* (<i>Gene diversity</i>)	0.77	0.82	0.78	0.84	0.80
	Heterozigositas** (<i>Heterozygosity</i>)	0.10	0.00	0.00	0.00	0.00
	Polimorfisme (<i>Polymorphism</i>)	0.73	0.80	0.74	0.82	0.77
	Nilai p Hardy-Weinberg <i>p value of Hardy-Weinberg</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
MFW-7	Jumlah sampel (<i>Sample number</i>)	10	10	7	10	10
	Panjang alel (<i>Size range of allele</i>)	58-226	199-238	199-235	199-266	221-241
	Jumlah alel (<i>Number of allele</i>)	5	9	6	7	5
	Frekuensi alel (<i>Allele frequency</i>)	0.30	0.20	0.29	0.30	0.30
	Diversitas gen (<i>Gene diversity</i>)	0.75	0.88	0.82	0.82	0.76
	Heterozigositas (<i>Heterozygosity</i>)	0.10	0.00	0.00	0.00	0.00
	Polimorfisme (<i>Polymorphism</i>)	0.70	0.87	0.79	0.80	0.72
	Nilai p Hardy-Weinberg <i>p value of Hardy-Weinberg</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
MFW-9	Jumlah sampel (<i>Sample number</i>)	10	10	7	10	10
	Panjang alel (<i>Size range of allele</i>)	89-140	89-184	92-184	89-273	89-184
	Jumlah alel (<i>Number of allele</i>)	7	8	4	7	8
	Frekuensi alel (<i>Allele frequency</i>)	0.30	0.20	0.43	0.20	0.20
	Diversitas gen (<i>Gene diversity</i>)	0.82	0.86	0.69	0.84	0.86
	Heterozigositas (<i>Heterozygosity</i>)	0.00	0.00	0.00	0.10	0.00
	Polimorfisme (<i>Polymorphism</i>)	0.80	0.84	0.64	0.81	0.84
	Nilai p Hardy-Weinberg <i>p value of Hardy-Weinberg</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
MFW-13	Jumlah sampel (<i>Sample number</i>)	10	10	7	10	10
	Panjang alel (<i>Size range of allele</i>)	160-197	77-208	161-210	90-209	160-198
	Jumlah alel (<i>Number of allele</i>)	4	9	7	12	6
	Frekuensi alel (<i>Allele frequency</i>)	0.45	0.25	0.50	0.20	0.45
	Diversitas gen (<i>Gene diversity</i>)	0.68	0.86	0.70	0.88	0.73
	Heterozigositas (<i>Heterozygosity</i>)	0.30	0.30	0.43	0.50	0.30
	Polimorfisme (<i>Polymorphism</i>)	0.62	0.84	0.68	0.87	0.70
	Nilai p Hardy-Weinberg <i>p value of Hardy-Weinberg</i>	0.00	0.00	0.01	0.00	0.01
MFW-16	Jumlah sampel (<i>Sample number</i>)	10	10	7	10	10
	Panjang alel (<i>Size range of allele</i>)	158-240	104-192	138-188	133-197	146-190
	Jumlah alel (<i>Number of allele</i>)	7	9	7	11	8
	Frekuensi alel (<i>Allele frequency</i>)	0.20	0.20	0.29	0.20	0.40
	Diversitas gen (<i>Gene diversity</i>)	0.84	0.87	0.82	0.89	0.77
	Heterozigositas (<i>Heterozygosity</i>)	0.00	0.10	0.29	0.40	0.20
	Polimorfisme (<i>Polymorphism</i>)	0.82	0.85	0.79	0.88	0.75
	Nilai p Hardy-Weinberg <i>p value of Hardy-Weinberg</i>	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00

Tabel 2. Lanjutan
Table 2. Continued

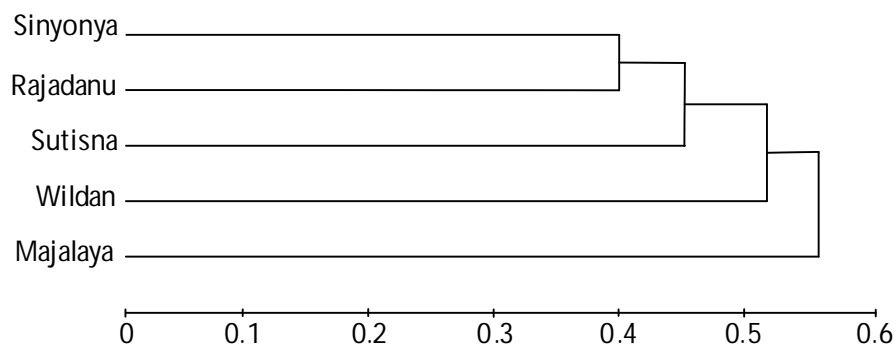
Lokus Loci	Parameter Parameters	Strain				
		Rajadanu	Sutisna	Majalaya	Wildan	Sinyonya
Rata-rata Mean	Jumlah alel (<i>Number of allele</i>)	6.00	8.40	5.80	8.80	6.60
	Frekuensi alel (<i>Allele frequency</i>)	0.33	0.23	0.36	0.22	0.33
	Diversitas gen (<i>Gene diversity</i>)	0.77	0.86	0.76	0.85	0.78
	Heterozigositas (<i>Heterozygosity</i>)	0.10	0.08	0.14	0.20	0.10
	Polimorfisme (<i>Polymorphism</i>)	0.74	0.84	0.73	0.84	0.76

Keterangan (Note): *Diversitas gen= heterozigositas harapan (He). **Heterozigositas= heterozigositas teramati (Ho) (Nei, 1987).

