

Full Paper**ANALISIS KERAGAMAN MORFOMETRIK DAN GENETIK PADA STRAIN IKAN MAS (*Cyprinus carpio*)****ANALYSIS OF MORPHOMETRIC AND GENETIC VARIABILITY STRAINS WITHIN COMMON CARP (*Cyprinus carpio*)**Didik Ariyanto^{*)} dan Imron^{*)}**Abstract**

The aim of this research was to identify the morphological and genetical variability in four strains of common carp (*Cyprinus carpio*) i.e. Majalaya, Rajadanu, Wildan and Sutisna. The study was conducted by analysis of truss morphometric and electrophoresis. Principal Component Analysis (PCA) was conducted to explore the patterns of body shape variability and the grouping among strains. The Degree of polymorphism, heterozygosity and genetic distance were used to identify the structure of populations. The results showed that the truss morphometric on head and caudal peduncle were the most contribute cells to distinguish the variability among strains. Based on genetic parameters analysis, strain of Rajadanu, Sutisna and Wildan were originaly coming from one strain with genetic distance about 0.0018 to Majalaya strain. Body shape similarity of Wildan and Majalaya strains was more influenced by their environment.

Key words : Truss morphometric, genetic, Common Carp**Pengantar**

Salah satu masalah yang dihadapi pada budidaya ikan mas (*Cyprinus carpio*) saat ini adalah indikasi menurunnya kualitas genetik. Hal ini ditandai oleh menurunnya pertumbuhan, peningkatan jumlah kematian dan matang kelamin dini. Upaya perbaikan mutu genetik ikan mas telah dilakukan oleh Balai Penelitian Perikanan Air Tawar, Bogor dengan mengkoleksi 20 galur ikan mas yang terpisah secara geografis dari pulau Jawa, Sumatera dan Bali. Evaluasi sifat reproduksi oleh Nugroho dan Wahyudi (1991) dan Hardjamulia, *et al.* (1996) menunjukkan bahwa beberapa galur ikan mas antara lain Rajadanu, Wildan, dan Sutisna berpotensi untuk dikembangkan. Selain itu ikan mas galur Majalaya mempunyai prospek yang baik untuk

dikembangkan karena telah cukup luas digunakan oleh masyarakat (Hardjamulia *et al.*, 1996). Keempat galur tersebut kemudian dijadikan populasi sintetik dalam rangka pembentukan ikan mas unggul.

Pemanfaatan keragaman genetik yang berupa galur-galur ikan mas untuk tujuan pemuliaan membutuhkan pengenalan karakteristik dari galur tersebut. Teknik karakterisasi yang paling mudah dilakukan adalah pengamatan secara morfologi. Salah satu teknik pengamatan morfologi yang dapat memberikan hasil dengan akurasi cukup tinggi adalah pengukuran *truss* morfometrik. Pengukuran karakter morfometrik menggunakan pola *truss network* (Strauss and Bookstein, 1982) memberikan gambaran bentuk tubuh

^{*)} Loka Riset Pemuliaan dan Teknologi Budidaya Perikanan Air Tawar. Jl. Raya No. 2 Sukamandi 41256.

^{*)} Penulis untuk korespondensi: E-mail: didik_ski@yahoo.com, loriskanwar@telkom.net.id

yang lebih menyeluruh. Metoda ini menghasilkan karakterisasi geometrik bentuk tubuh ikan secara lebih sistematis dan menunjukkan peningkatan kemampuan dalam mengidentifikasi perbedaan-perbedaan bentuk tubuh ikan. Namun demikian, pengukuran morfologi untuk karakterisasi dalam rangka pemuliaan suatu jenis ikan mempunyai kelemahan. Hal ini disebabkan fenotip suatu jenis ikan ditentukan oleh genotip dan lingkungan tempat ikan tersebut berada (Tave, 1996). Oleh karena itu, untuk mendapatkan data yang lebih akurat, perlu dilakukan pengamatan genetik secara biokimiawi. Salah satu metode pengamatan genetik yang relatif mudah dilakukan untuk tujuan di atas adalah dengan metode elektroforesis enzim. Metode ini banyak digunakan dalam identifikasi struktur populasi dan strain dari berbagai jenis ikan seperti yang dilakukan Eknath *et. al* (1991) pada ikan tilapia (*Oreochromis niloticus*), Soewardi (1995) pada ikan gurame (*Osphronemus gouramy*) dan Taniguchi *et al.* (1990) pada ikan *threespine stickleback* (*Gasterosteus aculeatus*) di Jepang.

Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui karakter genetik dan kekerabatan 4 galur ikan mas melalui pendekatan morfologis dan genetik.

Bahan dan Metode

Empat galur ikan mas, yaitu galur Majalaya, Rajadanu, Sutisna dan Wildan digunakan sebagai sampel. Seluruh sampel untuk pengukuran *truss* morfometrik merupakan koleksi hidup milik Instalasi Penelitian Perikanan Air Tawar, Cijeruk, Bogor dan merupakan turunan ke-5 (F-5) dari koleksi proyek kerjasama dengan IDRC (*International Development Research Centre*) yang dikumpulkan pada 1987. Jumlah sampel ikan untuk pengukuran morfometrik sebanyak 50 ekor setiap galur dengan ukuran rata-rata 100 g/ekor, sedangkan sampel untuk pengamatan secara genetik digunakan turunan ke-6 (F-6) yang

berukuran rata-rata 10 g/ekor sebanyak 20 ekor setiap galur.

