HAL
open science

Potret Profil Manajemen Hatcherypada Pembudidaya Ikan Pelangi Melanotaenia boesemani(Allen & Cross, 1980) di Kawasan Jakarta

Media Fitri Isma Nugraha, Jean-Christophe Avarre, Laurent Pouyaud, Kadarusman Kadarusman, Odang Carman, M. Zairin Junior

To cite this version:

Media Fitri Isma Nugraha, Jean-Christophe Avarre, Laurent Pouyaud, Kadarusman Kadarusman, Odang Carman, et al.. Potret Profil Manajemen Hatcherypada Pembudidaya Ikan Pelangi Melanotaenia boesemani(Allen & Cross, 1980) di Kawasan Jakarta. TORANI: Journal of Fisheries and Marine Science, 2018, 1 (2), pp.81-92. 10.35911/torani.v1i2.4484 . hal-03131535

HAL Id: hal-03131535

https://hal.science/hal-03131535v1

Submitted on 4 Feb 2021

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

torani
Journal of Fisheries and Marine Science (JFMarSci)

ISSN-online 2615-6601
ISSN-print 2621-5322

Volume 1 (2) June 2018: 81-92

Potret Profil Manajemen *Hatchery* pada Pembudidaya Ikan Pelangi *Melanotaenia boesemani* (Allen & Cross, 1980) di Kawasan Jakarta

Portrait of Hatchery Management Profile on Rainbow Fish *Melanotaenia boesemani* (Allen & Cross, 1980) Cultivation in Jakarta Area

Media Fitri Isma Nugraha[1]✉, Jean-Christophe Avarre[2], Laurent Pouyaud[2], Kadarusman[3], Odang Carman[4], dan M. Zairin Junior[4]

[1]Balai Penelitian dan Pengembangan Budidaya Ikan Hias. Jl Perikanan No 13. Pancoran mas Depok Jawa Barat 16436
[2]L'institut des science de l'evolution de Montpellier, UMR 226 IRD-CNRS-UM, 361 rue Jean-Francois Breton BP 5095
[3]Sekolah Tinggi Perikanan Jakarta, Jl. AUP Barat Pasar Minggu Jakarta (Permanen staf: Politeknik Kelautan dan Perikanan Sorong, Papua Barat
[4]Departemen Akuakultur Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan Institut Pertanian Bogor 16680

✉corresponding author: media.nugraha@kkp.go.id / mfitri_isman@yahoo.com

Abstrak

Manajemen *hatchery* penting untuk mempertahankan keragaman genetik dan kebugaran populasi dari spesies langka dan terancam punah di pembudidaya dan hal ini sulit dilakukan, tetapi menjadi keharusan untuk biologi konservasi. Kebugaran dan struktur populasi tergantung pada efektif *breeding number* (Ne) dan konektivitas populasi antara satu sama lain serta aliran gen dan pergeseran genetik. Ne memiliki peran utama dalam pemeliharaan keanekaragaman genetik dan sebagai indikator terjadinya inbreeding dan pergeseran genetik. Terdapat 6 *hatchery* sampel di wilayah Jakarta dan Bekasi Indonesia dengan menggunakan 12 lokus mikrosatelit polimorfik untuk mengukur struktur genetik populasi. Hasil penelitian ini menunjukkan bahwa masing-masing *hatchery* memiliki metode yang berbeda. Pembudidaya paling lama adalah bapak Gusi dan bapak Hasan (30 tahun). Ne di *hatchery* bapak Hasan dan bapak Gusi adalah 66.667 dan nilai F adalah 0,00749 dan nilai kehilangan alel (P) adalah 0,26183. Dibandingkan dengan pembudidaya bapak Yahya (5 tahun) memiliki Ne = 133.333, F = 0,00375 dan P = 0,06855. Meskipun penetasan di *hatchery* bapak Hasan dan bapak Gusi memiliki nilai Ne, F dan P yang sama, tetapi hasil struktur populasinya adalah populasi pendiri yang berbeda. Hatcheri bapak Hasan memiliki struktur yang unik dan komposisi alel dibandingkan dengan pembenihan lainnya.

Kata kunci: *breeding*, manajemen, *Melanotaenia boesemani*, *hatchery*, populasi.

Abstract

Hatchery managers and maintaining genetic diversity and fitness population in endangered and threatened species in pond is a important and difficult thing to do. But is must to do for conservation biology. Fitness and structure population depends on effective breeding number (Ne) and population connectivity between each other. The second most important thing is gene flow and genetic drift. Ne is major role in the maintenance of genetic diversity as indicator for inbreeding depresion and genetic drift. We sampled 6 hatchery in Jakarta and Bekasi Indonesia region and used 12 polymorphic microsatellite loci to quantify population genetic structure. Result in this study are, each farm have different methode. The old farmers is bapak Gusi and bapak Hasan (+30 years). Ne in bapak Hasan and bapak Gusi hatchery is 66,667 and F value is 0,00749 and loosing allele (P) is 0,26183. Compared with younger farmers bapak Yahya (5 years) have Ne = 133,333, F = 0,00375 and P = 0,06855. Even though hatchery bapak Hasan and bapak Gusi have the same value Ne, F and P but the result in population structure they are different founder populations. Hatchery bapak Hasan have unique structure and alleles composition compared with other hatchery.

