



**Analisis keragaman genetik ikan Ringau (*Datnioides microlepis*) populasi Kalimantan Barat dan Sumatera Selatan menggunakan penanda RAPD (*Random Amplified Polymorphism DNA*)**

Genetic diversity analysis of Ringau (*Datnioides microlepis*) population West Borneo and South Sumatera with RAPD (*Random Amplified Polymorphism DNA*) marker  
**Zamroni, M<sup>1,2,\*</sup>, T.M. Setia<sup>1</sup>, B. Muslimin<sup>2</sup>, M.R. Fahmi<sup>3</sup>**

- <sup>1</sup> Magister Biologi, Sekolah Pascasarjana Universitas Nasional, Kampus Pasca Sarjana Menara UNAS  
Jl. Harsono RM No.1, Ragunan, Jakarta Selatan
  - <sup>2</sup> Pusat Riset Konservasi Sumber Daya Laut dan Perairan Darat, Badan Riset dan Inovasi Nasional  
Jl. Raya Cibinong, Km 47, Kab. Bogor, Jawa Barat
  - <sup>3</sup> Balai Riset Budidaya Ikan Hias, Kementerian Kelautan dan Perikanan  
Jl. Perikanan No 13, Pancoran Mas, Kota Depok, Jawa Barat
- \*Corresponding author: email: [mochammad.zamroni@brin.go.id](mailto:mochammad.zamroni@brin.go.id)

**Abstrak**

Ikan Ringau (*Datnioides microlepis*) merupakan ikan asli Indonesia yang terdapat di pulau Kalimantan dan Sumatera. Saat ini pemenuhan ikan ini hanya dapat mengandalkan hasil tangkapan alam. Hal ini berpotensi meningkatkan status kerentanannya. Tujuan dari penelitian ini adalah untuk mendapatkan informasi mengenai keragaman genetik ikan Ringau antar populasi Kalimantan Barat dan Sumatera Selatan dengan pendekatan penilaian variasi genetik antar populasi menggunakan *Random Amplified Polymorphic DNA* (RAPD). Primer yang digunakan dalam penelitian ini adalah OPZ 13, OPC 2, OPB 7, OPZ 5, dan OPH 12. Hasil penelitian menunjukkan nilai heterozigositas populasi Kalimantan Barat dan Sumatera Selatan adalah 0,2567 dan 0,2817. Sedangkan derajat polimorfisme adalah 66,67% dan 75%. Hasil uji perbandingan berpasangan Fst menunjukkan bahwa keragaman genetic antar populasi tidak berbeda nyata ( $p>0,05$ ) dengan nilai jarak genetik 0,1248. Kesimpulan dari penelitian ini adalah keragaman genetic Ikan Ringau (*D. microlepis.*) populasi Kalimantan Barat dan Sumatera Selatan berdasarkan persentase polimorfisme termasuk ke dalam keragaman yang tinggi (66,67% dan 75%) dengan nilai heterozigositas adalah 0,2567 dan 0,2817. Berdasarkan jarak genetik dan uji perbandingan Fst Ikan Ringau (*D. microlepis.*) tidak ada perbedaan yang nyata antar populasi.

**Kata Kunci:** polimorfisme, rapd, ringau, variasi genetik

**Abstract**

Ringau (*Datnioides microlepis*) is a fish native to Indonesia found on the Borneo and Sumatra. Currently, the fulfillment of this can only rely on natural catches. This has the potential to increase its vulnerability status. The purpose of this study was to obtain information on the genetic diversity of Ringau with the approach of assessing genetic variation between populations using *Random Amplified Polymorphic DNA* (RAPD). The primers used in this study were OPZ 13, OPC 2, OPB 7, OPZ 5, and OPH 12. The results showed that the heterozygosity values of the populations were 0.2567 and 0.2817. While the degree of polymorphism is 66.67% and 75%. The results of the Fst pairwise comparison test showed that the genetic diversity between populations was not significantly different ( $p>0.05$ ) with a genetic distance value of 0.1248. The conclusion of this study is that the genetic diversity of Ringau Fish (*D. microlepis.*) populations of West Kalimantan and South Sumatra based on the percentage of polymorphism is included in high diversity (66.67% and 75%) with heterozygosity values of 0.2567 and 0.2817. Based on genetic distance and Fst comparison test of Ringau Fish (*D. microlepis*) there is no significant difference between populations.

**Keywords:** genetic variation, polymorphism, rapd, ringau

## PENDAHULUAN

Ikan Ringau (*Datnioides microlepis*, Bleeker 1854) merupakan ikan asli Indonesia yang dapat ditemukan di pulau Kalimantan dan Sumatera (Kottelat & Widjanarti, 2005; Muflikhah & Dharyati, 2010; Zamroni *et al.*, 2015). Ikan ini merupakan spesies dari famili Datnioididae yang hidup diperairan tawar dari kelompok karnivora dan merupakan predator di habitatnya. Ikan ringau memiliki karakteristik yaitu badan pipih ke samping (*compressed*), memiliki bentuk mulut *protactile* yang runcing, tutup insang berjumlah 13-15 sisik yang berurutan, dan terdapat duri datar pada sudutnya. Sirip berduri agak kuat terutama sirip punggung; panjang duri sirip punggung lebih dari separuh panjang jari-jari lemah sirip punggung (Muflikhah & Dharyati, 2010).

Ditinjau dari tingkat kerentanan atau keterancamannya yang berdasarkan pada daftar merah IUCN (*Redlist IUCN*) Saat ini status kepunahan ikan Ringau (*D. microlepis*) telah diupdate dengan status LC (*least concern*) (Ahmad, 2020). Hal ini menunjukkan bahwa jenis ikan Ringau (*D. microlepis*) ini masih masuk ke dalam kategori aman dan belum terlalu diperhatikan atau *Least Concerned* (LC). Namun, tingginya permintaan pasar ikan ini dan pemenuhannya hanya dapat mengandalkan dari hasil tangkapan alam, maka berpotensi meningkatkan status kerentanannya. Berdasarkan data Badan Karantina Ikan dan Pengendalian Mutu, Kementerian Kelautan dan Perikanan Republik Indonesia (BKIPM-KKP) tercatat volume dan nilai ekspor ikan Ringau pada tahun 2019 adalah 2,6 juta ekor senilai Rp. 3,1 M, serta transaksi dalam negeri adalah 3,9 juta ekor senilai 5,1 M (Kusbiandary *et al.*, 2021). Aktifitas eksploitasi yang berlebihan serta penurunan daya dukung lingkungan akan semakin mengancam keberadaan ikan ini di alam. Sampai saat ini kegiatan pengembangan melalui program budidaya belum ada yang berhasil untuk semua genus *Datnioides* (Bastiar *et al.*, 2017). Kendala utama adalah berkaitan dengan pemijahan baik secara buatan dan alami diluar habitat aslinya. Hal ini menjadi sebuah tantangan kedepan untuk pengelolaan ikan Ringau secara berkelanjutan.

