

**Karakterisasi Morfologi dan Diversitas Genetik Hasil Persilangan
Macrobrachium rosenbergii (De Man, 1879)
 Populasi Samas, Bone, dan Sintetis**

**Morphological Characterization and Genetic Diversity of
Macrobrachium rosenbergii (De Man, 1879) Crossbreeding Result
 from Samas, Bone, and Sintetis Populations**

Trijoko¹, Niken Satuti Nur Handayani², Anggun Feranisa^{1,2}

¹Laboratorium Taksonomi Hewan, Fakultas Biologi Universitas Gadjah Mada,

²Laboratorium Genetika, Fakultas Biologi Universitas Gadjah Mada

Email: trijokobio@gmail.com

Abstract

In Indonesia, research for the prime seed of *Macrobrachium rosenbergii* crossbreeding is rarely done. The aims of this study are to study F1's morphological character and genetic diversity from the result of crossbreeding between *M. rosenbergii* Samas, Bone, and Sintetis populations. In this study, genetic characterization was known by using PCR RAPD method utilizes three primers and morphological characterization. Data were analysed with UPGMA algorithm and *Simple Matching* coefficient that were presented in dendrogram. F1's coefficient heterosis was counted based on ratio from the average of *cephalothorax* and *abdoment* length and also ratio from the average of standard length of *charapax* and the average of *abdomen* length. The results showed that there was a very high genetic diversity in F1 population. The specific locus was found in individuals from Sintetis and Samsam populations. 100% Polimorfism was found from F1's DNA amplification result, meanwhile monomorphism 50% was found from parent's DNA amplification result on OPA 20. The highest F1 heterosis was found in Samas and Sintetis genotype.

Key words: *Macrobrachium rosenbergii*, crossbreeding, morphological characterization, RAPD marker, heterosis

Abstrak

Di Indonesia, penelitian terhadap bibit unggul *Macrobrachium rosenbergii* hasil persilangan masih jarang dilakukan. Penelitian ini bertujuan mempelajari karakter morfologis dan diversitas genetik F1 hasil persilangan antara *M. rosenbergii* populasi Samas, Bone, dan Sintetis. Pada penelitian ini, dilakukan karakterisasi genetik dengan metode PCR-RAPD menggunakan tiga primer dan karakterisasi morfologi. Data dianalisis dengan algoritme UPGMA dan koefisien *Simple Matching* untuk disajikan dalam bentuk dendrogram. Koefisien heterosis F1 dihitung berdasarkan karakter *perbandingan* rerata panjang *sephalothoraks* dan *abdomen* serta *perbandingan* rerata panjang standar *karapaks* dan *abdomen*. Hasil yang diperoleh yaitu terdapat diversitas genetik yang tinggi pada populasi F1. Locus spesifik ditemukan pada individu-individu dalam populasi Sintetis dan Samsam. Polimorfisme 100% ditemukan pada hasil amplifikasi DNA F1, sedangkan monomorfisme 50% ditemukan pada hasil amplifikasi DNA induk pada *primer* OPA 20. Heterosis terbesar F1 ditemukan pada genotip Samas dan Sintetis.

Kata kunci: *Macrobrachium rosenbergii*, perkawinan silang, karakterisasi morfologi, *marker* RAPD, heterosis

Pendahuluan

Berdasarkan data FAO (2011), udang galah merupakan salah satu produk unggulan komoditas perikanan air tawar yang memiliki nilai gizi yang tinggi dan banyak diminati oleh konsumen dari berbagai negara di dunia. India, Bangladesh, Viet Nam, dan Thailand (Uraiwan and Sodsuk, 2005) merupakan negara-negara pengekspor terbesar udang galah di Asia. Menurut Khasani dkk. (2010), di Indonesia udang galah ditetapkan sebagai salah satu komoditas ekspor perikanan air tawar unggulan karena memiliki nilai ekspor yang relatif tinggi.

Menurut Khasani dkk. (2010), syarat agar dapat dilakukan perkawinan silang adalah tersedianya populasi udang galah yang berbeda secara genetik baik karena terisolasi geografi maupun populasi hasil budidaya yang telah didomestikasi. Adapun sasaran perkawinan silang ini, yaitu untuk mendapatkan populasi *final stock* (benih sebar) dengan efek heterosis yang signifikan, sehingga menghasilkan benih udang galah hibrida yang unggul.

Karakter morfologis merupakan karakter yang didasarkan pada hereditas Mendel yang sederhana, seperti bentuk, warna, ukuran dan berat (Suryo, 2008). Karakter genetik merupakan fragmen DNA yang dapat menunjukkan polimorfisme di antara individu (Liu *et al.*, 2007). *Random Amplified Polymorphic DNA* (RAPD) banyak digunakan dalam mengidentifikasi keragaman pada tingkat intraspecies maupun antar species (Jena and Das, 2006). Menurut Kumar dan Gurusubramanian (2011), teknik ini dirancang pertama kali oleh Williams dkk dan dipublikasikan pada tahun 1990. Menurut Kumar and Gurusubramanian (2011),

keuntungan menggunakan teknik RAPD ini, yaitu tidak diperlukan informasi awal mengenai urutan DNA genom organisme yang diuji.