Tabel 3. Jarak genetik antar lima strain ikan mas hasil koleksi berdasarkan analisis mikrosatelit

Table 3. Genetic distance among five strains of common carp based on microsatellite analysis

Strain	Majalaya	Rajadanu	Sinyonya	Sutisna	Wildan
Majalaya	***				
Rajadanu	0.512	***			
Sinyonya	0.538	0.420	***		
Sutisna	0.582	0.489	0.452	***	
Wildan	0.557	0.513	0.541	0.510	***



Gambar 4. Dendrogram jarak genetik antar lima strain ikan mas berdasarkan hasil analisis mikrosatelit menggunakan lima lokus pada Tabel 2.

Figure 4. Dendrogram of the genetic distance among five strains of common carp based on microsatellite analysis.

KESIMPULAN DAN SARAN

Keragaman fenotipe lima strain ikan mas di Jawa Barat dan Banten sesuai dengan keragaman genotipenya. Secara umum, keragaman genotipe strain-strain tersebut relatif rendah, dengan nilai heterozigositas kurang dari 0,20. Namun demikian, tingkat polimorfisme kelima strain ikan mas tersebut

relatif tinggi, berkisar antara 0,73-0,84 dan jarak genetik antar strain yang relatif jauh, berkisar antara 0,420 (Rajadanu dengan Sinyonya) hingga 0,582 (Majalaya dengan Sutisna).

Pemuliaan ikan mas dapat dilakukan melalui program hibridisasi karena jarak genetik yang relatif jauh antar strain. Pada kegiatan jangka panjang, pemuliaan

ikan mas dapat dilakukan melalui program seleksi yang diawali dengan pembentukan populasi sintetis sebagai populasi dasar bahan seleksi.

UCAPAN TERIMA KASIH

Penelitian ini dibiaya oleh APBN melalui DIPA No. 032.11.2.660052/2016 di Balai Riset Pemuliaan Ikan, Sukamandi tahun 2016. Penulis menyampaikan terima kasih kepada teknisi lapangan dan laboratorium, serta kepada Dewan Redaksi Jurnal Riset Akuakultur dalam perbaikan makalah ini.