Keywords: breeding, management, *Melanotaenia boesemani*, hatchery, population.

Pendahuluan

Melanotaenia boesemani (Allen & Cross, 1980) adalah salah satu ikan hias famili Melanotaeniidae, endemik di danau Ayamaru dan Uter/Aitinyo, Papua Barat Indonesia (Kadarusman, 2012; Nugraha et al., 2015). *M. boesemani* di temukan pertama kali oleh Dr. Marinus Boeseman tahun 1955, seorang ikhtiolog Belanda dan menyimpan koleksinya pada museum Rijksmuseum van Natuurlijke Historie–Leiden Belanda. Allen dan Cross tahun 1980 mendeskripsikan spesies ini dari spesimen koleksi museum dan memberikan nama *M. boesemani*. Pada bulan November 1982, Gerald R. Allen (Iktiolog Australia) dan Heiko Bleher (kolektor ikan hias Jerman) mengunjungi wilayah terpencil danau Ayamaru dan Aitinyo, mereka membawa sejumlah spesimen hidup ke Eropa dan Australia kemudian didistribusikan kepada penggemar ikan hias di seluruh dunia.

Melalui publikasinya, Allen & cross (1980), ikan ini semakin populer dan menjadi incaran banyak penikmat aquaria. Sepanjang tahun 1980-an, ikan pelangi boeseman mengalami *overfishing* dimana lebih dari 10.000 jantan dieksploitasi dari habitat aslinya dan masuk dalam daftar *red list* hewan yang dilarang eksport dari habitat alam (IUCN, 2013). Sejak pertengahan tahun 1980-an, *aquarist* Heiko Bleher, menangkarkan, membudidayakan, dan mendistribusikan ikan pelangi boeseman ke hobiis akuarium di seluruh dunia (Smith *et al*, 2007).

Philippart (1995) mengemukakan bahwa teknik budidaya atau penangkaran adalah salah satu teknik yang efektif dalam penyelamatan spesies ikan. Pada tahun yang sama Philippart (1995) melaporkan bahwa setidaknya 35 spesies ikan yang terancam punah telah sukses dibudidayakan dan terhindar dari kepunahan. *M. boesemani* mulai dibudidayakan sejak tahun 1983 oleh bapak Gusi dan bapak Hasan yang mendapatkan induk dari eksportir yang berbeda di Jakarta.

Selama lebih 30 tahun *M. boesemani* di tangkarkan oleh kedua pembudidaya di atas, dan hingga penelitian ini dimulai, kami mendokumentasikan banyak keluhan dari kalangan pembudidaya antara lain, ukuran kecil, warna yang kurang menarik, bentuk tubuh abnormal, dan jumlah betina lebih banyak dari jantan. Sebagian besar petani dan manejer *hatchery* tidak melakukan pencatatan tentang *inbreeding*.

Hanyutan genetik (*genetic drift*) dari proses *inbreeding* dapat menimbulkan efek defisiensi genetik, dan perubahan fluktuasi alel-alel dalam suatu populasi (Allendorf, 1993). Fenomena ini dapat mengakibatkan kehilangan variasi genetik dari alel-alel penting dan alel langka, yang memberikan dampak pada hilangnya gen penting dan langka, selain itu frekuensi alel dapat mengalami perubahan yang mengakibatkan rusaknya *gene pool*.

Menurut Tave (1986) sebuah *hatchery* budidaya ikan akan menghasilkan budidaya yang efektif, jika menerapkan manajemen *hatchery* yang baik. Salah satunya dengan menghitung formula nilai *inbreeding* (nilai perkawinan sedarah) dan *effective breeding number* (Jumlah budidaya yang efektif). Rata-rata nilai *inbreeding* harus ditentukan untuk semua populasi dalam *hatchery* pada setiap generasi. Kareana nilai *inbreeding* adalah hal yang sama pentingnya dengan hasil budidaya. Manajemen induk merupakan bagian integral dari manajemen pembenihan. *Effective breeding* number dan nilai *inbreeding* merupakan parameter penting dalam membantu menjelaskan tren hasil, dan fekunditas. Nilai-nilai ini juga memungkinkan pembudidaya untuk memprediksi apakah akan terjadi masalah sebagai akibat dari tekanan *inbreeding* atau hilangnya variasi genetik.