Analisis keragaman genetik suatu organisme mampu dijadikan sebagai landasan *persilangan* untuk menghasilkan benih yang unggul (Kilawati, 2006). Analisis diversitas genetik dengan metode RAPD telah dilakukan pada beberapa jenis udang dan ikan, di antaranya pada *Badis badis* dan *Dario dario* (Brahmane *et al.*, 2008), *Tenualosa ilisha* (Brahmane *et al.*, 2006), beberapa jenis *Macrobrachium* (Guerra *et al.*, 2010), serta beberapa jenis ikan air tawar dan ikan laut (Ali *et al.*, 2004). Berdasarkan penelitian yang dilakukan oleh Cabezas *et al.* (2010), Indeks Similaritas dengan primer RAPD yang menunjukkan beberapa populasi merupakan satu spesies yang sama adalah lebih besar atau sama dengan 50%. Menurut Kumar and Gurusubramanian (2011), RAPD dapat digunakan untuk melihat pola penurunan sifat Mendelian dalam suatu populasi. RAPD dapat mendeteksi alel-alel dominan, tetapi tidak dapat mendeteksi alel-alel resesif. Jika sifat yang diturunkan adalah homozigot resesif, maka tidak akan muncul pita pada hasil amplifikasi RAPD. Oleh karena itu, RAPD juga digunakan dalam beberapa penelitian mengenai peningkatan mutu broadstock udang, seperti pada *Litopenaeus vannamei* (Dominigues de Freitas and Galetti Jnr, 2005), *Fenneropenaeus indicus* (Gilkolaei *et al.*, 2010), dan *Macrobrachium rosenbergii* (See *et al.*, 2008).

Adapun beberapa populasi yang sedang dikembangkan pada penelitian di UKBAP BBUG Samas ini antara lain populasi Samas, Bone, dan Sintetis. Menurut Ristiyani (2011), populasi Samas atau Gi Macro 2009 merupakan hasil perkawinan

antara udang galah lokal Samas (Bantul, DIY) betina dengan Gi Macro 2005 jantan. Populasi Gi Macro 2005 berasal dari hasil seleksi Gi Macro 2002. Populasi Bone merupakan populasi udang galah yang berasal dari hasil perkawinan *inbreeding* populasi liar Maros (Sulawesi Selatan) yang dipijahkan di Pelabuhan Ratu (Sukabumi, Jawa Barat) untuk didomestikasi. Populasi Sintetis merupakan populasi udang galah yang berasal dari campuran hasil perkawinan beberapa populasi udang galah yang tak teratur antara udang galah yang berasal dari Sungai Barito (Kalimantan Selatan), Sungai Musi (Sumatera Selatan), Sungai Kapuas (Kalimantan Barat), G.I. Macro 2001, dan Sungai Citanduy (Jawa Barat). Populasi ini telah didomestikasi selama 1 tahun di UKBAP BBUG Samas. Ketiga populasi ini dikawinsilangkan, sehingga diperoleh bibit unggul yang dapat menjadi primadona baru yang memiliki kualitas terbaik dari segi morfologi maupun genetiknya dan mampu menjadi pendongkrak produktivitas udang galah di Indonesia. Penelitian mengenai faktor genetis dan analisis molekuler pada populasi-populasi udang galah ini belum dilakukan. Penelitian ini bertujuan untuk mempelajari karakter morfologis dan

diversitas genetik F1 hasil persilangan antara udang galah populasi Samas, Bone, dan Sintetis.

Material dan Metode

Penelitian ini berlangsung sejak Februari hingga Nopember 2011. Sampel yang digunakan dalam penelitian ini meliputi: Udang Galah yang dibudidayakan di Unit Kerja Budidaya Air Payau Balai Budidaya Udang Galah (UKBAP BBUG), Samas, DIY, yaitu populasi Samas, Bone, dan Sintetis, serta hasil anakan F1 masing-masing persilangan antara ketiga populasi tersebut yaitu Samsam, Sinsin, Bobo, Samsin, Sambo, Sinsam, Sinbo, Bosam, dan Bosin.

Populasi Samas, Bone, dan Sintetis saling dikawinsilangkan di Balai Budidaya Udang Galah, Samas, DIY. Anakan F1 dibesarkan di KP4 UGM, Berbah, Sleman, DIY. Kemudian, setelah diperoleh hasil anakannya, dan usianya telah cukup dewasa (5-6 bulan), udang dipanen dan diambil sebagai sampel untuk masing-masing anakan hasil persilangan, dan masing-masing indukan.

Variasi persilangan udang galah yang dilakukan pada penelitian ini dapat dilihat pada Tabel 1.

Tabel 1. Variasi Persilangan *M. rosenbergii*

		Betina ()		
		Samas (sam)	Bone (bo)	Sintetis (sin)
Jantan ()	Samas (sam)	Samsam	Bosam	Sinsam
	Bone (bo)	Sambo	Bobo	Sinbo
	Sintetis (sin)	Samsin	Bosin	Sinsin

Perbandingan Jantan : Betina dalam 1 kolam indukan (pemijahan) = 1 : 1

Sampel selanjutnya dibawa ke laboratorium untuk dikarakterisasi morfologi, morfometri, dan diambil sampel DNANYa. Karakterisasi morfologi dan morfometri dilakukan di Laboratorium Taksonomi Hewan. Karakterisasi morfologi dilakukan dengan mengamati sifat-sifat fenotip yang dimiliki Udang Galah dari 12 populasi tersebut. Data yang di ambil meliputi data morfometri dan data-data kualitatif. Masing-masing populasi indukan maupun calon induk (F1), diambil 10 individu sebagai sampel. Pengujian diversitas genetik dengan PCR-RAPD dilakukan di Laboratorium Genetika Fakultas Biologi dan di Laboratorium Genetika dan *Plant Breeding* Fakultas Pertanian UGM, DIY. Masing-masing populasi indukan maupun calon induk, diambil 2 individu untuk dianalisis. Ekstraksi DNA Udang Galah ini dilakukan berdasarkan panduan *GenJET Invitrogen Genomic DNA Isolation Kit*.