DAFTAR ACUAN

- Ariyanto, D., Nugroho, E., & Subagyo. (2003). Karakterisasi biokimia enzimatis 4 strain ikan mas: Majalaya, Rajadanu, Wildan dan Sutisna. *Jurnal Penelitian Perikanan Indonesia*, 9(4), 1-6.
- Edge, T.A., McAllister, D.E., & Qadri, S.U. (1991). Meristic and morphometric variation between the endangered Acadian whitefish, *Coregonus hutsmani* and the lake whitefish, *Coregonus clupeaformis*, in the Canadian maritime provinces and the State of Maine, USA. *Can. J. Fish. Aquat. Sci.*, 48(11), 2140-2151.
- Garcia de Leon, F.J., Chikhi, L., & Bonhomme, F. (1997). Microsatellite polymorphism and population subdivision in natural population of European sea bass (*Dicentrarchus labrax* Linnaeus 1758). *Molecular Ecology*, 6(1), 51-62.
- Hardjamulia, A., Asih, S., Supriyadi, H., & Muharam, B. (1996). Karakterisasi morfologis dan evaluasi beberapa plasma nutfah ikan mas (*Cyprinus carpio*). *Bulletin Plasma Nutfah*, 11(1), 24-28.
- Herbinger, C.M., Doyle, R.W., Pitman, E.R., Paquet, D., Mesa, K.A., Morris, D.B., Wright, J.M., & Cook, D. (1995). DNA fingerprint-based analysis of paternal and maternal effect on offspring growth and survival on communally reared rainbow trout. *Aquaculture*, 137, 245-256.
- Hulak, M., Kaspar, V., Kohlmann, K., Coward, K., Tešitel, J., Rodina, M., Gela, D., Kocour, M., & Linhart, O. (2010). Microsatellite-based genetic diversity and differentiation of foreign common carp (*Cyprinus carpio*) strains farmed in the Czech Republic. *Aquaculture*, 298, 194-201.
- Imron, Subagyo, & Arifin, O.Z. (2000). Keragaman *truss* morfometrik 4 strain ikan mas: Majalaya, Rajadanu, Wildan, dan Sutisna. *Prosiding Penelitian Perikanan 1999*. Puslitbang Perikanan. Departemen Kelautan dan Perikanan, hlm. 188-197.
- Jayasankar, P., Thomas, P.C., Paulton, M.P., & Mathew, J. (2004). Morphometric and genetic analyzes of Indian mackerel (*Rastrelliger kanagurta*) from Peninsular India. *Asian Fisheries Science*, 17, 201-215.
- Kohlmann, K., Kersten, P.T., & Flajshans, M. (2005). Microsatellite-based genetic variability and differentiation of domesticated, wild and feral common carp (*Cyprinus carpio* L.) populations. *Aquaculture*, 247, 253-266.
- Matricia, T. (1990). *Morphological and growth variability among common carp population in different geographical areas in Indonesia*. M.Sc. Thesis. Dalhousie Univ., Halifax, NS, Canada, 153 pp.
- Mondol, K.R., Islam, S., & Alam, S. (2006). Characterization of different strains of common carp (*Cyprinus carpio* L.) (Cyprinidae, Cypriniformes) in Bangladesh using microsatellite DNA markers. *Genetics and Molecular Biology*, 29(4), 626-633.
- Nei, M. (1987). Genetic distance and molecular phylogeny. In Ryman & Utter, F. (Eds). *Populations Genetics and Fishery Management*. Seattle, WA: University of Washington Press, p. 193-223.
- Ninh, N.H., Ponzoni, R.W., Nguyen, N.H., Woolliams, J.A., Taggart, J.B., McAndrew, B.J., & Penman, D.J. (2011). A comparison of communal and separate rearing of families in selective breeding of common carp (*Cyprinus carpio*): Estimation of genetic parameters. *Aquaculture*, 322-323, 39-46.
- Nugroho, E., Wahyudi, N.A., & Sudarto. (1991). Penentuan jenis kelamin ikan mas dengan membandingkan bentuk tubuh melalui teknik "truss morphometrics". *Bulletin Penelitian Perikanan Darat*, 10(1), 23-29.
- Romana-Eguia, M.R.R., Ikeda, M., Basiao, Z.U., & Taniguchi, N. (2004). Genetic diversity in farmed Asian Nile and red hybrid tilapia stocks evaluated from microsatellite and mitochondrial DNA analysis. *Aquaculture*, 236, 131-150.
- Rukmono, D. (2005). Kebijakan pengelolaan kesehatan ikan direktorat kesehatan ikan dan lingkungan. Dalam Supriyadi, H., & Priono, B. (Eds.). *Strategi Pengelolaan dan Pengendalian Penyakit KHV*. Jakarta: Pusat Riset Perikanan Budidaya, hlm. 1-6.
- Strauss, R.E. & Bond, C.E. (1990). Taxonomic methods: Morphology. *Methods for Fish Biology*. American Fisheries Society, Bethesda, Maryland, USA, p. 109-140.
- Subagyo, Muharom, B., Arifin, O.Z., & Asih, S. (2000). Perbaikan mutu benih ikan mas melalui pendekatan genetik, nutrisi, dan lingkungan. Laporan Balai Penelitian Perikanan Air Tawar. T.A. 1999/2000, 15 hlm.
- Swain, D.P., Riddell, B.E., & Murray, C.B. (1991). Morphological differences between hatchery and wild

- populations of Coho salmon, *Oncorhynchus kisutch*: environmental versus genetic origin. *Can. J. Fish. Aquat. Sci.*, 48(9), 1783-1791.
- Syahputra, K., Ariyanto, D., & Hayuningtyas, E.P. (2016). Keragaman genetik ikan mas (*Cyprinus carpio*) varietas Rajadanu tahan *Koi Herpesvirus* generasi F-0 dan F-1 menggunakan tiga lokus mikrosatelit. *Jurnal Riset Akuakultur*, 11(1), 59-66.
- Takezaki, N., & Nei, M. (1996). Genetic distance and reconstruction of phylogenetic trees from microsatellite DNA. *Genet.*, 144, 389-399.
- Thai, B.T., BurrIDGE, C.P., & Austin, C.M. (2007). Genetic diversity of common carp (*Cyprinus carpio* L.) in Vietnam using four microsatellite loci. *Aquaculture*, 269, 174-186.
- Velasco, R.R., Pante, M.J.R., Macaranas, J.M., Janagap, C.C., & Eknath, A.E. (1996). Truss morphometric characterization of eight strain of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*). In Pullin, R.S.V., Lazard, J., Legendre, M., Kothias, J.B.A., & Pauly, D. (Eds.). *The 3rd International Symposium on Tilapia in Aquaculture*. ICLARM Conf. Proc., 41, 415-425.
- Wang, C. & Li, S. (2007). Genetic effects and genotype x environment interactions for growth-related traits in common carp, *Cyprinus carpio* L. *Aquaculture*, 272, 267-272.
- Yue, G.H., Ho, M.Y., Orban, L., & Komen, J. (2004). Microsatellites within genes and ESTs of common carp and their applicability in silver crucian carp. *Aquaculture*. 234, 85-98.