Tujuan penelitian ini adalah 1) untuk mengetahui keragaman manajeman hatchery pada setiap pembudidaya, sehingga dapat mengestimasikan ukuran nilai *effective breeding number* (Ne) pada setiap pembudidaya *M. boesemani*, 2) untuk mengetahui apakah ada tekanan *inbreeding* yang terjadi di setiap *hatchery* pembudidaya melalui pengamatan keragaman alel dalam struktur populasi.

Bahan dan Metode

Sampling dan sistim penelitian (Analisa sistim budidaya)

Penelitian dilakukan pada Januari – September 2014, pada enam *hatchery* pembudidaya. Analisa sistim, pola dan teknik budidaya yang digunakan dengan pendekatan observasi lapangan. Dari 25 pembudidaya, dipilih 6 pembudidaya karena memiliki konsistensi dalam membudidayakan *M. boesemani* tanpa jeda (Tabel 1).

Tabel 1. Daftar pembudidaya *M. boesemani* di wilayah Jabodetabek

No	Pembudidaya dan Alamat	Tahun mulai budidaya	Jumlah sampel (dalam analisa struktur populasi)
1	Farm Gusi, Ciracas	1983	34
2	Farm Sukri, Depok	2000	30
3	Farm Hasan, Bekasi	1983	30
4	Farm Yahya, Bekasi	2009	30
5	Farm Didi, Tridayasakti, Bekasi	1986	29
6	Farm Warso, Tambun Utara, Bekasi	2012	30

Nilai efektif budidaya (*effective breeding number*) *M. boesemani* pada *hatchery*

Untuk melakukan estimasi ukuran nilai *effective breeding number* dari *M. boesemani* pada setiap *hatchery* (6 pembudidaya), digunakan formula Tave, 1986. Penenetuan nilai Ne

berdasarkan probabilitas secara acak, pada satu pembudidaya dengan jumlah efektif individu dewasa.

1. Analisa nilai efektif budidaya (*effective breeding number*) (Ne) berdasarkan *sex ratio* dengan rumus dihitung dengan persamaan berikut:

$$NE = \frac{4(♀)(♂)}{(♀) + (♂)}$$

   Keterangan: Ne = *effective breeding number;* ♀ = Jumlah betina yang memproduksi keturunan dan ♂ = Jumlah jantan yang memproduksi keturunan

2. Nilai *Inbreeding* yang terjadi dalam satu populasi tertutup di hitung dengan:

$$F = \frac{1}{2\mathrm{Ne}}$$

   Hubungan terbalik antara F dan Ne jelas menunjukkan bahwa jika Ne menurun, maka F meningkat, begitu sebaliknya. Nilai F dihitung dalam formula adalah nilai inbreeding rata-rata untuk setiap ikan dalam populasi.

3. Nilai budidaya efektif dalam populasi budidaya (Nef). Setelah terjadi penurunan pada nilai Ne artinya terjadi inbreeding. *Inbreeding* pada akhirnya menurunkan masa Ne dalam siklus umpan balik positif. Selanjutnya perhitungan Ne menjadi Nef, dimana Nef adalah nilai efektif breeding dalam populasi budidaya.

$$N_{ef} = \frac{NE}{1 + \mathrm{F}}$$

4. Ketika jantan memijah dengan lebih dari satu betina dan / atau betina memijah dengan lebih dari satu jantan, ada keberhasilan reproduksi yang tidak sama untuk dua jenis kelamin, dan Ne menjadi:

$$N_{eUR} = \frac{8(NE)}{(♀) + (♂) + 4}$$

5. Probabilitas hilangnya alel dalam 1 kali sampling (saat melakukan transfer *broodstock* dari 1 generasi dari satu bak ke bak lainnya) dihitung dengan persamaan berikut:

$$P = (1.0 - q)^{2Ne}$$

   Keterangan: nilai q = 0,01 (perhitungan hilangnya alel dalam 1 generasi, berdasarkan Tave, 1986)

6. Probabilitas alel yang tersimpan selama masa budidaya S = 1-P

Genotyping

Genotyping dilakukan dengan tujuan untuk melihat keragaman alel untuk mengetahui tekanan inbreeding dan analisa struktur populasi. Sejumlah sampel dianalisa seperti pada

Table 1. Sampel diambil dengan melakukan anastesi pada semua sampel dengan 0.1 mL/L Eugenol (dengan zat aktif EU Directive 2010/63/EU). Sekitar 1 cm sirip anal dipotong dan disimpan ke dalam *microtube* dengan larutan preservasi etanol absolut sampai saat ekstraksi DNA dilakukan. Setelah sampling selesai ikan dipulihkan dari anastesi dan dikembalikan ke kolam. Anastesi ini dilakukan sesuai standar protokol *animal welfare*.