Pengamatan morfometrik

Pengukuran morfometrik dilakukan dengan metode *truss morphometric*. Sampel diletakkan di atas kertas tahan air dengan bagian kepala berada di sebelah kiri. Titik-titik patokan yang jelas, konsisten dan homolog dari satu sampel ke sampel lain dipilih di sekitar garis bentuk (*outline*) tubuh ikan. Sebanyak sepuluh buah titik patokan yang dipilih berdasarkan Talbott (1989) dalam Nugroho *et al.* (1991) yang membagi bentuk tubuh ikan menjadi 4 bidang (Gambar 1) dan menghasilkan 21 karakter *truss* (Tabel 1). Pengukuran jarak antara titik-titik patokan tersebut terdiri atas 4 garis sisi dan 2 garis diagonal pada setiap bidang dilakukan menggunakan mistar ukur dengan ketelitian 0,5 mm.

Pengamatan genetik

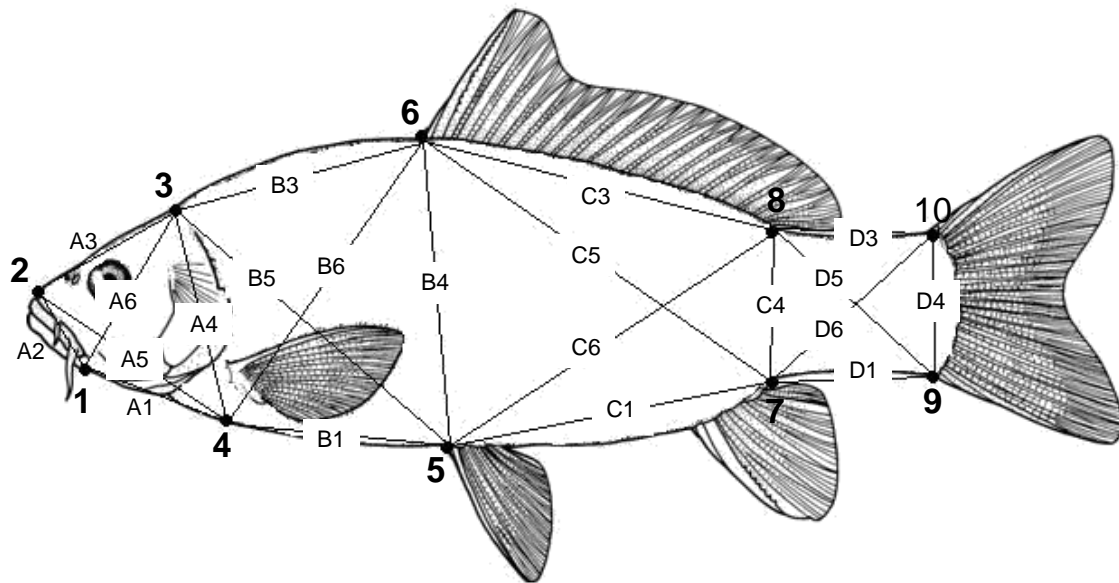
Pengujian genetik dilakukan di Laboratorium Genetika dan Kesehatan Ikan Pasar Minggu menggunakan metode elektroforesis enzim. Prosedur elektroforesis enzim mengikuti Taniguchi dan Sugama (1990). Jaringan yang dipakai sebagai bahan ekstraksi adalah jaringan otot. Sebanyak 2-3 g jaringan otot dihomogenkan menggunakan *homogenizer* kemudian di-*sentrifuge* pada 10.000 rpm selama 5-10 menit. Kertas *whatman* yang sudah dipotong berbentuk persegi panjang ukuran 0,5x1,0 cm dicelupkan dalam supernatan yang diperoleh selama 1 menit. Kertas *whatman* yang sudah menyerap supernatan selanjutnya diaplikasikan pada gel elektroforesis secara horisontal. Sebagai media elektroforesis digunakan gel yang dibuat dari suspensi tepung kentang (*potato starch gel*) dengan konsentrasi 12%, sedangkan sebagai larutan penyangga (*buffer*) digunakan *Triss citric acid* pH 6,3 (TC-6,3). *Running* dilakukan pada suhu $\pm 4^{\circ}\text{C}$, selama 3-4 jam dengan arus listrik sebesar 48 mA. Visualisasi pita hasil migrasi elektroforesis dilakukan dengan perwarnaan histokimia

dan pewarna protein umum (non spesifik). Enzim dan protein yang digunakan sebanyak 12 macam, yaitu *Lactate dehydrogenase (Ldh)*, *Superoxide dismutase (Sod)*, *Sorbitol dehydrogenase (Sdh)*, *Malate dehydrogenase (Mdh)*, *Isocitrate dehydrogenase (Idh)*, *Aspartate dehydrogenase (Adh)*, *Maleic enzym (Me)*, *Xantophil dehydrogenase (Xdh)*, *6-Phosphogluconate dehydrogenase (6-Pgd)*, *Glucose-6-Phosphate dehydrogenase (G-6-Pdh)*, *Protein total (Pt)* dan *β -Galactosidase (β -Gal)*. Selanjutnya gel diinkubasi pada suhu 50°C, hingga pita-pita migrasi protein hasil elektroforesis terlihat jelas. Fiksasi menggunakan larutan campuran antara asam *acetic glacial* 10% dan *glyserine* 10%. Penomoran lokus dan *allel* menggunakan sistem nomenklatur menurut Shaklee *et al.* (1990).