Ketersediaan informasi genetik merupakan salah satu informasi penting dalam menentukan model program pengelolaan ikan Ringau secara berkelanjutan. Saat ini, informasi genetik yang tersedia untuk ikan Ringau asal Indonesia sangat minim hanya terbatas pada kajian karakterisasi genom (Wang *et al.*, 2016) dan identifikasi spesies (Fahmi *et al.*, 2018). Salah satu informasi genetik yang diperlukan untuk mendukung upaya keberhasilan pengembangan konservasi dan budidaya ikan Ringau asal Indonesia adalah informasi tentang keragaman variasi genetik antar populasi.

Salah satu metode yang dapat dilakukan untuk melakukan penilaian variasi genetik antar populasi adalah dengan menggunakan *Random Amplified Polymorphic DNA* (RAPD). Penanda genetik dengan metode RAPD menggunakan primer tunggal dengan oligonukleotida pendek sebanyak 10 pasang basa sebagai primer yang akan berikatan dengan bagian komplemennya. Metode ini dapat mendeteksi polimorfisme DNA yang digunakan sebagai genetik marker untuk menentukan hubungan kekerabatan (Anggereini, 2008), menentukan struktur populasi pada spesies ikan yang bermigrasi (Hatanaka & Galetti, 2003), serta dapat membedakan geopopulasi dari spesies yang terisolasi secara geografis dan genetik (Fuchs *et al.*, 1998). Kelebihan dari metode RAPD ini adalah menggunakan primer tunggal yang dapat mengamplifikasi secara acak, dan sederhana (Hayuningtyas & Kadarini, 2016), selain itu juga prosesnya tergolong cepat dan murah dalam mendapatkan data molekuler (Beaumont & Hoare, 2003). Menurut Randriani & Tresniawati (2012) metode RAPD dapat dengan cepat, mudah dan lebih ekonomis dalam menggambarkan marka molekuler untuk menggambarkan keragaman genetik dibandingkan metode *Amplified Fragment Length Polymorphism* (AFLP) serta *Random Fragment Length Polymorphism* (RFLP). Penanda molekuler dengan metode RAPD banyak digunakan untuk melihat keragaman genetik beberapa populasi ikan diantaranya adalah ikan *Barbus* sp. di Brazil (Velkova-Jordanoska *et al.*, 2010); ikan Rainbow di Papua *Melanotaenia parva* (Hayuningtyas & Kadarini, 2016), dan *Melanotaenia ajamaruensis* (Hayuningtyas *et al.*, 2018); ikan *Chana striata* di Jawa, Sumatera dan Kalimantan Selatan (Gustiano *et al.*, 2013) serta ikan *Chana micropeltes* di Kalimantan Tengah (Muhajirah *et al.*, 2021).

Penelitian ini bertujuan untuk menggambarkan susunan DNA yang dianggap khas pada setiap individu ikan Ringau (*D. microlepis*) populasi Kalimantan Barat dan Sumatera Selatan. Susunan DNA ini perlu dilihat secara variasi antar individu dan variasi dalam satu populasi. Hasil dari penelitian keragaman genetik ikan Ringau (*D. microlepis*) populasi Kalimantan Barat dan Sumatera Selatan ini diharapkan sebagai informasi dasar dalam pengembangan kegiatan pengelolaan ikan Ringau secara berkelanjutan.

## BAHAN DAN METODE

### Ikan uji

Ikan uji yang digunakan dalam penelitian ini adalah ikan Ringau (*D. microlepis*) yang berasal dari populasi Kalimantan Barat dan Sumatera Selatan. Ikan Berjumlah 16 ekor. Dengan panjang standar 19,44-48,92 cm.

### Metode Pengumpulan Sampel

Pengambilan sampel dilakukan dengan purposive sampling dari lokasi di Taman Nasional Danau Sentarum, Kapuas Hulu, Kalimantan Barat dan Musi Rawas, Sumatera Selatan. Sampel diperoleh dengan menggunakan alat tangkap tradisional oleh nelayan (pancing). Ikan hasil tangkapan dalam kondisi hidup kemudian dibawa ke laboratorium penelitian di Balai Riset Budidaya Ikan Hias, Depok, Jawa Barat. Ikan kemudian diambil jaringannya dari sirip ekor (*caudal fin*). Jumlah ikan yang digunakan dalam penelitian ini adalah 16 ekor dari kedua populasi. Sampel kemudian diawetkan dalam larutan alkohol 96%.

### Isolasi dan Ekstraksi DNA

Isolasi dan ekstraksi DNA mengacu pada (Kusmini *et al.*, 2011) dimana sampel sirip ikan Ringau yang telah diambil dibilas 2 kali dengan menggunakan akuades, lalu dikeringkan dengan *tissue* dan kemudian ditimbang sebanyak 10-20 mg. Ekstraksi DNA mengacu pada prosedur Wizard® Genomic DNA Purification Kit dengan menggunakan Kit DNA Purification Promega. Sampel dimasukkan dalam tabung mikro 1,5 ml dan ditambahkan 20 µl Proteinase-K. Sampel kemudian divortex selama 15 detik dan diinkubasi pada suhu 65°C selama 45 menit. Sampel yang telah diinkubasi ditambahkan RNase 3 µl, divortex selama 15 detik dan diinkubasi selama 30 menit pada suhu ruang (37°C). Setelah itu sampel di spindown selama 15 detik. Sampel kemudian ditambahkan 200 µl Protein Precipitation Solution dan divortex kembali selama 15 detik. Selanjutnya, didinginkan dengan menggunakan es selama 5 menit. Sampel kemudian di sentrifuse 15.000 rpm selama 4 menit pada suhu 4°C. Supernatan pada sampel lalu dipindahkan ke tabung mikro yang baru berisi 600 µl isopropanol. Campurkan sampel dengan perlahan, kemudian dilakukan sentrifuse selama 1 menit pada 13.000 rpm. Kemudian buang supernatant dan tambahkan 600 µl etanol 70%. Campurkan dan sentrifuge Kembali selama 1 menit pada 13.000 rpm. Supernatan dibuang dan *pellet* dikering anginkan sampai etanol menguap dalam tabung mikro selama 15 menit. Kemudian rehidrasi DNA sampel dengan 100 µl DNA Rehydration solution selama 1 jam pada suhu 60°C dengan menggunakan water bath.