DNA ekstraksi dan mikrosatelit amplifikasi

Sampel dianalisa dengan pendekatan *genotype* dengan menggunakan 12 *nuclear* mikrosatelit marker yang telah dikembangkan oleh Nugraha *et al*., (2014). DNA diekstraksi dari sedikit sampel (10mg) sirip ekor dengan *the Nucleospin@* 96 *tissue kit* (Machery-Nagel), dengan menggunakan alat ekstraksi Janus *automated workstation* (Perkin Elmer). *Primer forward* dilabel dengan *flurosence dyes* (5'FAM, 5'HEX, 5'ATO550, 5'ATO565) (Eurofins). Setiap reaksi berisi 5µL 2x *master mix* (*Fast-start* PCR *kit*, Roche), 0,1 µM *primer forward*, 0,4 µM *primer reverse* dan 0,5 µL DNA *template*.

Amplifikasi dan siklus PCR sebagai berikut: Denaturasi 950C selama 4 menit, diikuti dengan 30 x siklus 950C selama 20 detik, 560C selama 20 detik dan 720C selama 30 detik dan final elongasi 7 menit pada 720C. Analisa amplifikasi produk PCR dengan menggunakan elektrophoresis kapiler seperti yang dijelaskan sebelumnya oleh Nugraha *et al.*, (2014). Pembacaan ukuran alel dan *genotyping* menggunakan program *peak scanner* v1.0 dan *GeneMapper* v5.0 (*Applied Biosystems*).

Analisa keragaman genetik

Jumlah alel (Na), nilai heterozigot observasi (Ho) dan heterozigot ekspektasi (He) di hitung dengan menggunakan aplikasi GENETIX 4.05 (Belkhir *et al*., 1996). Program ini adalah program lengkap dalam indeks genetika populasi untuk menilai keragaman dan perbedaan genetik melalui analisis variabilitas genetik dalam hal heterozigositas dan tingkat jumlah alel. Pendekatan ini digunakan untuk menilai kesalahan genotiping, kehadiran *null allel*, alel gagap / alel *drop out* yang di analisa dengan program *Micro-Checker* v. 2.2.3 (CI 95% bootstrap simulasi 1000x) (Van Oosterhout *et al*., 2004.

Struktur populasi

Investigasi performa distribusi variasi genetik dianalisa dengan *molecular variance* (AMOVA) dan kalkulasi keragaman alel, heterozigositi menggunakan program GENETIX 4.05 (Belkhir *et al*., 1996). Analisa *cluster genetic* menggunakan program STRUCTURE v.2.3.2 (Pitchard *et al.*, 2000).

Program STRUCTURE v2.3.2 (Pitchard *et al*., 2000) mengimplementasikan metode pengelompokan genotipe secara memaksimalkan dalam kluster berdasarkan kesesuaian *Hardy Weinberg Equilibrium* (HWE) dan meminimalkan *linkage disequilibrium*. Program STRUCTURE menghitung kemungkinan untuk mengasumsikan jumlah cluster, K, dan memungkinkan perbandingan antara nilai-nilai K berbeda. Kami melakukan 20 kali ulangan independen untuk setiap nilai K (K = 1-11) dengan 10.000 iterasi MCMC berdasarkan 10.000 iterasi *burn-in*. Asumsi setiap lokus adalah independen dan informasi setiap populasi dan sampel telah diketahui.

Analisis data

Analisis data dilakukan dengan menggunakan sidik ragam dan dilanjutkan dengan uji W-Tuckey pada taraf uji 5% dengan bantuan program SPSS 12,0 untuk menganalisis perbedaan antar perlakuan.

Hasil dan Pembahasan

Teknik dan manajemen hatchery di Pembudidaya

Pembudidaya bapak Gusi

Pembudidaya bapak Gusi masih menerapkan pola konvensional, yang memanfaatkan media budidaya dari bak beton. Perkawainan ikan dilakukan secara acak dengan perbandingan 1 jantan : 10 betina dan ditebar pada 60 buah kolam beton seluas 10 x 10 m2; 2x3 m2 ; 3x3 m2 dan 4x3 m2. *Spawning* dilakukan secara alami tanpa induksi hormon. Pakan yang diberikan antara lain jentik nyamuk (culex), daphnia, cacing sutra (*water worms*), *tubifex worms* (cacing darah) dan fitoplankton yang tersedia di dalam kolam budidaya, tanpa melakukan tambahan pakan buatan.

Pembudidaya Hasan dan Didi

Menerapkan pola budidaya dalam bak beton dan akuariaum dengan sistim tertutup, yang memanfaatkan fasilitas *outdoor* dan *indoor*. *Spawning* dilakukan dalam akuarium dengan perbandingan 25 jantan : 50 betina dengan wadah pemijahan tali rafia yang dibentuk seperti tanaman pakis. Saat benih telah berukuran 1-1.5 inci, selanjutnya benih ditransfer ke akuarium lain dan siap di pasarkan atau di pelihara sebagai indukan baru. Pergantian induk dilakukan setiap setelah dua kali periode pemijahan. Manajemen pakan menggunakan pakan alami berupa kutu air saat juvenil dan pakan dikombinasikan dengan jentik nyamuk (*Culex*), cacing sutra dan tambahan pakan komersial lainnya jika suplai pakan alami tidak mencukupi.