Analisis data

Identifikasi keragaman bentuk antar galur harus bebas dari bias yang disebabkan

oleh perbedaan ukuran. Dalam penelitian ini, upaya meminimalkan pengaruh keragaman ukuran mengikuti prosedur Edge *et al.* (1991). Analisis ragam *multivariate (manova)* digunakan sebagai analisis pendahuluan yang bertujuan untuk mendeteksi kemungkinan adanya fenomena seksual dimorfisme. Jika hasil analisis menunjukkan adanya fenomena tersebut, analisis komponen utama (*Principal Component Analysis/PCA*) yang bertujuan untuk mengidentifikasi pola keragaman antar galur (Strauss & Bond, 1990), dilakukan menggunakan data gabungan jantan dan betina. Sebaliknya, apabila terdapat perbedaan sentroid antara jantan dan betina pada sembarang galur, maka analisis PCA untuk perbandingan antar galur menggunakan data jantan dan betina secara terpisah. Analisis terhadap data gabungan dilakukan sebagai pembandingan. Analisis manova dan PCA dilakukan dengan program *Statistical Package for Social Science (SPSS)*.



Gambar 1. Lokasi 10 titik pada garis luar tubuh ikan mas untuk mendapatkan data *truss network*. (1) pangkal rahang bawah, (2) ujung mulut atas (3) bawah dasar sirip dada, (4) pangkal atas kepala, (5) dasar sirip perut, (6) pangkal depan dasar sirip punggung, (7) Ujung belakang dasar sirip dubur, (8) Ujung belakang dasar sirip punggung, (9) pangkal bawah sirip ekor, dan (10) pangkal atas sirip ekor.

Sedangkan untuk pengamatan genetik, parameter yang diamati berupa zimogram hasil elektroforesis enzim kemudian diinterpretasi menjadi data frekuensi alel. Selanjutnya data tersebut digunakan untuk menghitung beberapa parameter struktur genetika populasi yang meliputi (1) derajat polimorfisme yang merupakan

ukuran umum keragaman yang terdeteksi secara elektroforesis (2) heterozigositas rata-rata yaitu proporsi heterozigot yang teramati dirata-ratakan terhadap semua lokus yang diuji dan (3) jarak genetik yaitu ukuran yang menunjukkan perbedaan genetik antar populasi (Nei, 1972 *cit.* Takezaki & Nei, 1996).

Tabel 1. Deskripsi 21 karakter *truss* morphometrik untuk analisis keragaman antar galur

No	Bidang truss	Kode	Deskripsi jarak
1	Kepala	A1	Pangkal rahang bawah – bawah dasar sirip dada
2		A2	Pangkal rahang bawah – ujung mulut atas
3		A3	Ujung mulut atas – pangkal atas kepala
4		A4	Pangkal atas kepala – bawah dasar sirip dada
5		A5	Ujung mulut atas – bawah dasar sirip dada
6		A6	Pangkal rahang bawah – pangkal atas kepala
7	Tubuh depan	B1	Bawah dasar sirip dada – dasar sirip perut
8		B3	Pangkal atas kepala – ujung depan dasar sirip punggung
9		B4	Pangkal depan dasar sirip punggung – dasar sirip perut
10		B5	Pangkal atas kepala – dasar sirip perut
11		B6	Pangkal depan dasar sirip punggung – bawah dasar sirip dada
12		Tubuh belakang	C1
13	C3		Pangkal depan dasar sirip punggung – ujung belakang dasar sirip punggung
14	C4		Ujung belakang dasar sirip punggung – ujung belakang dasar sirip dubur
15	C5		Pangkal depan dasar sirip punggung – ujung belakang dasar sirip dubur
16	C6		Dasar sirip perut – ujung belakang dasar sirip punggung
17	Batang ekor		D1
18		D3	Ujung belakang dasar sirip punggung – pangkal atas sirip ekor
19		D4	Pangkal atas sirip ekor – pangkal bawah sirip ekor
20		D5	Ujung belakang dasar sirip punggung – pangkal bawah sirip ekor
21		D6	Ujung belakang dasar sirip dubur – pangkal atas sirip ekor

Hasil dan Pembahasan

Hasil analisis ragam *multivariate*(manova) mendapatkan nilai F sebesar 4,804 dan P tabel sebesar 0,000 pada populasi galur Rajadanu. Hal ini menunjukkan bahwa fenomena seksual dimorfismenya terlihat sangat nyata (P<0,01) pada ikan mas. Berdasarkan hasil analisis tersebut

selanjutnya analisis PCA menggunakan 21 jarak *truss* yang bertujuan untuk mengeksplorasi keragaman bentuk tubuh pada ke 4 galur ikan mas dilakukan secara terpisah antara populasi jantan dan betina. Hasil analisis PCA ke 4 galur ikan mas disajikan pada Tabel 2.