Pada penelitian ini diseleksi sembilan primer RAPD yaitu OPA 1, OPA 2, OPA 8, OPA 9 (See *et al.*, 2008), OPA 11, OPA 12, OPA 15, OPA 16, dan OPA 20 (Guerra *et al.*, 2010). Dua primer yang menunjukkan polimorfisme tinggi adalah OPA 8 (5'-GTG ACG TAG G-3') dan OPA 9 (5'-GGG TAA CGC C-3'), dan satu primer yang menunjukkan monomorfisme yang tinggi adalah OPA 20 (5'-GTT GCG ATC C-3'). Suhu optimum untuk *annealing* pada penelitian ini adalah 37°C untuk semua primer dan reaksi PCR-RAPD dilakukan dalam 45 siklus. Optimasi suhu dan waktu untuk proses denaturasi dan ekstensi mengacu pada penelitian Guerra *et al.* (2010).

Proses PCR akan dilakukan dengan kondisi pradenaturasi pada suhu 94°C selama 3 menit, denaturasi 94°C selama 30 detik, penempelan primer

(*annealing*) 37°C 1 menit, ekstensi 72°C selama 2 menit, dan post ekstensi 72°C selama 5 menit. Kemudian, hasil PCR dapat diamati dengan elektroforesis menggunakan agarose 1,75% dalam buffer TBE (Tris Borat EDTA). *Vivantis DNA ladder* digunakan sebagai marker.

Data-data karakter morfologis, morfometri, dan foto hasil elektroforesis DNA tersebut diubah menjadi matrik 0-1. Pengkonversian pita DNA menjadi data biner (0-1) ini dilakukan lima ulangan oleh lima orang peneliti yang berbeda. Selanjutnya, data dianalisis menggunakan NTSYS dengan algoritme UPGMA dan koefisien *Simple Matching*. Hasil yang diperoleh berupa dendrogram similaritas.

Kemudian, koefisien heterosis dihitung dengan rumus (Hadie dkk, 2005):

$$\%H = \frac{P_{\text{silangan}}(AB+BA) - P_{\text{tetua}}(AA+BB)}{P_{\text{tetua}}(AA+BB)} \times 100\%$$

Keterangan:

%H = koefisien heterosis
 (AA+BB) = karakter morfologis populasi tetua
 (AB+BA) = karakter morfologis populasi F1 *outbreeding*

Pada penelitian ini, nilai koefisien heterosis karakter perbandingan rerata panjang *sephalothoraks* dan *abdomen* serta perbandingan rerata panjang standar *karapaks* dan *abdomen* dibandingkan antara masing-masing populasi F1 sebagai dasar penentuan calon induk bibit unggul generasi selanjutnya.

Hasil dan Pembahasan

Karakterisasi morfologi dilakukan untuk memperoleh *database* karakter morfologis pembeda

antara populasi induk Samas, Bone, dan Sintetis. Ketiga populasi calon induk termasuk dalam Filum *Arthropoda*, Classis *Crustacea*, Ordo *Decapoda*, Supersectio *Natantia*, Sectio *Caridea*, Familia *Palaemonidae*, Genus *Macrobrachium*, dan Spesies *Macrobrachium rosenbergii* (De Man, 1879).

Selanjutnya, karakterisasi morfometri dilakukan. Hasil morfometri merupakan *database* untuk pemilihan calon induk masing-masing

populasi. Adapun karakter morfometri yang menentukan nilai ekonomis adalah perbandingan rerata panjang standar *karapaks* (dari tangkai mata hingga pangkal *abdomen*) dengan rerata panjang *abdomen* (dari pangkal *abdomen* hingga pangkal *telson*), serta perbandingan rerata panjang *sephalothoraks* (panjang *karapaks* dari ujung *rostrum* sampai pangkal *abdomen*) dengan rerata panjang *abdomen*. Hasil pengukuran dapat dilihat pada Tabel 2.

Tabel 2. Hasil Morfometri Dasar Peningkatan Nilai Ekonomis Populasi Induk

Populasi	Perbandingan rerata panjang <i>sephalothoraks</i> dan panjang <i>rostrum</i>	Perbandingan rerata panjang <i>sephalothoraks</i> dan panjang <i>abdomen</i>	Perbandingan rerata panjang standar <i>karapaks</i> dan panjang <i>abdomen</i>
Samas	1 : 0,96	1 : 1,20	1 : 1,70
Bone	1 : 0,97	1 : 1,27	1 : 1,76
Sintetis	1 : 0,94	1 : 1,20	1 : 1,67

Pada Tabel 2, tampak bahwa *abdomen* terpanjang dibandingkan rerata panjang *sephalothoraks* dan rerata panjang standar *karapaks* adalah populasi Bone. Hal ini berarti seharusnya populasi Bone akan menurunkan *abdomen* yang panjang pula. Sedangkan, *abdomen* terpendek dimiliki oleh populasi Sintetis, dengan perbandingan rerata panjang standar *karapaks* dan panjang *abdomen* adalah 1:1,67. Hal ini menunjukkan bahwa karakter morfologis populasi Sintetis kurang menguntungkan dalam segi ekonomi.