Pembudidaya Yahya dan Warso

Kedua pembudidaya ini menggunakan teknik budidaya indoor dengan menggunakan bak beton berukuran 3x4m2. Seluruh proses budidaya dari spawning hingga penetasan dilakukan dengan sirkulasi sistim tertutup. Pemijahan tetap dilakukan di dalam bak, saat telah terjadi pembuahan induk jantan dan betina dipindahkan ke bak lainnya. Manajemen pakan dengan menggunakan pakan alami. Pada fase larva diberi pakan moina, dapnia. Fase pendewasaan pakan di ganti dengan kutu air, jentik nyamuk, cacing darah, cacing sutra dan tambahan pakan buatan.

Pembudidaya Sukri

Semua aktifitas budidaya dilakukan di dalam akuarium *indoor* dengan sirkulasi tertutup hingga di pasarkan. Pemijahan dilakukan secara alami dengan sarang akar pakis. Manajemen pakan dengan menggunakan pakan alami *Moina* sp. dan *Dapnia* sp. saat masih larva, fase juvenil dan pendewasaan di ganti dengan jentik nyamuk, cacing darah dan caing sutra, tanpa pakan buatan untuk menjaga kualitas air agar tetap bebas amoniak.

Nilai efektif budidaya (*Effective breeding number*) *M. boesemani* pada hatchery

Estimasi nilai efektif budidaya pada setiap pembudidaya dilakukan untuk melakukan pendugaan pada populasi dan perubahan struktur populasi yang terjadi selama *hatchery rainbowfish M. boesemani* berproduksi. Nilai uuran populasi pada 6 pembudidaya disajikan pada Tabel 2.

Tabel 2. Analisa nilai ukuran populasi pada 6 pembudidaya

No	Gusi Farm (30 th) 90 generasi		Hasan Farm (30 th) 90 generasi		Didi Farm (28 th) 84 generasi		Yahya Farm (5 th) 15 generasi		Warso Farm (2 th) 6 generasi		Sukri Farm (4 th) 12 generasi	
Jumlah	Σ♀	Σ♂	Σ♀	Σ♂	Σ♀	Σ♂	Σ♀	Σ♂	Σ♀	Σ♂	Σ♀	Σ♂
Tetua	100	20	50	25	70	30	100	50	40	20	100	10
Ne	66,667		66,667		84		133,333		53,333		36,364	
2Ne	133,334		133,334		168		266,666		106,666		72,728	
F = *1/2Ne*	0,00749		0,00749		0,00595		0,00375		0,00937		0,01375	
Nilai F tabel (Tave ,1986)	0,75%		0,75%		0,60%		0,38%		0,80%		1,38%	
1+F	1,00749		1,00749		1,00595		1,00375		1,00937		1,01375	
N_{ef} = (Ne /1+F)	66,2036		66,2036		83,582		132,802		52,857		35,862	
N_{eUR}	4,3010		6,7510		6,46		6,926		6,6666		2,5518	
$P = (1,0-q)^{2Ne}$	0,26183		0,26183		0,1848		0,06855		0,34231		0,48145	
S = 1,0 - P	0,73817		0,73817		0,8152		0,93145		0,65769		0,51855	

Berdasarkan Tabel 2 dapat dibaca gambaran manajemen *hatchery* pada setiap pembudidaya sebagai berikut. Data dari *hatchery* bapak Gusi (±30 tahun) dan bapak Yahya

(5 tahun) menjadi fokus utama. *Hatchery* bapak Gusi yang telah beroperasi selama lebih 30 tahun (lebih dari 90 generasi), memiliki teknik jumlah induk yang tidak sesuai dengan formula Tave (1986) yaitu 100 betina: 20 jantan (5:1), dengan nilai Ne sebesar 66,667 dan nilai inbreeding sebesar 0,00749 per generasi serta nilai alel yang hilang (P) sebesar 0,26183. Inbreeding pada *hatchery* bapak Gusi lebih tinggi dari visualisasi 90 generasi *hatchery* bapak Yahya. Dugaan adalah proporsi jumlah betina yang lebih banyak dari jantan (5:1). Pada generasi ke 90 dengan nilai *inbreeding* yang kurang dari 1% (0,75%) dapat dikatakan bahwa *hatchery* bapak Gusi masih sehat.