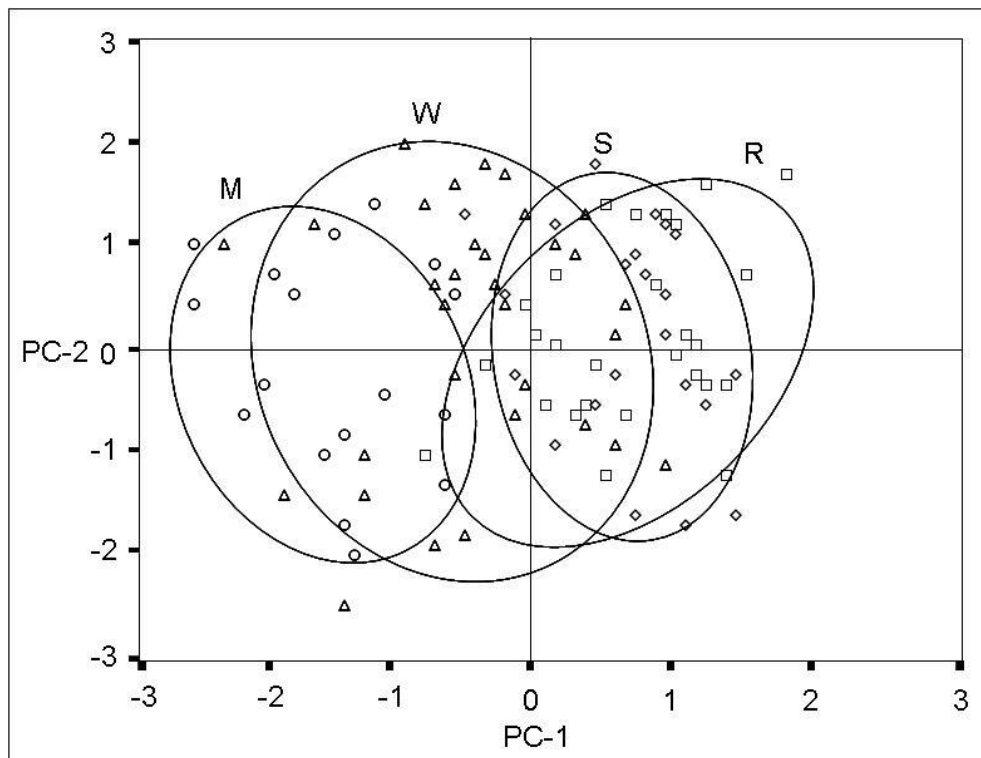
Tabel 2. Nilai, korelasi, akar ciri dan keragaman pada 4 PC pertama menggunakan 21 karakter *truss* morphometrik pada 4 galur ikan mas

Karakter <i>truss</i>	Jantan				Betina				Kombinasi jantan & betina			
	PC1	PC2	PC3	PC4	PC1	PC2	PC3	PC4	PC1	PC2	PC3	PC4
Kepala												
a1	0,03	0,13	0,00	0,03	0,27	-0,32	0,07	0,11	0,16	0,12	0,00	0,05
a2	0,06	0,15	0,04	-0,04	0,08	-0,01	0,16	0,05	0,09	0,18	-0,03	0,08
a3	0,14	0,06	-0,09	0,01	0,18	-0,06	0,03	-0,08	0,21	0,07	-0,24	0,07
a4	0,26*	-0,14	0,00	-0,05	0,21*	0,02	-0,09	-0,07	0,27*	-0,12	-0,04	-0,03
a5	0,18	-0,02	0,04	-0,10	0,27*	-0,11	-0,03	0,03	0,23 *	-0,02	0,08	-0,11
a6	0,27*	-0,10	-0,07	-0,10	0,21*	0,02	-0,06	-0,13	0,29 *	-0,07	-0,20	-0,01
Tubuh:												
B1	0,01	0,04	0,12	-0,07	-0,14	0,31*	0,05	-0,18	-0,06	0,07	-0,04	0,02
B3	0,03	-0,01	0,10	0,09	-0,12	0,03	0,02	0,35*	-0,16	-0,02	0,45*	-0,05
B4	0,19*	-0,11	-0,02	0,07	0,05	0,11	-0,04	0,12	0,08	-0,13	0,10	-0,04
B5	-0,10	0,05	0,27	0,02	0,05	0,10	-0,07	0,05	0,03	-0,02	0,17	0,07
B6	0,01	-0,05	0,27	-0,05	0,05	0,14	-0,07	0,11	-0,01	-0,08	0,29	-0,06
c1	-0,12	0,00	0,13	0,34	0,01	-0,19	-0,07	0,37	-0,09	-0,02	0,16	0,34
c3	-0,04	-0,13	0,03	0,37	-0,08	-0,02	0,00	0,01	0,04	-0,01	-0,24	0,54*
c4	0,09	0,05	0,09	-0,14	0,01	0,15	0,05	0,06	0,00	0,02	0,21	-0,16
c5	-0,12	-0,03	0,43*	0,00	-0,06	0,13	0,04	-0,12	-0,03	0,05	0,23	0,23
c6	-0,06	0,02	-0,13	0,43*	0,00	-0,05	-0,01	0,34*	-0,07	-0,05	0,00	0,20
Batang ekor												
D1	-0,07	0,30*	-0,07	0,01	-0,05	-0,09	0,35*	-0,01	-0,07	0,36*	-0,10	0,07
D3	-0,13	0,34*	0,08	-0,10	-0,03	0,02	0,33 *	-0,10	-0,05	0,35*	-0,03	-0,02
D4	0,25*	-0,02	-0,28	0,09	-0,07	0,24*	-0,02	-0,02	0,07	-0,06	-0,07	-0,07
D5	-0,11	0,25	0,17	-0,15	-0,05	0,13	0,23	-0,05	-0,10	0,21	0,24	-0,20
D6	-0,03	0,24	-0,23	0,16	-0,01	-0,01	0,21	0,19	-0,05	0,19	-0,10	-0,07
Akar ciri	4,74	3,18	2,48	2,32	4,60	3,69	2,67	2,27	4,45	3,54	2,73	1,91
Proporsi ragam (%)	22,54	15,14	11,80	11,03	21,87	17,56	12,71	10,79	21,19	12,98	12,07	9,09
Ragam kumulatif (%)	22,54	37,69	49,49	60,52	21,87	39,45	52,16	62,96	21,19	34,17	46,25	55,34