### Seleksi Primer

Tahapan seleksi primer dilakukan dengan mengacu pada (Hayuningtyas & Kadarini, 2016). Langkah pertama yaitu dengan melakukan amplifikasi PCR menggunakan dua sampel genom DNA pada setiap populasi (yang memiliki kualitas genom yang baik) terhadap 14 (empat belas) primer RAPD (Tabel 1) yang sudah dioptimasi suhu annealing-nya. Seleksi primer dilakukan dengan melihat fragment yang dihasilkan dari amplifikasi RAPD. Jika kemunculan fragment konsisten dan polimorfik pada kedua sampel yang digunakan, maka primer dapat digunakan ke tahap selanjutnya.

Tabel 1 Jenis primer RAPD yang digunakan dalam seleksi primer

No	Kode Primer	Urutan Basa (5'-3')	Panjang nukleutida	G+C (%)	Suhu Didih (°c)
1	OPB 10	CTGCTGGGAC	10 -mer	70	36,2
2	OPA 01	CAGGCCCTTC	10-mer	70	36,4
3	OPB 8	GTCCACACGG	10-mer	60	31,1
4	OPA 9	GGGTAACGCC	10-mer	70	37,4
5	OPC 5	GATGACCGCC	10-mer	70	37,6
6	OPB 7	GGTGACGCAG	10-mer	70	38,1
7	OPZ 13	GGGTCTCGGT	10-mer	70	38,0
8	OPB 14	TCCGCTCTGG	10-mer	70	38,8
9	OPG 16	AGCGTCCTCC	10-mer	70	38,8
10	OPG 13	CTCTCCGCCA	10-mer	70	38,8
11	OPB 13	TTCCCCGCT	10-mer	70	41,8
12	OPH 12	ACGCGCATGT	10-mer	60	40,4
13	OPZ 05	GGCTGCGAGA	10-mer	70	41,2
14	OPC 02	GTGAGGCGTC	10-mer	60	37,6

### **Amplifikasi PCR dengan metode RAPD**

Proses amplifikasi DNA akan dilakukan dengan Teknik PCR (*Polymerase Chain Reaction*) diawali dengan melakukan seleksi primer untuk mendapatkan 5 primer yang nantinya akan digunakan dalam penelitian ini. PCR dilakukan menggunakan Kit Dream Taq Mastermix Green, Thermo Scientific dengan komposisi reaksi yaitu: Master mix PCR 12,5 µl, primer Operon Technologies Primer set A, 1st BASE Pte Ltd 1 µl, template DNA 10,5 µl dan H<sub>2</sub>O 1 µl dengan total 25 µl dicampur menjadi 1 unit. Komposisi cocktail PCR yang telah dicampur dihomogenkan menggunakan vortex selama 15 detik dan dispindown. PCR akan dilakukan dengan program denaturasi sebanyak 35 siklus. PCR ini akan menggunakan mesin thermocycler gradient Applied Biosystem (AB) untuk mendapatkan suhu annealing yang sesuai untuk masing-masing primer. Tahapan program PCR dalam penelitian ini adalah denaturasi awal pada suhu 94°C selama 2 menit, 35 siklus yang terdiri dari denaturasi pada suhu denaturasi 94°C selama 1 menit, *annealing* sesuai dengan suhu pada setiap primer yang digunakan (Tabel 1) selama 2 menit, *extention* pada suhu 72°C selama 7 menit dan *extention* akhir pada suhu 4°C selama 5 menit.

### **Elektroforesis**

Visualisasi produk PCR dilakukan melalui tahapan elektroforesis yang mengacu pada (Muhajirah *et al.*, 2021). Agar yang digunakan adalah gel agarose 2% ditimbang sebanyak 2 g dan ditambahkan TBE buffer 1 x (Tris Borate EDTA) sebanyak 100 ml. Larutan ini kemudian dipanaskan dan sekaligus diaduk (*stirer*) di atas *hot plate* pada suhu 200°C sampai larutan tersebut bewarna bening ( $\pm$  10 menit), kemudian ditambahkan pewarna gel GreenSafe Premium (NZYTech) sebanyak 10 µl. Kemudian dituang ke dalam cetakan agar dan dibentuk sumur gel dengan menggunakan sisir gel. Gel dibiarkan membeku dan sisir diambil dengan hati-hati. Gel kemudian ditempatkan pada alat/ tangki elektroforesis dengan posisi lubang berada pada kutub negatif. Tuangkan buffer TBE 0,5 x hingga seluruh permukaan terendam. Masukkan sebanyak 1,5 µL marker dan 3 µL produk PCR ke dalam sumur elektroforesis. Hubungkan elektroda dengan power supply. Elektroforesis dilakukan menggunakan Bio Rad Gel Electrophoresis Unit pada voltase 100 V selama 35 menit. Ukuran fragmen DNA produk PCR dapat dilihat berdasarkan ukuran marker 100 bp (Vivantis). Selanjutnya hasil PCR divisualisasikan pada Gel Doc UV transilluminator Alphalmager Mini dan dilakukan analisa data.

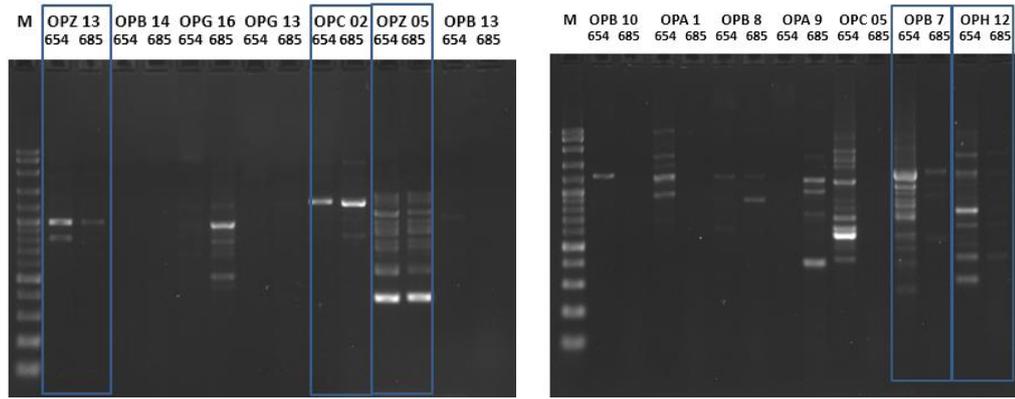
### **Analisis Data**

Keragaman genetik diuji dengan uji perbandingan Fst berpasangan menggunakan software TFPGA (*Tools For Population Genetic Analyses*). Hubungan kekerabatan antar populasi dianalisis berdasarkan jarak genetik dengan *Unweighted Pair Group Arithmetic Average* (UPGMA) dan disajikan dalam bentuk dendogram. Analisis diawali dengan melakukan scoring kemunculan fragmen DNA pada hasil elektroforesis dari lima jenis primer RAPD (hasil seleksi primer) yang digunakan, selanjutnya fragmen yang dihasilkan diubah menjadi data biner. Angka satu (1) merupakan nilai untuk kemunculan fragmen dan angka dua (2) merupakan nilai untuk ketidakhadiran fragmen. Keberadaan fragmen yang terbentuk dianggap merupakan satu buah lokus. Hasil yang diperoleh dari data biner kemudian dianalisis menggunakan software TFPGA, sehingga dihasilkan nilai derajat polimorfisme, heterozigositas, dan jarak genetik.