Setelah perkawinan silang, hasil morfometri menunjukkan bahwa rata-rata terjadi pemanjangan *sephalothoraks* pada masing-masing populasi F1. *Rostrum* terlihat memendek pada perbandingan rerata panjang standar *karapaks* dan *rostrum*. Hal ini

dimungkinkan karena terjadi pemanjangan pada rerata panjang standar *karapaks*. Pemanjangan ini mempengaruhi perbandingan rerata panjang *sephalothoraks* dan *abdomen*, yang menjadi salah satu dasar peningkatan nilai ekonomis udang. *Abdomen* menjadi tampak lebih pendek setelah dibandingkan dengan rerata panjang *sephalothoraks*. Namun, jika dibandingkan dengan rerata panjang standar *karapaks* (tanpa melibatkan panjang *rostrum*), maka *abdomen* masih tampak lebih panjang. Adapun perbandingan panjang *abdomen* dan panjang standar *karapaks* cukup bervariasi. Hasil morfometri yang menjadi dasar peningkatan nilai ekonomis antara kesembilan populasi F1 dapat dilihat pada Tabel 3.

Tabel 3. Hasil Morfometri Dasar Peningkatan Nilai Ekonomis Populasi F1

Populasi	Perbandingan rerata panjang <i>sephalothoraks</i> dan panjang <i>rostrum</i>	Perbandingan rerata panjang <i>sephalothoraks</i> dan panjang <i>abdomen</i>	Perbandingan rerata panjang standar <i>karapaks</i> dan panjang <i>abdomen</i>
Samsam ^{^^}	1 : 0,69	1 : 0,96	1 : 1,78
Bobo [^]	1 : 0,69	1 : 0,93	1 : 1,68
Sinsin ^{^^}	1 : 0,61	1 : 0,93	1 : 1,66
Bosam [*]	1 : 0,65	1 : 0,97	1 : 1,69
Sambo [*]	1 : 0,65	1 : 0,95	1 : 1,68
Sinbo	1 : 0,66	1 : 0,98	1 : 1,78
Bosin	1 : 0,70	1 : 0,94	1 : 1,66
Sinsam ^{***}	1 : 0,70	1 : 1	1 : 1,79
Samsin ^{***}	1 : 0,68	1 : 0,99	1 : 1,74

Keterangan: ^{^^}= *inbreeding* mengalami peningkatan panjang *abdomen*; [^]= *inbreeding* dengan panjang *abdomen* relatif stabil; [^]= *inbreeding* mengalami penurunan panjang *abdomen*; ^{***}=pasangan *outbreeding* dengan *abdomen* terpanjang; ^{*}=pasangan *outbreeding* dengan *abdomen* terpendek

Pada populasi hasil *inbreeding*, tampak bahwa peningkatan perbandingan rerata panjang standar dan panjang *abdomen* dibandingkan induk (Samas) dimiliki oleh populasi Samsam (1:1,78). Hal ini berarti pada populasi Samas telah terkumpul alel-alel dominan, sehingga genotip yang muncul pada keturunan *inbreeding*nya kemungkinan sebagian besar homozigot dominan. Dalam hal karakter unggul morfologis, genotip homozigot dominan akan semakin meningkatkan mutu karakter tersebut. Namun, penurunan perbandingan rerata panjang standar *karapaks* dan panjang *abdomen* dibandingkan induk dimiliki oleh populasi Bobo. Hal ini berarti pada populasi Bone, yakni *inbreeding* populasi Maros memunculkan cukup banyak frekuensi alel resesif, sehingga kemunculan genotip homozigot resesif kemungkinan meningkat. Genotip homozigot resesif ini dapat menurunkan

mutu karakter morfologis. Sedangkan, perbandingan rerata panjang standar *karapaks* dan *abdomen* pada populasi Sinsin relatif stabil. Hal ini dimungkinkan karena masih tingginya frekuensi genotip heterozigot pada populasi Sinsin.

Perkawinan *outbreeding* dilakukan dengan tujuan adanya perbaikan mutu genetik filial (anakan). Populasi *inbreed* yang telah mengalami seleksi jika dikawinkan dengan populasi yang masih memiliki heterozigositas tinggi akan dapat menghasilkan keturunan yang lebih stabil karena meminimalisir munculnya genotip homozigot resesif. Pada populasi hasil *outbreeding*, tampak *abdomen* yang paling panjang dihasilkan oleh populasi Sinsam yaitu 1: 1,79. Perbandingan rerata panjang standar *karapaks* dan panjang *abdomen* Sinbo yaitu 1: 1,78. Sementara itu, *abdomen* yang tampak paling pendek justru dihasilkan oleh

resiproknya, yaitu Bosin dengan perbandingan rerata panjang standar *karapaks* dan panjang *abdomen* yaitu 1: 1,66. Hal ini menunjukkan kemungkinan induk Bone jantan membawa karakter *abdomen* yang panjang, sedangkan induk Sintetis jantan membawa karakter *abdomen* pendek. Perbandingan rerata pada *outbreeding* Sinsam-Samsin dan Sambo-Bosam tampak cenderung seragam. Hal ini dimungkinkan karena keempat populasi ini sama-sama mewarisi genotip Samas. Populasi Samas telah lebih lama mengalami domestikasi daripada Sintetis, sedangkan populasi Bone berasal dari *inbreeding* populasi Maros liar yang didomestikasi. Populasi Sinsam-Samsin memiliki karakter *abdomen* lebih panjang dibanding *karapaks* daripada populasi Sambo-Bosam. Hal ini disebabkan kemungkinan terkumpulnya alel-alel homozigot yang menguntungkan pada populasi Sinsam-Samsin, sehingga kemungkinan frekuensi munculnya karakter yang menguntungkan tersebut dapat lebih besar. Oleh karena itu, dimungkinkan

alel-alel dominan yang menguntungkan dari segi morfologis pada populasi Samas telah terkumpul akibat dari proses *inbreeding* dan seleksi *breeding* yang cukup panjang. Ketika populasi Samas dikawinsilangkan dengan Sintetis yang memiliki frekuensi kemunculan genotip heterozigot lebih tinggi, maka akan memberikan hasil yang lebih baik.