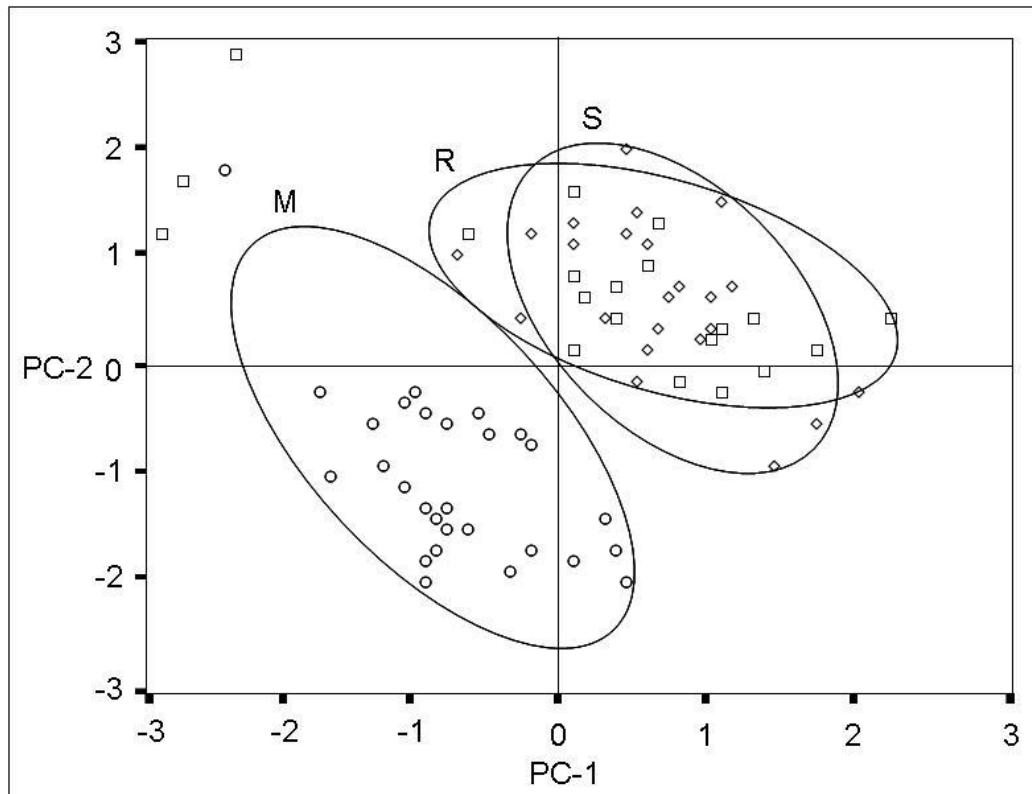
- Angka yang dicetak tebal adalah nilai yang signifikan, nilainya lebih dari setengah PC yang bersangkutan (Velasco, 1996).
- Tanda asterik (*) disamping angka menunjukkan nilai yang mempunyai korelasi tinggi (> 0,7) antara karakter tersebut dengan PC yang bersangkutan.

Berdasarkan nilai-nilai koefisien skor komponen (Tabel 2), keragaman bentuk antar galur pada jantan lebih banyak disebabkan oleh variasi bentuk kepala dan batang ekor. Sembilan dari 11 karakter *truss* pada kedua bidang tersebut umumnya memiliki nilai yang cukup besar pada komponen utama 1 dan 2. Pada betina, polanya sedikit berbeda. Karakter-karakter *truss* pada bagian kepala dan batang ekor tetap memiliki nilai-nilai yang besar tetapi letaknya masing-masing pada sumbu 1 dan 3. Selain itu variasi bentuk tubuh pada betina sedikit lebih tinggi dari pada jantan. Pada kombinasi antara jantan dan betina, nilai-nilai koefisien yang kuat tersebar merata pada bagian kepala, badan, dan batang ekor.