## **HASIL DAN PEMBAHASAN**

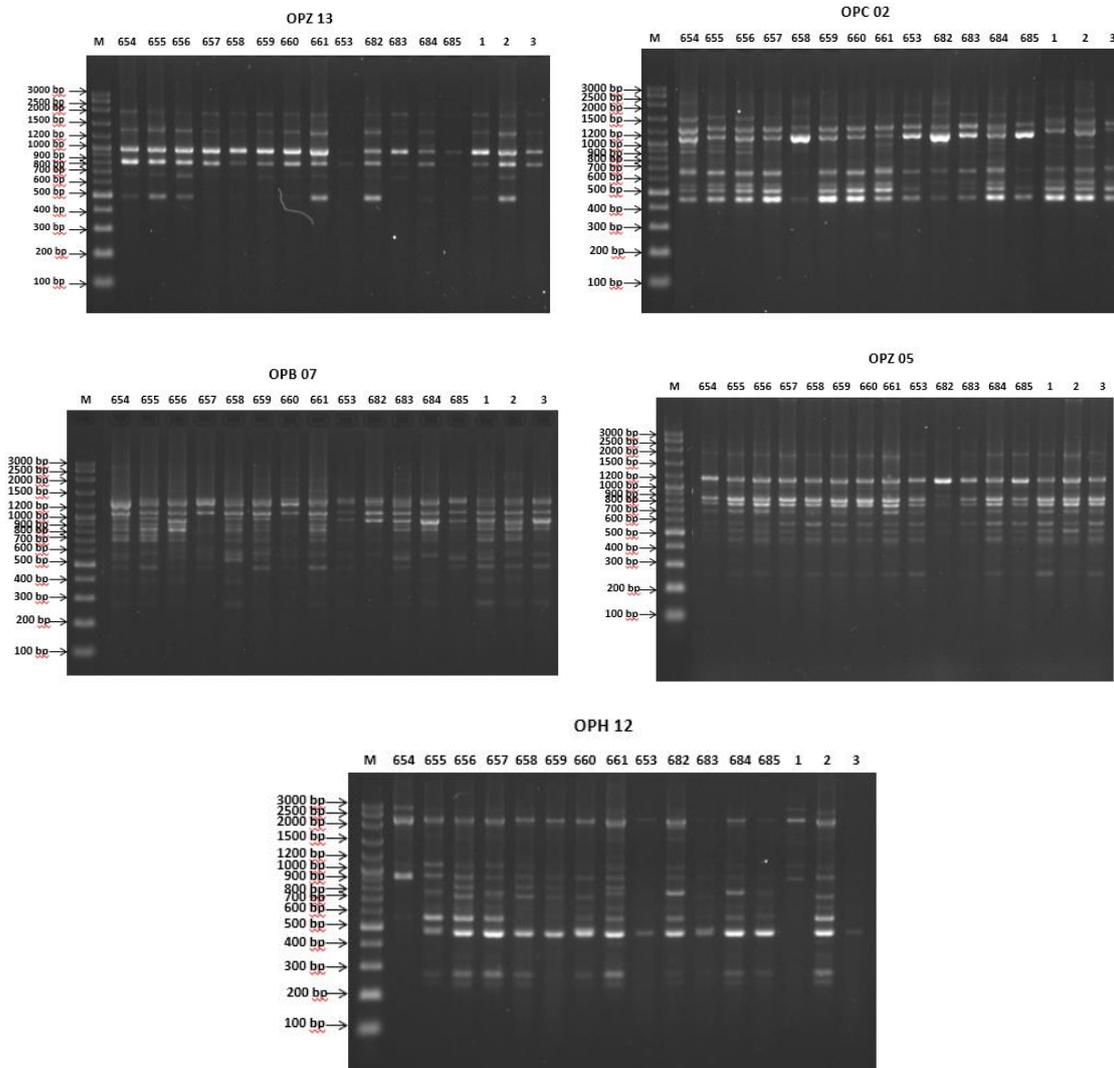
### **Hasil**

Hasil dari screening 14 primer yang digunakan pada penanda RAPD memperoleh hasil seperti ditampilkan pada Gambar 1 berikut.



Gambar 1. Hasil screening menggunakan 14 primer RAPD

Hasil Screening menunjukkan bahwa dari 14 primer yang digunakan ada 5 primer yang berhasil muncul polimorfik dan konsisten. Kelima primer yang berhasil muncul ini selanjutnya digunakan dalam penelitian ini yaitu OPZ 13, OPC 2, OPB 7, OPZ 5, dan OPH 12. Selanjutnya dilakukan analisis dengan 5 primer terpilih. Hasil dari amplifikasi pada 16 sampel tersebut disajikan pada Gambar 2 berikut.



Gambar 2. Hasil amplifikasi DNA sampel ikan Ringau (*D. microlepis*) populasi Kalimantan Barat dan Sumatera Selatan menggunakan primer OPZ 13, OPC 2, OPB 7, OPZ 5, dan OPH 12

Berdasarkan hasil amplifikasi DNA sampel ikan Ringau (*D. microlepis*) populasi Kalimantan Barat dan Sumatera Selatan menggunakan primer OPZ 13, OPC 2, OPB 7, OPZ 5, dan OPH 12 menunjukkan bahwa jumlah lokus dikedua populasi adalah 72 lokus dengan nilai kisaran per primer adalah 10-18 lokus. Jumlah lokus terbanyak berada pada primer OPH 12 dengan 18 lokus. Jumlah lokus paling sedikit pada OPZ 13 dengan 10 lokus. Jumlah fragmen dan ukuran fragmen DNA pada kelima primer yaitu antara 1-14 dengan kisaran 250-3000 pasang basa. Jumlah fragmen tertinggi adalah pada primer OPH 12 sampai 3000 pasang basa dan jumlah fragmen terendah adalah pada primer OPZ 5 sebesar 1850 pasang basa. Jumlah fragmen DNA populasi Kalimantan Barat adalah 4-14 fragmen dengan 250-3000 pasang basa, sedangkan populasi Sumatera Selatan adalah 1-13 fragmen dengan 250-3000 pasang basa. Kisaran jumlah fragmen tertinggi pada populasi Kalimantan Barat dan Sumatera Selatan adalah pada primer yang sama yaitu OPB 07. Dengan kisaran jumlah fragmen populasi Kalimantan Barat adalah 4-14 dengan ukuran fragmen 250-2000 pasang basa, sedangkan populasi Sumatera Selatan adalah 5-13 fragmen dengan ukuran 250-2300 pasang basa. Hal ini seperti disajikan pada Tabel 2 berikut ini.