Alel-alel dominan pada populasi Samsin dan Sinsam ini akan lebih stabil frekuensi kemunculannya dibandingkan yang lain, sehingga kemungkinan dapat membawa karakter morfologis menguntungkan dalam peningkatan mutu bibit unggul *M. rosenbergii* di masa depan.

Karakterisasi genetik dilakukan menggunakan metode RAPD dengan menggunakan 3 primer oligonukleotida dekamer. Karakterisasi genetik ini dilakukan untuk mengetahui tingkat similaritas genetik di antara hasil amplifikasi DNA populasi induk (parental) dan DNA populasi F1. Karakteristik produk amplifikasi DNA ini dapat dilihat pada Tabel 4 dan Tabel 5.

Tabel 4. Primer dan Karakteristik Produk Amplifikasi DNA pada Populasi Parental

Primer	Jumlah Fragmen Teramplifikasi	Fragmen Polimorfik	Fragmen Monomorfik	Presentase Polimorfisme (%)
OPA 8	11	11	0	100
OPA 9	13	13	0	100
OPA 20	48	24	24	50
Jumlah	72	48	24	66,67

Tabel 5. Primer dan Karakteristik Produk Amplifikasi DNA pada Populasi F1

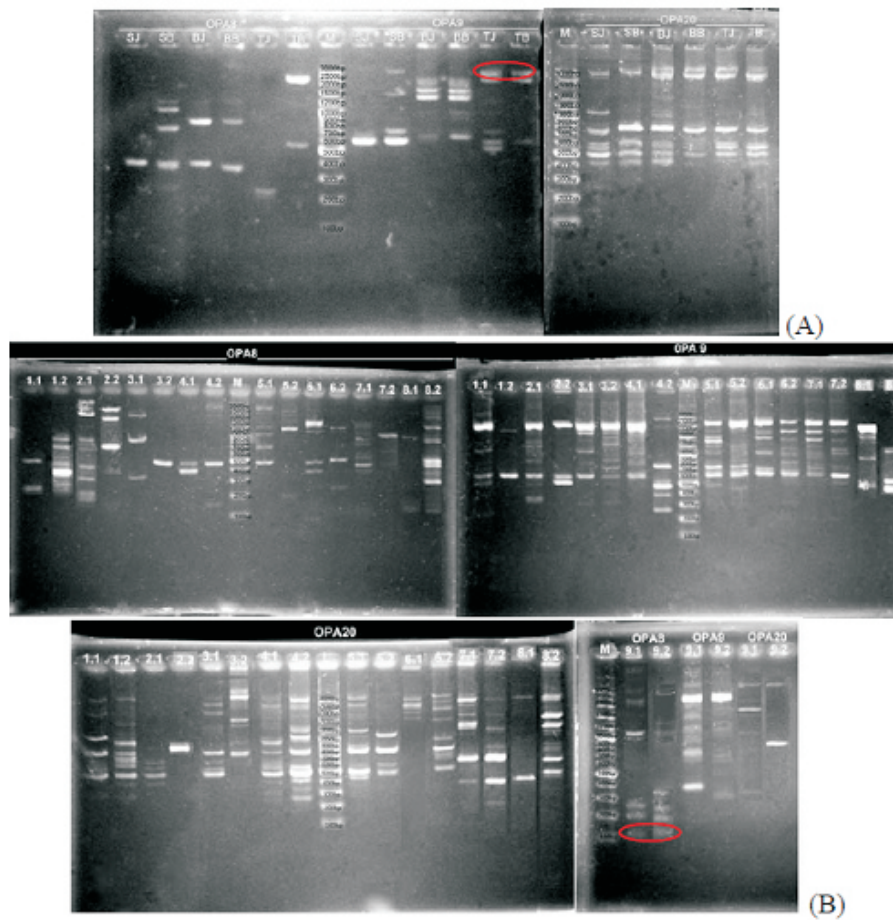
Primer	Jumlah Fragmen Teramplifikasi	Fragmen Polimorfik	Fragmen Monomorfik	Presentase Polimorfisme (%)
OPA 8	83	83	0	100
OPA 9	102	102	0	100
OPA 20	96	96	0	100
Jumlah	281	281	0	100

Hasil amplifikasi DNA populasi parental dan populasi F1, menunjukkan perbedaan tingkat polimorfisme DNA. Pada populasi parental, tingkat polimorfisme DNA hanya mencapai 66,67% karena hanya terdapat 72 fragmen DNA yang polimorfik. Pada populasi ini, terdapat 33,33% atau 24 fragmen DNA hasil amplifikasi DNA yang monomorfik pada primer OPA 20. Hal ini menunjukkan bahwa tingkat polimorfisme populasi parental cukup rendah. Sedangkan, pada populasi F1, tingkat polimorfisme mencapai 100%. Hal ini menunjukkan bahwa tingkat polimorfisme populasi F1 tinggi. Dengan demikian, berarti variasi genetik F1 lebih tinggi dibandingkan variasi genetik parental. Variasi genetik yang tinggi ini diharapkan dapat menghasilkan bibit unggul yang dapat menjadi andalan dalam program budidaya udang galah di Indonesia. Namun demikian, perlu dilakukan stabilisasi genetik terlebih dahulu sebelum populasi andalan dilepas ke petani.