Diagram pencar skor individu-individu jantan pada komponen utama 1 dan 2 (Gambar 2) memperlihatkan adanya pola pemisahan antar galur. Berdasarkan karakter yang dominan membentuk sumbu komponen utama 1 yaitu A4, A6, D1, D4 dan D5 galur Majalaya sangat dekat dan menyerupai galur Wildan, tetapi dapat jelas dibedakan dari galur Rajadanu dan Sutisna. Pada karakter-karakter tersebut galur Majalaya memiliki nilai-nilai yang lebih kecil. Hal ini mengindikasikan bahwa galur Majalaya mempunyai hubungan kekerabatan yang cukup dekat dengan galur Wildan, sedangkan galur Rajadanu berkerabat lebih dekat dengan galur Sutisna.



Gambar 2. Diagram pencar komponen utama pada komponen utama 1 dan 2 pada populasi jantan menggunakan 21 jarak *truss*. Simbul O : Majalaya (M), Δ : Wildan (W), □ : Rajadanu (R) dan ◇ : Sutisna (S).

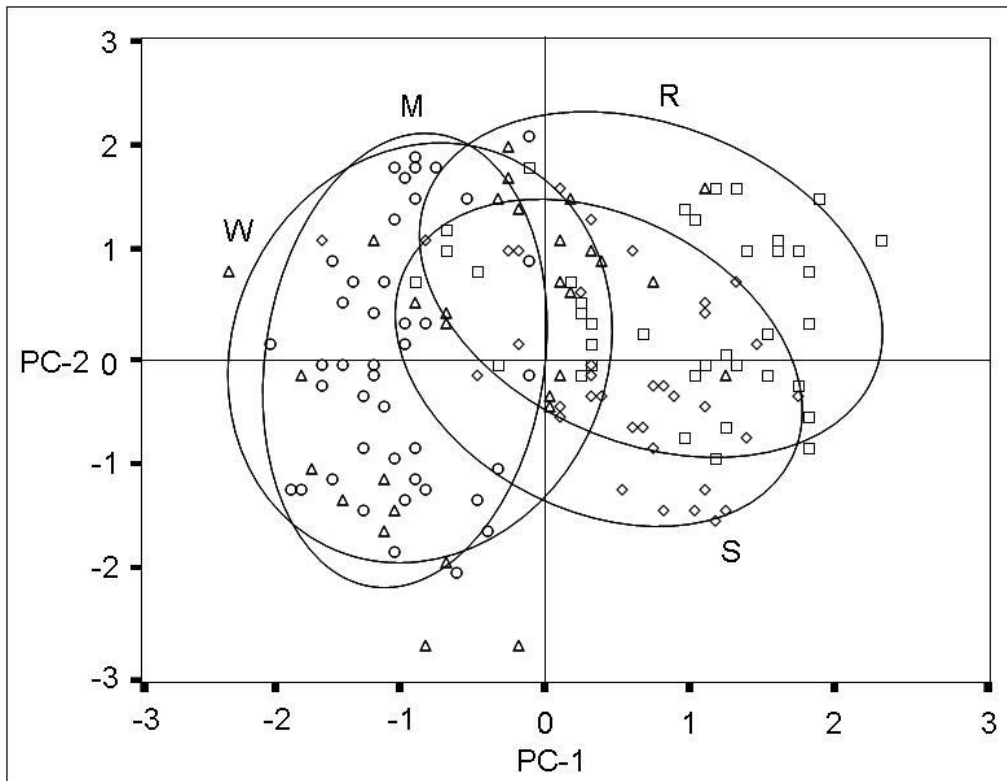


Gambar 3. Diagram pencar komponen utama pada komponen utama 1 dan 2 pada populasi betina menggunakan 21 jarak *truss*. Simbul O : Majalaya (M), Δ : Wildan (W), \square : Rajadanu (R) dan \diamond : Sutisna (S).

Diagram pencar skor individu betina pada komponen utama 1 dan 2 (Gambar 3) juga menunjukkan adanya pola pemisahan galur. Sekitar 87 % individu galur Majalaya terletak pada bidang negatif sumbu 1 dan 2, terpisah jelas dari galur Rajadanu dan Sutisna yang menyebar pada bidang positif sumbu 1 dan 2. Hasil analisis ini dengan jelas menunjukkan bahwa galur Rajadanu dan Sutisna mempunyai hubungan kekerabatan yang dekat dan secara tegas terpisah dari galur Majalaya. Galur Wildan tidak tampak pada diagram pencar karena jumlah sampel terlalu sedikit.

Diagram pencar skor individu pada kedua jenis kelamin, terutama pada komponen

utama 1 dan 2 memperlihatkan pola yang konsisten (Gambar 4). Galur Majalaya terletak dekat dengan galur Wildan sedangkan galur Rajadanu terletak dekat dengan galur Sutisna. Pemisahan yang jelas hanya terlihat antara galur Majalaya pada satu sisi dengan galur Rajadanu dan Sutisna pada sisi yang lain. Sebaran skor individu galur Majalaya dan Wildan saling tumpang tindih, demikian pula pada galur Rajadanu dan Sutisna. Hasil analisis ketiga ini mendukung kedua analisis sebelumnya dimana galur Rajadanu dan Sutisna mempunyai hubungan kekerabatan yang cukup dekat, sedangkan galur Majalaya diduga mempunyai hubungan kekerabatan yang lebih dekat dengan galur Wildan.