Tabel 2. Jumlah dan ukuran fragmen DNA populasi

Primer	Kisaran Jumlah Fragmen		Kisaran Ukuran Fragmen		Jumlah lokus per primer
	Kalimantan Barat	Sumatera Selatan	Kalimantan Barat	Sumatera Selatan	
OPZ 13	4-6	2-6	500-1900	500-1800	10
OPC 02	6-10	6-9	450-2000	450-2000	15
OPB 07	4-14	5-13	250-2000	250-2300	16
OPZ 05	10-12	6-12	250-1850	250-1850	13
OPH 12	5-13	1-12	250-3000	250-3000	18
Total Kisaran	4-14	1-13	250-3000	250-3000	72

Hasil analisa nilai heterozigositas dan persentase polimorfisme ikan Ringau (*D. microlepis*) populasi Kalimantan Barat dan Sumatera Selatan disajikan pada Tabel 3 berikut ini

Tabel 3. Tingkat heterozigositas populasi dan presentase polimorfisme

Populasi	Heterozigositas	Polimorfisme (%)
Kalimantan Barat	0,2567	66,6667
Sumatera Selatan	0,2817	75,0000
Antar populasi	0,3219	84,7222

Berdasarkan data pada Tabel 3 diatas diperoleh nilai keragaman genetik berdasarkan tingkat heterozigositas populasi dan presentase polimorfisme. Pada populasi Kalimantan Barat dan Sumatera Selatan tidak berbeda yaitu 0,2567 dan 0,2817. Nilai persentase polimorfisme adalah 66,67% dan 75%. Secara keseluruhan nilai heterozogosititas dan persentase polimorfisme antar populasi Kalimantan Barat dan Sumatera Selatan adalah 0,32 dan 84,72%.

Untuk melihat perbedaan keragaman genetik dilakukan uji statistik menggunakan perbandingan berpasangan Fst. Hasil uji statistik perbandingan berpasangan Fst disajikan pada Tabel 4 berikut ini.

Tabel 4. Hasil uji perbandingan berpasangan FST

Populasi	Kalimantan Barat	Sumatera Selatan
Kalimantan Barat	*****	
Sumatera Selatan	0,2267 <sup>ns</sup>	*****

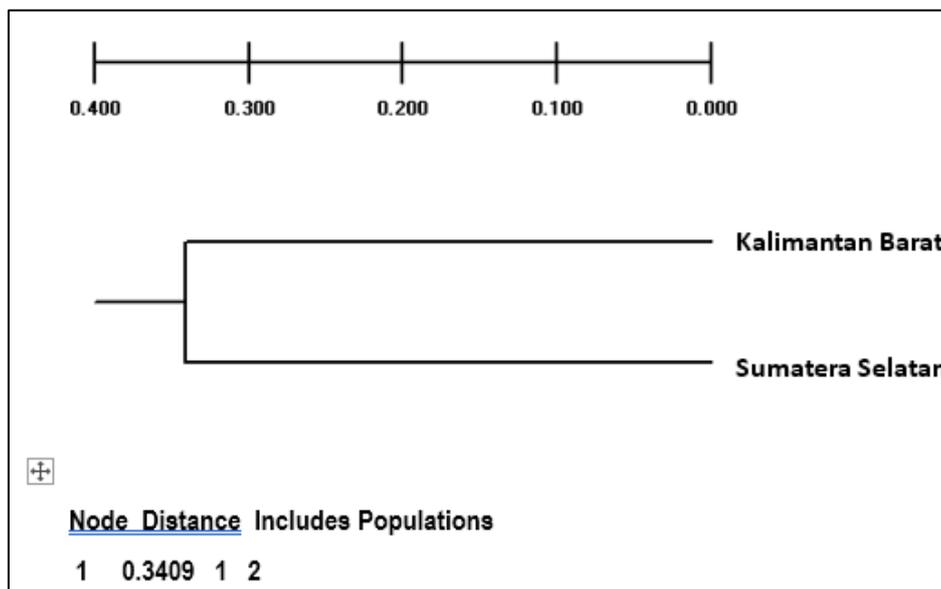
Keterangan:  $p > 0,05$  = tidak berbeda nyata (ns);  $p < 0,05$  = berbeda nyata

Berdasarkan data pada Tabel 4 dapat dilihat bahwa keragaman genetik ikan Ringau (*D. microlepis*) populasi Kalimantan Barat dan Sumatera Selatan tidak berbeda nyata secara statistik.

Untuk menggambarkan hubungan kekerabatan berdasarkan jarak genetik ikan Ringau (*D. microlepis*) populasi Kalimantan Barat dan Sumatera Selatan maka disajikan Tabel 5 dan Gambar 3 berikut ini.

Tabel 5. Jarak genetic ikan Ringau (*D. microlepis*) populasi Kalimantan Barat dan Sumatera Selatan

Populasi	Kalimantan Barat	Sumatera Selatan
Kalimantan Barat	*****	
Sumatera Selatan	0,1248 <sup>ns</sup>	*****



Gambar 3. Visualisasi jarak genetic ikan Ringau (*D. microlepis*) populasi Kalimantan Barat dan Sumatera Selatan

Berdasarkan data pada Tabel 5 dan Gambar 3 diatas dapat dilihat bahwa dendogram hubungan kekerabatan ikan Ringau (*D. microlepis*) yang terbentuk pada populasi Kalimantan Barat dan Sumatera Selatan dengan menggunakan hubungan *Unweight Pair Group Aritmatic Average* (UPGMA) menunjukkan jarak node yaitu 0,3409, dengan jarak genetic yaitu 0,1248.