Hatchery bapak Yahya memiliki nilai *effective breeding number* (Ne) tertinggi = 133,333, nilai efektif dalam populasi budidaya (Nef) = 132,802 dan probabilitas alel yang disimpan (S) = 0,93145. Nilai paling rendah untuk nilai *inbreeding* (F) = 0,00375 dan probabilitas alel hilang (P) = 0,06855. *Hatchery* ini beroperasi selama 5 tahun dengan 15 generasi budidaya, dengan pola budidaya 100 betina : 50 jantan (2:1). Perbandingan indukan ini tidak sesuai dengan formula Tave (1986). Simulasi kebugaran *hatchery* bapak Yahya pada generasi ke 90 (jumlah generasi yang sama dengan *hatchery* bapak Gusi dan Hasan saat ini), maka nilai *inbreeding* per generasi dari *hatchery* bapak yahya sebesar 0,00375 : 15 = 0,00025. Nilai ini masih lebih kecil jika dibandingkan dengan nilai *inbreeding* pada *hatchery* bapak Gusi.

Hatchery bapak Hasan memiliki nilai Ne, 2Ne, F, Nef, P dan S yang sama dengan *hatchery* bapak Gusi. Tetapi berbeda pada nilai NeUr, hal ini dikarenakan jumlah proporsi jantan dan betina pada *hatchery* bapak Hasan tidak sama dengan bapak Gusi. Jumlah jantan dan betina mempengaruhi terhadap keberhasilan produksi yang tidak sama dalam pembuahan jantan dan betina dalam satu populasi. Proporsi alel hilang pada *hatchery* bapak Gusi dan bapak Hasan dapat diasumsikan kecil jika dilihat dengan lama waktu budidaya yaitu 30 tahun (90 generasi). Sedikit alel yang hilang dalam pola budidaya bapak Hasan dan bapak Gusi disebabkan oleh teknik budidaya massal, dengan banyak bak budidaya, dan setiap bak mengalami rotasi indukan, sehingga alel yang hilang terminimalisir secara alami.

Hatchery bapak Didi dengan pola induk seperti dalam Tabel 2 jumlah alel hilang sekitar 0,1848 lebih kecil dari *hatchery* bapak Gusi dan bapak Hasan, karena jumlah tahun budidaya bapak Didi lebih kecil di banding bapak Hasan dan bapak Gusi yaitu 28 tahun (84 generasi). *Hatchery* bapak Warso dan bapak Sukri, masih sehat dikarenakan umur budidaya mereka masih kurang dari 5 tahun.

Seperti halnya dengan *inbreeding* (F), *effective breeding number* (Ne) adalah faktor yang menentukan besarnya *inbreeding* yang terjadi. Ne dan F memiliki hubungan yang

terbalik, saat Ne rendah *inbreeding* tinggi, begitu sebaliknya. Pada populasi yang besar, *inbreeding* (F) lemah dan seleksi terhadap mutasi yang merusak lebih efektif dari pada populasi kecil.

Dari paparan hasil tentang jumlah alel yang hilang selama budidaya maka hanyutan genetik (*genetic drift*), sangat penting dianalisa. Biasanya hanyutan genetik banyak terjadi pada populasi kecil, sehingga terjadi *inbreeding*. Akibatnya pergeseran genetik makin tinggi, sehingga alel terbaik dan alel langka yang hanya hadir pada lokus gen tertentu akan berangsur hilang dalam *gene pool*.

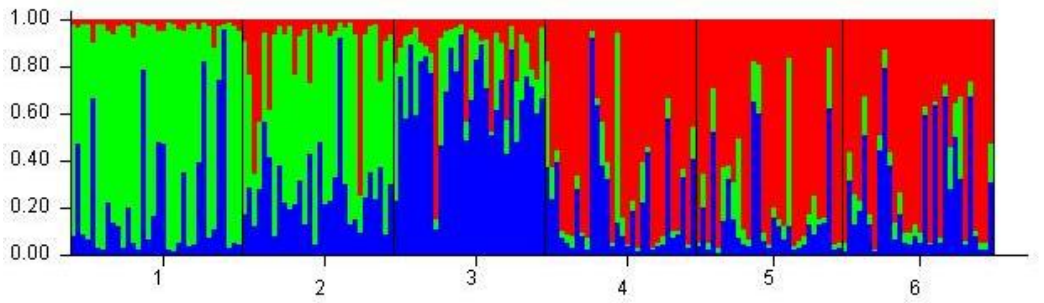
Hal ini sangat menarik, bahwa ukuran populasi dan jumlah induk dalam budidaya sangat mempengaruhi inbreeding dan hanyutan genetik. *Effective breeding number* (Ne) atau jumlah efektif budidaya adalah ukuran ideal sebuah populasi merupakan salah satu konsep yang paling penting dalam pengelolaan populasi, dalam hal ini memberikan indikasi tentang stabilitas genetik dari populasi karena nilai (Ne) berbanding terbalik dengan nilai tekanan *inbreeding* (F).

Nilai Ne pada spesies terancam punah dan langka adalah kunci penting dalam konservasi dan manajemen budidaya (Andersen *et al.*, 2004; Schwartz *et al*., 2007). Berkurangnya nilai populasi efektif dapat memberikan efek merusak, termasuk tekanan *inbreeding* dan hilangnya keragaman genetik, yang dapat mengurangi kemampuan spesies atau populasi untuk beradaptasi dengan perubahan lingkungan dalam merespon pengaruh lingkungan seperti penyakit dan patogen lainnya (Crnokrak and Roff, 1999).