Gambar 4. Diagram pencar komponen utama pada komponen utama 1 dan 2 pada populasi gabungan menggunakan 21 jarak *truss*. Simbul O : Majalaya (M), Δ : Wildan (W), □ : Rajadanu (R) dan ◇ : Sutisna (S).

Hasil analisis elektroforesis menunjukkan bahwa 4 dari 12 enzim yang dicoba berhasil mengidentifikasi lokus-lokus pada ikan mas. Empat enzim tersebut adalah (1) *Lactate dehydrogenase* berhasil mengidentifikasi lokus Ldh-1 (polimorfik) dan Ldh-2 (monomorfik), (2) *Malate dehydrogenase* mengidentifikasi lokus Mdh-1 (polimorfik) dan Mdh-2 (monomorfik), (3) *Isocitrate dehydrogenase* yang mengidentifikasi lokus Idh-1 dan Idh-2 yang keduanya bersifat monomorfik dan (4) *Maleic enzyme* berhasil mengidentifikasi 1 buah lokus yaitu Me (monomorfik). Hasil analisis elektroforesis selengkapnya disajikan pada Tabel 3.

Berdasarkan Tabel 3 terlihat bahwa galur Majalaya mempunyai derajat polimorfisme dan heterozigositas lebih tinggi daripada galur Rajadanu, Wildan dan Sutisna. Hasil ini mengindikasikan bahwa

keragaman genetik galur Majalaya lebih tinggi dari pada ketiga galur yang lain. Namun demikian nilai keragaman genetik ke 4 galur ikan mas dalam penelitian ini sebesar 0,23 masih dalam kategori rendah karena kurang dari 0,25. Hal ini sesuai dengan keragaman fenotip ke 4 galur ikan mas tersebut yang hampir sama, yang mengindikasikan rendahnya nilai keragaman genetik. Dilihat dari segi jarak genetik (Tabel 4), galur Rajadanu, Wildan dan Sutisna mempunyai jarak genetik sebesar 0, sehingga kemungkinan besar ketiga galur tersebut berasal dan dikembangkan dari strain yang sama. Galur Majalaya mempunyai jarak genetik sebesar 0,00180 terhadap ketiga galur ikan mas yang lain. Hasil ini mengindikasikan bahwa galur Majalaya berasal dan dikembangkan dari strain yang berbeda, tetapi mempunyai hubungan kekerabatan yang tidak terlalu jauh. Hal ini ditunjukkan dengan kecilnya

Tabel 3. Frekuensi allel masing-masing lokus pada 4 galur ikan mas

No	Lokus	Allel	Populasi			
			Majalaya	Wildan	Rajadanu	Sutisna
1.	Ldh-1	105	0,05	0	0	0
		100	0,95	1	1	1
2.	Ldh-2	90	1	1	1	1
3.	Mdh-1	105	0,15	0	0	0
		100	0,85	1	1	1
4.	Mdh-2	80	1	1	1	1
5.	Me	105	0,03			
		100	0,88	tt	tt	tt
		95	0,1			
6.	ldh-1	100	tt	tt	1	tt
7.	ldh-2	90	tt	tt	1	tt
- Allel/lokus			1,8	1,0	1,0	1,0
- Heterosigositas			0,22	0	0	0

Keterangan : tt = tidak terdeteksi

jarak genetik antara galur Majalaya dengan ketiga galur yang lain. Selain itu juga dikuatkan dengan tumpang tindihnya hasil analisis pada diagram pencar berdasarkan pengukuran *truss* morfometrik (Gambar 4). Dugaan perbedaan strain asal galur Majalaya terhadap strain asal galur Rajadanu dan Sutisna ini mendukung hasil 3 analisis sebelumnya (Gambar 2, 3 dan 4). Adanya dugaan bahwa galur Majalaya dan galur Wildan berasal dari strain yang sama (analisis 2 dan 4) ternyata tidak terbukti. Hal ini sesuai dengan hasil analisis secara biokimiawi yang menunjukkan bahwa galur Wildan cenderung sama dengan galur Rajadanu dan Sutisna. Jadi adanya kemiripan secara morfologi antara galur Wildan dan Majalaya (Gambar 2

dan 4) diduga lebih banyak disebabkan oleh pengaruh lingkungan. Galur Majalaya banyak dikembangkan oleh petani ikan di daerah Majalaya (Bandung), sedangkan galur Wildan banyak dikembangkan oleh petani ikan di Cianjur yang berjarak tidak terlalu jauh dan mempunyai kondisi geografis yang relatif sama.

Tingginya tingkat kemiripan galur-galur ikan mas tersebut menunjukkan bahwa keragaman genetiknya rendah. Hasil ini sesuai dengan hasil penelitian Sumantadinata dan Taniguchi (1991) yang mendapatkan bahwa secara umum keragaman genetik galur-galur ikan mas di Indonesia relatif rendah.

Tabel 4. Jarak genetik antara 4 galur ikan mas.