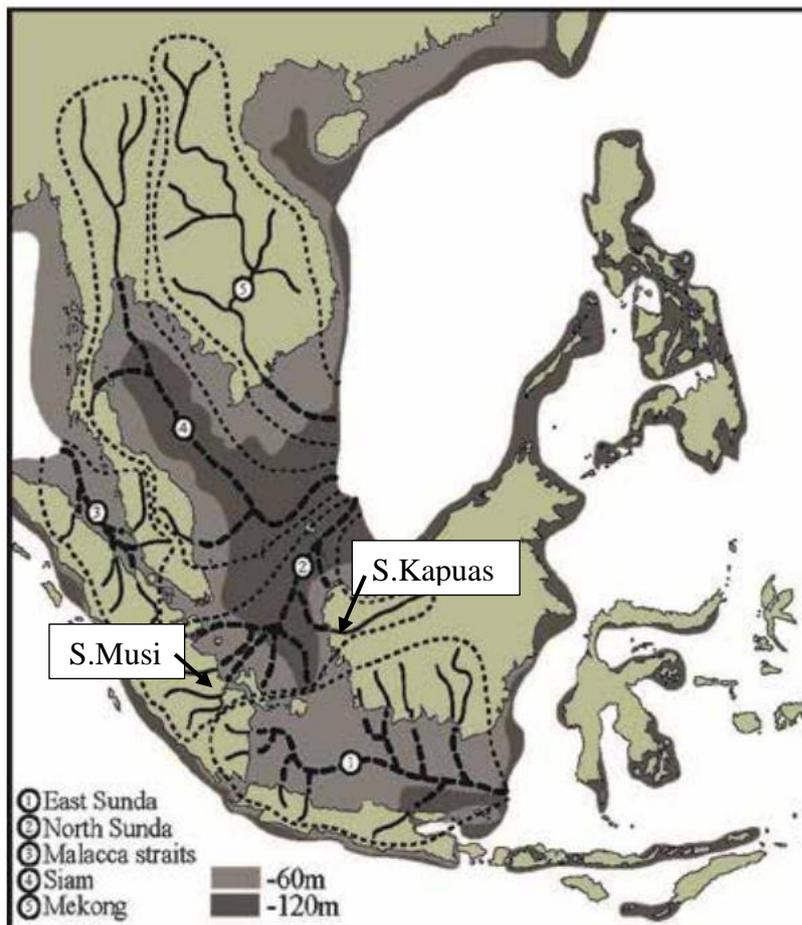
### Pembahasan

Keragaman genetic merupakan salah satu parameter kunci yang digunakan untuk mengetahui tingkat kebugaran dalam populasi yang dapat menjamin keberlanjutan dan kemampuan merespon seleksi alam atau buatan (Lorenzen *et al.*, 2012). Meskipun demikian hal ini masih dapat dipengaruhi oleh faktor lingkungan dan kondisi habitat. Polimorfisme DNA tergantung pada keberadaan gen alel yang berbeda, hal ini dikarenakan perubahan dalam urutan DNA dan jumlah total karakteristik genetic menentukan susunan genetic suatu spesies (Singh *et al.*, 2021). Adanya polimorfisme dan heterozigositas membuktikan kemampuan menyesuaikan diri kepada lingkungan. Nilai polimorfisme dan heterozigositas dipengaruhi oleh banyak faktor, diantaranya adalah laju mutasi atau pertukaran gen, migrasi atau aliran genetic (*genetic drift*) antar populasi serta adanya seleksi atau persilangan (Muhajirah *et al.*, 2021). Menurut (Gunadi *et al.*, 2016) nilai keragaman genetic dapat dibagi menjadi tiga (3), yaitu rendah (0-20%), sedang (20-50%) dan tinggi (>50%). Pada penelitian ini berdasarkan nilai persentase polimorfisme ikan Ringau (*D. microlepis*) populasi Kalimantan Barat dan Sumatera Selatan didapatkan nilai 66,67% dan 75%. Nilai persentase polimorfik ini tergolong tinggi dibandingkan dengan populasi ikan air tawar lainnya di Indonesia seperti ikan Kelabau (*Osteochilus kelabau*) di Kapuas Hulu Kalimantan Barat 5,26% (Kusmini *et al.*, 2011), ikan Gabus (*Chana striata*) di Kalimantan Tengah 40% (Kusmini *et al.*, 2015), dan ikan Gabus (*Chana micropeltes*) di Kalimantan Tengah 43% (Muhajirah *et al.*, 2021). Persentase polimorfisme ikan Ringau (*D. microlepis*) populasi Kalimantan Barat dan Sumatera Selatan ini tidak jauh berbeda dengan ikan Rainbow Ajamaru (*Melanotaenia ajamaruensis*) di Papua yaitu sebesar 62,5% (Hayuningtyas *et al.*, 2018). Keragaman genetic yang lebih tinggi menunjukkan kemampuan beradaptasi lebih baik dengan perubahan lingkungan yang fluktuatif sehingga bisa bertahan hidup (Kusmini *et al.*, 2015)

Nilai Heterozigositas menggambarkan potensi suatu individu untuk dapat beradaptasi terhadap lingkungannya (Irmawati *et al.*, 2021). Menurut Allendorf *et al* (2012) nilai heterozigositas berkisar dari nol (0) sampai satu (1), semakin rendahnya nilai heterozigositas suatu populasi maka semakin membahayakan kelestarian suatu populasi karena munculnya alel yang homozigot. Nilai heterozigositas spesies ikan Ringau (*D. microlepis*) populasi Kalimantan Barat dan Sumatera Selatan yang diperoleh dalam penelitian ini adalah

0,2567 dan 0,2817. Hal ini sejalan dengan hasil penelitian yang dilakukan di Thailand dimana ikan spesies *D. microlepis* menunjukkan tingkat heterozigositas yang lebih tinggi yaitu 0,239 dibanding spesies *D. undecimradiatus* (0,221), *D. polota* (0,214), *D. campbell* (0,185) dan *D. pulcher* (0,142) (Udduang & Thanatip, 2018). Semakin tinggi nilai heterozigositasnya maka kemampuan spesies tersebut dalam akan semakin adaptif. Tingkat adaptasi ikan Ringau (*D. microlepis*) dapat mencapai sintasan 100% dalam lingkungan terkontrol dan gonadnya berkembang hingga 66% pada Tingkat Kematangan Gonad (TKG) II dan III (Zamroni *et al.*, 2021). Semakin besar angka heterozigositas maka banyak pula gen yang ikut serta dalam menyumbangkan tingkat kesegaran sesuatu populasi (Kusmini *et al.*, 2015).