Berdasarkan hasil amplifikasi PCR-RAPD, diketahui bahwa terdapat pita DNA yang berada pada lokus yang spesifik. Lokus spesifik ini merupakan lokus yang hanya dimiliki suatu populasi dan tidak dimiliki populasi lainnya. Pada primer

OPA 8 ditemukan lokus spesifik dengan ukuran 100bp pada individu-individu yang berasal dari populasi Samsam. Hasil amplifikasi dengan primer OPA 9 ditemukan lokus spesifik dengan ukuran 2700bp pada individu-individu yang berasal dari populasi Sintetis. Sedangkan, dengan primer OPA 20 tidak ditemukan lokus spesifik yang dimiliki bersama dalam suatu populasi seperti pada kedua primer lainnya. Hasil amplifikasi DNA ini dapat dilihat pada Gambar 1.

Lokus spesifik tersebut tidak selalu diturunkan ke populasi filial, seperti halnya lokus spesifik yang ditemukan pada populasi Sintetis tidak ditemukan juga pada populasi Sinsin hasil *inbreeding*nya. Hal ini terjadi karena kemungkinan lokus yang diturunkan ke filialnya tersebut berasal dari sister kromatid lokus spesifik parental. Sedangkan, lokus spesifik yang ditemukan pada populasi Samsam tidak ditemukan pula pada populasi Samas. Hal ini dimungkinkan karena terjadinya peristiwa pindah silang saat proses pembentukan gamet. Pindah silang ini menyebabkan adanya variasi gamet pada parental, sehingga memunculkan tipe rekombinan pada keturunannya.



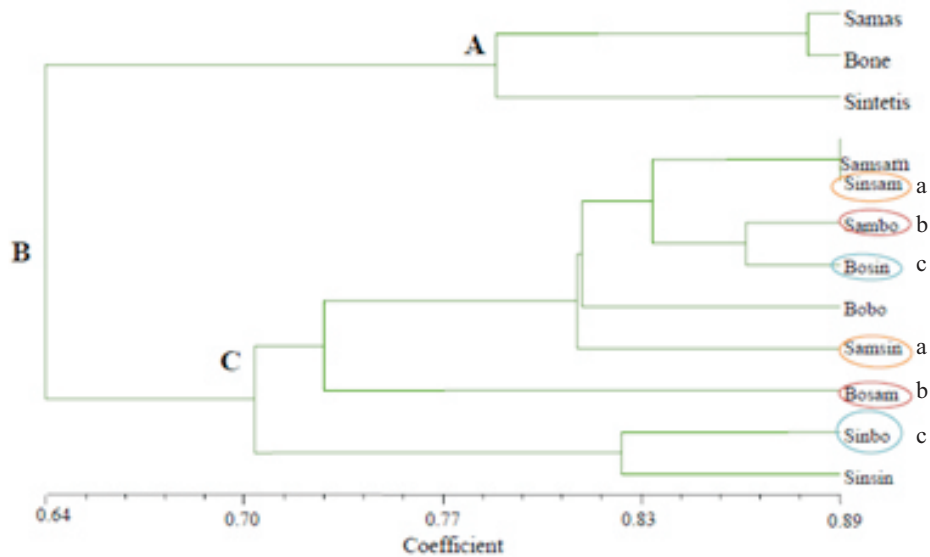
Gambar 1. Hasil Amplifikasi DNA Induk (A) dan F1 (B). Keterangan: SJ-SB = Samas; BJ-BB = Bone; TJ-TB = Sintetis; 1.1-1.2 = Sinsin; 2.1-2.2 = Bosin; 3.1-3.2 = Samsin; 4.1-4.2 = Sinbo; 5.1-5.2 = Bobo; 6.1-6.2 = Sambo; 7.1-7.2 = Sinsam; 8.1-8.2 = Bosam; 9.1-9.2 = Samsam; M = Marker

Berdasarkan analisis similaritas karakter morfologis dan karakter genetik dengan koefisien *Simple Matching* (SM), baik pada dendrogram karakter morfologis maupun karakter genetik tampak bahwa populasi induk (parental) membentuk kluster sendiri terpisah dari populasi F1 hasil persilangan. Dendrogram karakter morfologis ini dapat dilihat pada Gambar 2. Karakter morfologis induk mengelompok pada kluster 78,25% (A) berkisar antara 78,25% hingga 87,75%, sedangkan karakter morfologis F1 mengelompok pada kluster 70,2% (C) berkisar antara 70,2% hingga 89%. Antara karakter morfologis induk dan F1 bergabung

pada kluster 64% (B). Hal ini menunjukkan bahwa terdapat adaptasi morfologis yang berbeda antara populasi induk dan F1. Kemiripan karakter morfologis induk lebih dekat dibandingkan kemiripan karakter morfologis F1 yang sangat bervariasi. Hal ini dipengaruhi oleh adanya variasi gamet dan *random mating* dalam populasi induk. Semakin tinggi variasi gametnya, maka F1 akan memunculkan karakter morfologis yang semakin beragam. Karakter morfologis Populasi Sinsam dan Samsin memiliki kemiripan hingga 80,75%, karakter morfologis Populasi Sambo dan Bosam memiliki kemiripan hingga 72,5%, dan karakter

morfologis Populasi Bosin-Sinbo memiliki kemiripan hingga 70,5%. Karakter morfologis Sinsam dan Samsin memiliki kemiripan paling

tinggi dimungkinkan karena induk kedua populasi ini telah mengalami domestikasi. Kedua populasi resiprok ini mewarisi karakter Populasi Samas yang telah mengalami seleksi.



Gambar 2. Dendrogram Similaritas (Fenetik) Karakter Morfologis dengan Koefisien SM. Keterangan a= Populasi Sinsam- Samsin; b=Populasi Sambo-Bosam; c = Populasi Bosin-Sinbo

Faktor-faktor yang mempengaruhi adaptasi morfologis *M.rosenbergii* dapat berupa struktur dasar kolam, kualitas air, dan komposisi pakan. *M.rosenbergii* akan tumbuh lebih baik jika lingkungan kolam tempat tinggalnya menyerupai habitat aslinya di sungai yang berarus deras dan berpasir. Keberadaan lumpur di dasar kolam dapat mengganggu pertumbuhan udang ini.