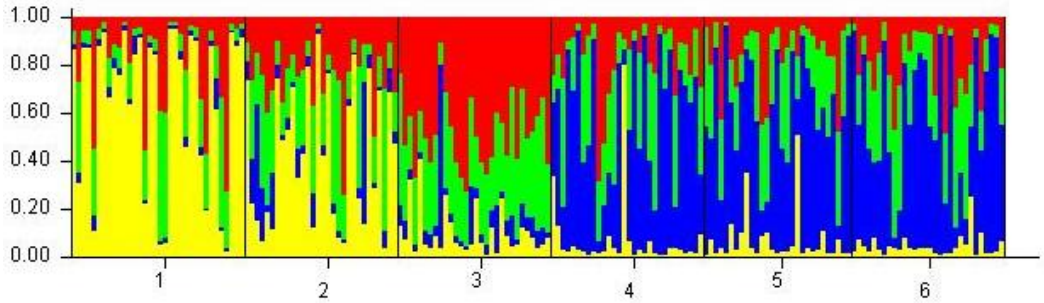
Analisa keragaman genetik populasi antar *hatchery* pembudidaya

Keragaman genetik diperoleh dari hasil analisa jumlah alel (Na), Heterozigositas ekspektasi (He), Heterozigositas teramati (Ho) dan frekuensi alel yang diolah dan dianalisa dengan menggunakan program GENETIX v4.05 (Belkhir *et al.* 1996). Analisa MICRO CHECKER v.2.2.3 (Van Oosterhout *et al*., 2004) (CI 95% bootstrap simulasi 1000x), memperlihatkan tidak ada kesalahan genotipe, tidak ada kehadiran null alel, tidak ada alel gagap dan tidak ada alel *drop out*. Hasil data dari program GENETIX v4.05 diolah lebih lanjut pada program STRUCTURE v2.3.2 (Pitchard *et al*., 2000).

Berikut di tampilkan analisa struktur populasi, dengan gambaran frekuensi alel yang terdapat pada setiap *hatchery* (Gambar 1).



K3



K4

Gambar 1. Gambar 1. Hasil genetik pengelompokkan dalam struktur berdasarkan 12 lokus mikrosatelit. Setiap vertikal bar mewakili individu sampel, dan tinggi masing-masing segmen berwarna dalam setiap bar mewakili probabilitas sampel dalam masing-masing populasi. Hasil digambarkan secara optimal dengan nilai K (K = 3 dan K = 4). Warna adalah variasi alel yang dimiliki setiap populasi

Program STRUCTURE (Pritchard *et al*., 2000) memformulasikan sub populasi (populasi setiap *hatchery* budidaya) adalah *self*-fertilisasi tanpa adanya *Hardy-Weinberg Equilibrium*.

Analisa struktur populasi menunjukkan bahwa populasi dalam *hatchery* bapak Hasan sangat spesifik berbeda dari populasi *hatchery* lainnya. Terlihat dari nilai K = 3 dan K = 4, yang mana *hatchery* bapak Hasan konsisten dengan pola yang berbeda pada setiap nilai K. Alel dominan pada *hatchery* bapak hasan merupakan *rare allel* (alel langka) yang tidak dimiki oleh pembudidaya lainnya terlihat dari hasil analisa struktur populasi. Dapat dikatakan bahwa *founder* populasi pada *hatchery* bapak Hasan memiliki alel yang berbeda dari *founder* populasi pada *hatchery* pembudidaya lainnya.

Dari hasil analisa struktur populasi ini terlihat bahwa populasi pendiri (*founder population*) pada setiap *hatchery* adalah berbeda. Setiap pembudidaya *hatchery* adalah *independent* dalam usaha budidaya mereka. Para pembudidaya ini tidak melakukan *sharing* indukan, semua indukan dan hasil produksi mereka kelola sendiri secara terus menerus dan turun temurun.

Founder population menjadi dasar populasi pada setiap *hatchery*. Selama usaha budidaya, terjadi perubahan pada frekuensi gen sebagai akibat dari perkawinan dalam 1 *gene pool*. Pergeseran genetik dapat terjadi selama proses pemijahan / penciptaan generasi

berikutnya. Gen ditransfer dari tetua kepada keturunannya (transfer gen dalam waktu yang sama; dari satu generasi ke generasi berikutnya). Ketika ikan dipindahkan dari satu *hatchery* ke *hatchery* yang lain (transfer gen melintasi ruang).