Berdasarkan pengujian melalui uji perbandingan *Fst* spesies ikan Ringau (*D. microlepis*) populasi Kalimantan Barat dan Sumatera Selatan yang diperoleh dalam penelitian ini adalah tidak berbeda nyata ( $p > 0,05$ ). Hal ini menunjukkan bahwa tidak ditemukan perbedaan genetik yang nyata dan memiliki banyak unsur kesamaan materi genetik antara populasi Kalimantan Barat dan Sumatera Selatan. Apabila mengacu pada masa Pleistocene (sekitar 11.500-2.500.000 tahun yang lalu) dimana sungai di Kalimantan Barat (sungai Kapuas) dan sungai di Sumatera Selatan (sungai Musi) adalah saling terhubung (Voris, 2000), maka dapat diduga bahwa populasi dari ikan Ringau (*D. microlepis*) populasi Kalimantan Barat dan Sumatera Selatan berasal dari nenek moyang yang sama. Peta sungai purba diilustrasikan pada Gambar 3 berikut.



Gambar 4. Sistem sungai purba; Sungai Kapuas (SKp), Sungai Musi (SMs). (Hutama *et al.*, 2016)

Berdasarkan hasil jarak genetik pada Tabel 5 maka terlihat bahwa spesies ikan Ringau (*D. microlepis*) populasi Kalimantan Barat dan Sumatera Selatan yang diperoleh dalam penelitian ini adalah 0,1248. Nilai jarak genetik yang didapat pada penelitian ini termasuk kedalam kategori sedang. Menurut (Yuliani *et al.*, 2017) Nilai kisaran jarak genetik terbagi menjadi tiga (tiga) yaitu: Jarak genetik rendah (0,01-0,099), sedang (0,1-0,99) dan tinggi (1,0-2,0). Jarak genetik dapat memberikan gambaran terkait bentuk kekerabatan antar populasi. Semakin kecil nilai jarak genetik yang didapat maka semakin dekat keragamannya (Nugroho *et al.*, 2007). Jarak genetik yang sedang ini menunjukkan masih adanya kekerabatan spesies ikan Ringau (*D. microlepis*) antara populasi Kalimantan Barat dan Sumatera Selatan. Hal ini memperkuat dugaan bahwa spesies dari kedua populasi ini berasal dari nenek moyang yang sama. Dimana telah terjadi pertukaran genetik pada kedua sistem sungai purba di Sungai Kapuas dan Sungai Musi yang kemungkinan telah berlangsung pada waktu yang lebih lama dari 20.000 tahun yang lalu. Populasi yang terbentuk sekarang merupakan hasil

dari terpisahnya populasi Kalimantan dan Sumatera karena adanya kenaikan air laut pada masa zaman *glaciaton* di masa Pleistocene (Voris, 2000).

## KESIMPULAN

Keragaman genetik Ikan Ringau (*D. microlepis.*) yang ditemukan pada populasi Kalimantan Barat dan Sumatera Selatan berdasarkan persentase polimorfisme adalah 66,67% dan 75% dengan nilai heterozigositas adalah 0,2567 dan 0,2817. Berdasarkan jarak genetik didapatkan nilai jarak genetik 0,124 dan termasuk kategori sedang. Ikan Ringau (*D. microlepis.*) yang ditemukan pada populasi Kalimantan Barat dan Sumatera Selatan tidak ada perbedaan yang nyata antar populasi. Informasi dasar ini bermanfaat untuk pengembangan konservasi biologi spesies *Datnioides microlepis* yang berasal dari populasi Kalimantan Barat dan Sumatera Selatan melalui kegiatan konservasi eksitu (domestikasi) dan pemuliaan ikan.

## Persantunan

Penulis mengucapkan terima kasih kepada Kepala Balai Riset Budidaya Ikan Hias (BRBIH) atas dukungan fasilitas penelitian yang diberikan. Penulis juga mengucapkan terima kasih kepada analis laboratorium dan teknisi lapangan yaitu Fitriyani, Nasik, Achmaidi Rinal, dan Muhamad Hasan yang banyak membantu selama kegiatan penelitian berlangsung.

## DAFTAR PUSTAKA

- Ahmad, A. . (2020). *Datnioides microlepis*. *The IUCN Red List of Threatened Species 2020*. <https://doi.org/https://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2020-2.RLTS.T89808868A89808887.en>
- Allendorf, F. W., Luikart, G. H., & Aitken, S. N. (2012). *Conservation and the Genetics of Populations, 2nd Edition*. Wiley-Blackwell.
- Anggereini, E. (2008). Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD), Suatu Metode Analisis DNA Dalam Menjelaskan Berbagai Fenomena Biologi. *Biospecies, 1*(2), 73–76.
- Bastiar, B., Sudrajat, A. O., & Fahmi, M. R. (2017). Penggunaan serotonin dalam formulasi hormon pregnant mare serum gonadotropin dan antidopamin untuk menginduksi perkembangan gonad ikan ringau, *Datnioides microlepis* Bleeker, 1854. *Jurnal Iktiologi Indonesia, 17*(1), 29–43. <https://doi.org/10.32491/jii.v17i1.302>
- Beaumont, A. R., & Hoare, K. (2003). *Biotechnology and Genetics in Fisheries and Aquaculture*. Blackwell Ltd, UK.
- Fahmi, M. R., Hayuningtyas, E. P., Zamroni, M., Nur, B., & Sinansari, S. (2018). Keragaman genetik ikan Tiger fish (*Datnioides* sp.) asal Kalimantan dan Sumatera. *Jurnal Riset Akuakultur, 13*(3), 191. <https://doi.org/10.15578/jra.13.3.2018.191-199>
- Fuchs, H., Gross, R., Stein, H., & Rottmann, O. (1998). Application of molecular genetic markers for the differentiation of bream (*Abramis brama* L.) populations from the rivers Main and Danube. *Journal of Applied Ichthyology, 14*(1–2), 49–55. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0426.1998.tb00613.x>
- Gunadi, B., Robisalmi, A., & Setyawan, P. (2016). Growth Performance and Estimation of Juvenile Heterosis Values of Tilapia (*Oreochromis niloticus*), Blue Tilapia (*Oreochromis aureus*) and Their Crosses Raised in Freshwater Ponds. *Proceedings of The Aquaculture Technology Innovation Forum, 571–577*.
- Gustiano, R., Oktaviani, T., Soelistyowati, D. T., Kusmini, I. I., Wahyutomo, & Huwoyon, G. H. (2013). Analisis Ragam Genotip Rapd dan Fenotip Truss Morfometrik pada Tiga Populasi Ikan Gabus (*Channa striata*, Bloch, 1793). *Berita Biologi, 12*(3), 325–333.
- Hatanaka, T., & Galetti, P. M. (2003). RAPD markers indicate the occurrence of structured populations in a migratory freshwater fish species. *Genetics and Molecular Biology, 26*(1), 19–25. <https://doi.org/10.1590/S1415-47572003000100004>
- Hayuningtyas, E. P., & Kadarini, T. (2016). Keragaman genotipe tiga generasi ikan Rainbow Kurumoi (*Melanotaenia parva*) hasil domestikasi berdasarkan RAPD. *Jurnal Riset Akuakultur, 11*(2), 107–114.
- Hayuningtyas, E. P., Sinansari, S., Fahmi, M. R., Kusri, E., & Nur, B. (2018). Karakter genotipe tiga populasi ikan Rainbow Ajamaru (*Melanotaenia ajamaruensis*) dari alam dan budidaya menggunakan RAPD. *Jurnal Riset Akuakultur, 13*(2), 105. <https://doi.org/10.15578/jra.13.2.2018.105-113>
- Hutama, A. A., Hadiaty, R. K., & Hubert, N. (2016). Biogeography of Indonesian Freshwater Fishes: Current Progress. *Treubia, 43*, 17–30.
- Irmawati, I., Parawansa, B. S., Malina, A. C., Tassakka, A. R., Baharuddin, M., & Larekeng, S. H. (2021). Keragaman genetik ikan Kakap Putih (*Lates calcarifer* Bloch, 1790) tipe liar dan domestikasi menggunakan metode Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD). *Journal of Fisheries and Marine Research, 5*(1), 99–105. <https://doi.org/10.21776/ub.jfmr.2021.005.01.15>
- Kottelat, M., & Widjanarti, E. (2005). The fishes of danau Sentarum National Park and the Kapuas lake area, Kalimantan Barat, Indonesia. *The Raffles Bulletin of Zoology, 13*, 139–173.