Hal ini mungkin berhubungan dengan kebiasaan hidup *M.rosenbergii* yang tinggal di dasar perairan, sehingga cenderung memakan makanan yang juga terdapat di dasar perairan. Struktur tanah berpasir dapat menahan makanan lebih lama sehingga mudah ditemukan, sedangkan struktur tanah berlumpur menjadikan udang ini kurang nyaman karena pakan akan terbenam di dalam lumpur, sehingga mengaburkan “penciuman” yang

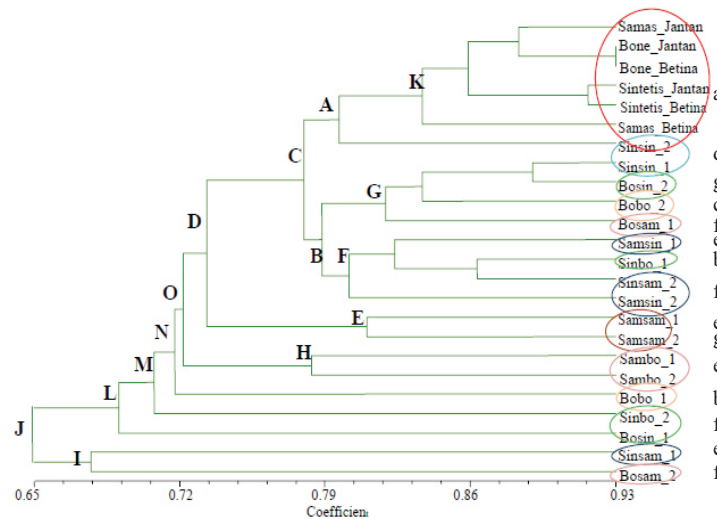
kemudian mengakibatkan *M.rosenbergii* kesulitan dalam memperoleh makanannya. *M.rosenbergii* populasi induk dipelihara di kolam UKBAP BBUG Samas yang memiliki struktur tanah berpasir (Partoyo, 2005). Sedangkan, populasi F1 dipelihara di KP4 Berbah, Sleman, yang ternyata memiliki struktur tanah berpasir dan berlumpur. Kedua struktur tanah yang berbeda ini mempengaruhi morfologi *M.rosenbergii* antara populasi induk (parental) dan filial. *M.rosenbergii* populasi induk memiliki morfologi yang lebih kekar daripada filialnya karena kemungkinan pertumbuhannya lebih baik.

Dendrogram karakter genetik dapat dilihat pada Gambar 3. Karakter genetik induk mengelompok pada kluster 82,75% (K) berkisar antara similaritas 93% hingga 82,75%. Hal ini

menunjukkan bahwa diversitas genetik induk antara Samas, Bone, dan Sintetis cukup rendah. Sedangkan, karakter genetik antar F1 tersebar dari similaritas 88,7% hingga 65%. Menurut Cabezas *et al.* (2010), beberapa populasi masih termasuk dalam spesies yang sama jika nilai Indeks Similaritas UPGMA antar spesies tersebut 50%. Hal ini menunjukkan bahwa populasi parental Samas, Bone, dan Sintetis masih satu spesies dengan populasi-populasi F1 hasil persilangan, yaitu *Macrobrachium rosenbergii*, De Man, 1879. Dengan demikian, pada penelitian ini tidak terbentuk spesies baru yang disebabkan adanya persilangan hibrid dan domestikasi.

Adapun hasil silangan parental dari ketiga populasi tersebut yaitu Sinsin, Bobo, Samsam, Sinsam, Samsin, Sinbo, Bosin, Bosam, dan Sambo pada dendrogram digambarkan memiliki diversitas genetik yang cukup tinggi karena letaknya yang menyebar. Namun, terjadi beberapa pengelompokan (klaster) secara genetik. Seperti halnya pada Sinsin1,

Bosin2, Bobo2, dan Bosam1, yang membentuk klaster pada similaritas 81,5% (G), Samsin1, Sinbo1, Sinsam2, dan Samsin2 yang juga membentuk satu klaster pada indeks similaritas 80% (F). Hal ini menunjukkan di antara masing-masing individu tersebut terdapat kesamaan unsur parental. Misalnya, Sinsin dan Bosin yang keduanya sama-sama membawa karakter genetik Sintetis; Samsin, Bosin, dan Sinsam juga sama-sama membawa karakter genetik Sintetis (Sin); Bosin, Bobo, dan Bosam sama-sama membawa karakter genetik dari Bone. Sedangkan, Sinsam dan Bosam yang membentuk klaster pada indeks similaritas 67,5% (I) menunjukkan bahwa kedua populasi ini memiliki perbedaan karakter genetik cukup tinggi. Similaritas karakter genetik parental Samas juga paling rendah yaitu 82,75%, dibandingkan dengan similaritas genetic Sintetis (91,75%) dan Bone (93%). Perpaduan keduanya dapat menimbulkan perbedaan karakter genetik yang cukup tinggi.