Oubourg *et al.* (2010) mengatakan bahwa (1) Peningkatan frekuensi alel homozigot akan mengurangi kesehatan individu sehingga terjadi penurunan viabilitas, (2) Hilangnya variasi genetik dalam suatu populasi akan membuat penurunan kelangsungan hidup jangka panjang dari populasi, (3) Populasi baru yang terisolasi secara genetik semakin berbeda dari populasi asalnya dan (4) Akibat perkawinan satu *gene pool* secara terus menerus, maka pergeseran genetik dalam populasi semakin tinggi, sehingga meningkatkan hilangnya alel langka dalam populasi tersebut.

Simpulan

Hatchery pada setiap pembudidaya dari *hatchery* tertua bapak Gusi dan bapak Hasan hingga *hatchery* termuda bapak Warso masih dalam kondisi bugar dan belum mengalami *inbreeding*. Dari analisa struktur populasi disimpulkan bahwa; populasi pendiri dari setiap *hatchery* adalah berbeda. Terlihat dari gambaran analisa struktur populasi setiap *hatchery* berbeda. *Hatchery* bapak Hasan sangat berbeda dan spesifik dan memiliki alel yang berbeda dari *hatchery* lainnya.

Persantunan

Kami mengucapkan terima kasih yang sebesar besarnya kepada Kedutaan Besar - Kementerian Luar Negeri Negara Perancis dan IRD (l'institut de recherche pour le development) Perancis atas beasiswa dan dana penelitian yang di berikan, sehingga penelitian ini dapat terlaksana. Ucapan Terima kasih dan penghargaan kami kepada bapak Sumanta atas jasa dan bantuan selama survey pada pembudidaya *M. boesemani* di kawasan Jabodetabek, sehingga data yang di dapatkan sangat akurat dan tajam.

Daftar Pustaka

Allen GR, Cross NJ. (1980). Descriptions of five new rainbowfish (Melanotaeniidae) from New Guinea, Rec. *West Aust. Mus*.8(3):377-396.

Allendrof FW. 1993. Delay of Adaptation to Captive Breeding by Equalizing Family Size. *Conservation Biology*. 7(2):416-419.

Andersen LW, Fog K, Damgaard C. 2004. Habitat fragmentation causes bottlenecks and inbreeding in the european tree frog (*Hyla arborea). Proc R Soc Lond B*.271:1293-1302.

Angfa. 2011. Rainbowfishe Their Care & Keeping in Captivity. Second Edition.

Belkhir K, Borsa P, Chikhi L, Raufaste N, Bonhomme F. 1996. GENETIX 4.05, logiciel sous WindowsTM pour la génétique des populations, CNRS, Laboratoire génome, populations, interactions, Montpellier, France.

Crnokrak P, Roff DA. 1999. Inbreeding depression in the wild heredity. 83:260-270.

Philippart JC. 1995. Is captive breeding an effective solution for the preservation of endemic species. *Biological conservation*.72:281-295.

Smith HP, Jones R, Kailola P. 2007. FINAL REPORT. Scientific review of the biosecurity risks associated with the importation of rainbowfish for ornamental purposes. Panaquatic® Health Solutions Pty Ltd, pp 101.

IUCN. (2013). IUCN Red List of Threatened Species [internet]. [diacu 2013 Agustus 1]. Tersedia dari, www.iucnredlist.org

Kadarusman. 2012. Rainbowfishes from West Papua (Melanotaeniidae): Evolution and Systematics. These Doctorat de l'Universite de Toulouse France , pp 161.

Nugraha MFI, Pouyaud L, Carman O, Kadarusman, Widyastuti U, Avarre JC. 2014. Development of twelve novel polymorphic microsatellite DNA markas for the Boeseman's rainbowfish (*Melanotaenia boesemani*) and test for their cross-utility in 21 rainbowfish species from West Papua (Indonesia). *European Journal Wild Life Research*. 60:941-946. doi: 10. 1007/s10344-014-0868-2.

Nugraha MFI, Pouyaud L, Carman O, Widyastuti U, Junior MZ, Kadarusman, Avarre JC. 2015. Genetic diversity of Boeseman's rainbowfish *Melanotaenia boesemani* reared in Indonesian farms compared to endangered natural population. *Tropical Conservation Science*. 8(3):796-805.

Ouborg NJ, Pertoldi C, Loeschcke V, Bijlsma RK, Hedrick PW. 2010. Conservation genetics in transition to conservation genomics. *Trends in Genetics*. 26 (4):177-187. doi:10.1016/j.tig.2010.01.001.

Pritchard JK, Stephens M, Donnelly P. 2000. Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*. 155:945-959.

Schwartz M, Luikart G, Waples R. (2007). Genetic monitoring as a promissing tool for conservation and management. *Trends Ecol Evo.* 22:25-33.

Tave D. 1986. Genetics for fish hatchery managers. Avi publishing company, Inc. Westport, Connecticut, 113 - 227

Van Oosterhout C, Hutchinson WF, Wills DPM, Shipley P. (2004). Micro-Checker: software for identifying and correcting genotyping errors in microsatellite data. *Mol Ecol Note.* 4: 535-538m.