	Galur			
	Majalaya	Wildan	Rajadanu	Sutisna
Majalaya	-	0,0018	0,0018	0,0018
Wildan		-	0	0
Rajadanu			-	0
Sutisna				-

Kesimpulan

1. Secara morfologis galur Majalaya mempunyai kemiripan dengan galur Wildan sedangkan galur Rajadanu mirip dengan Sutisna.
2. Secara biokimiawi galur Rajadanu, Wildan dan Sutisna berasal dari strain yang sama tetapi berbeda dengan galur Majalaya dengan jarak genetik 0,0018.
3. Kemiripan morfologis antara galur Majalaya dan Wildan lebih disebabkan oleh pengaruh lingkungan pemeliharaan yang relatif sama.

Ucapan Terima Kasih

Penelitian ini dibiayai oleh APBN melalui Proyek Penelitian Balai Penelitian Perikanan Air Tawar (Balitkanwar), Sukamandi tahun 2003-2004. Terima kasih sedalam-dalamnya disampaikan kepada semua peneliti dan teknisi yang membantu kelancaran dan selesainya kegiatan ini.

Daftar Pustaka

- Edge, T.A., D.E. McAllister, and S.U. Qadri. 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.
- Ekmath, A.E., J.M. Macaranas, L.Q. Agustin, R.R. Velasco, M.C.A. Ablan, M.J.R. Pante, R.S.V. Pullin. 1991. Biochemical and morphometric approaches to characterize farmed tilapias. *ICLARM Quarterly Report*, Manila. 14(2):7-9.
- Hardjamulia, A., S. Asih, H. Supriyadi, dan B. Muharam. 1996. Karakterisasi morfologis dan evaluasi beberapa plasma nutfah ikan mas (*Cyprinus carpio*). *Bulletin Plasma Nutfah*. II(1):24-28.
- Nugroho, E., N.A. Wahyudi dan Sudarto. 1991. Penentuan jenis kelamin ikan mas dengan membandingkan bentuk tubuh melalui tehnik "Truss Morphometrics" *Bulletin Penelitian Perikanan Darat*. 10(1):23-29.
- Nugroho, E. dan N.A. Wahyudi. 1991. Seleksi berbagai ras ikan mas koleksi dari berbagai daerah di Indonesia dengan menggunakan "skor Z". *Bulletin Penelitian Perikanan Darat*. 10(2):49-55.
- Shaklee, J.B., F.M. Allendorf, D.C. Marizot, and G.S. Whitt. 1990. Genetic nomenclature for protein-coding loci in fish. *Trans. Am. Fish. Soc.* 119: 2-15.
- Soewardi, K. 1995. Karakterisasi populasi ikan gurame (*Osphronemus gouramy*, Lacepede), dengan metode biokimia. *Jurnal Ilmu-Ilmu Perairan dan Perikanan Indonesia*, III(2):33-39.
- Strauss, R.E. and T.L. Bookstein. 1982. The truss: body form reconstruction in morphometric. *Syst. Zool.* 31:113-135.
- Strauss, R.E. and C.E. Bond 1990. Taxonomic methods: morphology. P. 109-140 *In*: C.B. Shreck and C.B. Moyle (eds). *Methods for fish biology* American Fisheries Society, Bethesda, Maryland, USA
- Sumantadinata, K. and N. Taniguchi, 1991. Comparison of electrophoretic allele frequencies and genetic

- variability of the common carp stocks from Indonesia and Japan. *In: Improvement of inland aquaculture. NODAI Center for International programs, Tokyo University of Agriculture.*
- Swain, D.P. and L.B. Holtby. 1989. Differences in morphology and behavior between juvenile coho salmon, *Oncorhynchus kisutch* rearing in a lake or in its tributary stream. *Can. J. Fish. Aquat. Sci.* 46(8):1406-1414.
- Swain, D.P., B.E. Riddell and C.B. Murray. 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.
- Takezaki, N. and M. Nei. 1996. Genetic distance and reconstruction of phylogenetic trees from microsatellite DNA. *Genet.* 144:389-399.
- Taniguchi, N. and Sugama, K. 1990. Genetic population and structure of red sea bream in the coastal waters of Japan in the East China sea. *Nippon Suisan Gakkaishi* 56:1069-1077.
- Taniguchi, N., Y. Honma and K. Kawamata. 1990. Genetic differentiation of freshwater and anadromous threespine sticklebacks (*Gasterosteus aculeatus*) from northern Japan. *Japan. J. Ich.* 37(3):230-237.
- Tave, D. 1996. Selective breeding programmes for medium-sized fish farms. *FAO Fish. Tech. Paper* 352. 122 p.
- Velasco, R.R., M.J.R. Pante, J.M. Macaranas, C.C. Janagap, and A.E. Eknath. 1996. Truss morphometric characterization of eight strain of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*). *In* R.S.V. Pullin, J. Lazard, M. Legendre, J.B. Amon Kothias and D. Pauly (eds). *The Third International Symposium on Tilapia in Aquaculture. ICLARM Conf. Proc.* 41. 415-425.
- Winans, G.A. 1984. Multivariate morphometric variability in Pacific salmon: Technical demonstration. *Can. J. Fish. Aquat. Sci.* 41:1150-1159.