- Kusbiandary, S., Hakim, L., Hardiyanto, F., Yunengsih, Y., & Khilmi, M. (2021). *BKIPM Dalam Angka 2020*.
- Kusmini, I. I., Gustiano, R., & Mulyasari. (2011). Karakterisasi genetik Ikan Kalabau (*Osteochilus kelabau*) dari berbagai lokasi di Kalimantan Barat menggunakan metode RAPD ( Random Amplified Polymorphism DNA ). *Berita Biologi.*, 10(4), 449–454.
- Kusmini, I. I., Prakososo, V. A., & Kusdiarti. (2015). Keragaman fenotipe Truss Morfometrik dan Genotipe Ikan Gabus (*Channa striata*) dari Jawa Barat, Sumatera Selatan, dan Kalimantan Tengah. *Jurnal Riset Akuakultur*, 10(4), 501–510.
- Lorenzen, K., Beveridge, M. C. M., & Mangel, M. (2012). Cultured fish: Integrative biology and management of domestication and interactions with wild fish. In *Biological Reviews* (Vol. 87, Issue 3, pp. 639–660). <https://doi.org/10.1111/j.1469-185X.2011.00215.x>
- Muflikhah, N., & Dharyati, E. (2010). Studi biologi ikan ringau (*Datnioides microlepis*) di Daerah Aliran Kapuas, Kalimantan Barat. *Prosiding Seminar Nasional Biologi. Fakultas Biologi, Universitas Gajah Mada*.
- Muhajirah, E., Kamal, M., Butet, N., & Wibowo, A. (2021). Keragaman genetik populasi giant Snakehead (*Channa micropeltes*) menggunakan penanda Random Amplified Polymorphic DNA di perairan Taman Nasional Sebangau, Kalimantan Tengah. *Journal of Natural Resources and Environmental Management*, 11(1), 141–151. <https://journal.ipb.ac.id/index.php/jpsl/article/view/32530/21677>
- Nugroho, E., Soewardi, K., & Kurniawirawan, A. (2007). Analisis keragaman genetik beberapa populasi ikan batak (Tor soro) dengan Metode RANDOM AMPLIFIED POLYMORPHISM DNA (RAPD). *Jurnal Ilmu-Ilmu Perairan Dan Perikanan Indonesia*, 14(1), 53–57.
- Randriani, E., & Tresniawati, C. (2012). Pemanfaatan Teknik Random Amplified Polymorphic DNA ( RAPD ) Untuk Pengelompokan Secara Genetik Plasma Nutfah Jambu Mete (*Anacardium occidentale* L.). *Journal of Industrial and Beverage Crops*, 3(1), 1–6.
- Singh, M., Kashyap, A., & Serajuddin, M. (2021). DNA polymorphism and relationships among the three different riverine populations of spotted snakehead (*Channa punctata*). *Indian Journal of Animal Sciences*, 91(11), 1002–1005. <https://doi.org/10.56093/ijans.v91i11.118160>
- Udduang, S., & Thanatip, L. (2018). Evaluation of Morphometric Characteristics and Genetic Relationship of Northeastern Siamese Tigerfish (*Datnioides undecimradiatus* (Roberts & Kottelat, 1994)) with Other Species in the Genus *Datnioides* Bleeker, 1853 Using RAPD markers. *Fisheries Technology Research Journal*, 12(1), 93–104.
- Velkova-Jordanoska, L., Vasil, K., Stojmir, S., & Goce, K. (2010). Use of rapid fingerprinting for study and conservation of fish populations. *Biotechnology and Biotechnological Equipment*, 24, 257–262. <https://doi.org/10.1080/13102818.2010.10817845>
- Voris, H. K. (2000). Maps of Pleistocene sea levels in Southeast Asia: shorelines, river systems and time durations. In *Journal of Biogeography* (Vol. 27). [http://fmnh.org/research\\_collections/](http://fmnh.org/research_collections/)
- Wang, L., Chen, Z., Gao, J., Zhao, Y., Sun, P., & Lu, K. (2016). The complete mitochondrial genome of Indonesian tiger fish *Datnioides microlepis* (Bleeker 1854). *Mitochondrial DNA Part B: Resources*, 1(1), 328–329. <https://doi.org/10.1080/23802359.2016.1172050>
- Yuliani, Y., Yuniaty, A., & Susanto, H. . (2017). Amplified variations of DNA sequences using Atpb-Rbcl primers on some peanut cultivars. *Scripta Biology*, 4(1), 11–14.
- Zamroni, M., Ginanjar, R., Rohmy, S., & Musthofa, Z. (2021). *Manipulasi Cahaya untuk Memacu Pematangan Gonad Ikan Tigerfish (Datnioides microlepis) dalam Lingkungan Terkontrol*. November, 1–12.
- Zamroni, M., Musa, A., Sugito, S., Sutrisna, R., & Zulkifli, A. (2015). Kajian ekologis habitat dan pertumbuhan ikan Ringau (*Datnioides microlepis*) di Danau Sentarum, Kalimantan Barat. *Prosiding Seminar Nasional Masyarakat Biodiversitas Indonesia*, 1, 707–713. <https://doi.org/10.13057/psnmbi/m010404>