Gambar 3. Dendrogram Similaritas (Fenetik) Karakter Genetik dengan Koefisien SM

Keterangan: a = kelompok induk; b = kelompok Samsam; c = kelompok Bobo; d = kelompok Sinsin; e = kelompok Sinsam-Samsin; f= kelompok Sambo-Bosam; g= kelompok Bosin-Sinbo

Samsam1 dan Samsam 2 mengelompok dalam klaster E (Gambar 3) dengan similaritas 81,5%. Bobo 1 dan Bobo 2 mengelompok pada klaster N dengan similaritas 72%. Sinsin 1 dan Sinsin 2 mengelompok pada klaster C dengan similaritas 77,75%. Hal ini menunjukkan bahwa kemungkinan alel-alel dominan yang berkumpul paling tinggi frekuensinya pada Samsam dan paling rendah frekuensinya pada Bobo karena Samsam berasal dari perkawinan *inbreeding* Samas, yang telah mengalami seleksi dan Bobo berasal dari *inbreeding* Bone, yang berasal dari populasi liar yang baru didomestikasi. Populasi hasil seleksi (Samsam) memiliki peluang kemunculan genotip homozigot dominan lebih besar daripada populasi liar (Bobo) maupun hasil persilangan acak (Sinsin) karena memiliki alel dominan lebih tinggi. Kemunculan homozigot dominan pada Sinsam-Samsin paling tinggi dibandingkan Bosin-Sinbo dan Sambo-Bosam. Hal ini memperkuat kemunculan karakter morfologis yang menguntungkan pada populasi Sinsam-Samsin.

Terjadinya pengelompokan dengan nilai similaritas yang cukup tinggi dan persentase monomorfisme yang cukup tinggi pada ketiga populasi induk dikarenakan populasi indukan tersebut sama-sama membawa sekuens nukleotida yang sama dari kromosom homolog yang sama yang kemungkinan diwariskan dari tetua spesies *M. rosenbergii* dan masih tetap *survive*. Sekuens nukleotida yang monomorfik ini kemungkinan mengekspresikan kemiripan fenotip pada ketiga populasi induk. Kemungkinan fenotip yang mirip ini dapat dijumpai dari segi morfologis, anatomis, maupun fisiologis.

Berdasarkan pengamatan karakter genetisnya,

dapat dikatakan bahwa diversitas genetik dalam populasi *inbreeding* Bobo dan Sinsin masih cukup tinggi. Hal ini disebabkan indukan populasi tersebut (populasi Bone dan Sintetis) juga berasal dari berbagai persilangan *outbreeding* yang cukup bervariasi dari alam dan masih belum lama didomestikasikan. Sedangkan, populasi Samsam memiliki diversitas genetik yang rendah karena populasi ini berasal dari populasi indukan (populasi Samas) yang telah lebih lama didomestikasikan dibandingkan dengan populasi Bobo dan Sinsin, sehingga dimungkinkan telah terjadi *genetic drift* dalam populasi tersebut karena seringnya terjadi *inbreeding*. Hal ini dapat menurunkan heterozigositas yang selanjutnya dapat meningkatkan homozigositas.

Adanya persilangan antara populasi induk dapat mengembalikan heterozigositas pada populasi-populasi tersebut. Akan tetapi, populasi hasil persilangan yang baru ini berasal dari populasi yang berjumlah terbatas. Hal ini berarti kemungkinan populasi-populasi induk hanya membawa sebagian diversitas genetik dari populasi tetua, sehingga keturunan hasil persilangannya dapat memiliki karakter genetik maupun morfologis berbeda dengan populasi tetuanya.

Heterosis adalah keunggulan dari genotip heterozigotik (filial) yang berkenaan dengan sifat seragam atau bervariasi bila dibandingkan dengan genotip homozigotik (parental) yang sesuai. Peristiwa heterosis ini berasal dari penangkaran *outbreeding* (Suryo, 2008). Heterosis pada suatu sifat merupakan keunggulan sifat individu hasil persilangan terhadap rata-rata kenampakan pada galur tetua atau parental yang diperhatikan dalam persilangan tersebut (Hadie dkk., 2005).

Diharapkan, dari setiap persilangan ini diperoleh individu yang memiliki perbandingan panjang standar *karapaks* dan *abdomen* yang lebih besar daripada induknya karena *abdomen* yang lebih panjang akan lebih menguntungkan dari segi ekonomis.

Semakin tinggi nilai heterosisnya, maka diversitas genetik dalam suatu populasi semakin baik (Hadie dkk, 2005). Berdasarkan hasil perhitungan nilai heterosis pada populasi-populasi F1 hasil persilangan *outbreeding*, yaitu Sambo-Bosam, Sinsam-Samsin, Bosin-Sinbo, dapat diketahui bahwa nilai koefisien heterosis pada persilangan Samsin-Sinsam merupakan nilai heterosis tertinggi. Nilai koefisien ini dapat dilihat pada Tabel 8. Hal ini sesuai dengan teori penurunan sifat bahwa populasi yang memiliki homozigositas dominan tinggi (Samas) jika dikawinsilangkan dengan populasi yang memiliki heterozigositas tinggi (Sintetis) akan menghasilkan keturunan yang lebih baik daripada populasi yang dikawinsilangkan dengan populasi yang memiliki heterozigositas maupun homozigositas dominan yang rendah (Bone) karena berasal dari populasi hasil *inbreeding* populasi tetua yang masih liar. Jika perkawinan Bone ini terjadi dalam populasi besar di alam, kemungkinan hukum Hardy-Weinberg berlaku. Heterozigositas dimungkinkan masih tinggi. Namun, perkawinan *inbreeding* populasi ini dilakukan dalam populasi terbatas dan belum dilakukan seleksi calon induk, sehingga kemungkinan penurunan frekuensi alel dominan dapat terjadi. Persilangan ini disebut dengan persilangan tunggal (Suryo,2008). Bibit unggul dengan *abdomen* yang lebih panjang dari

sephalothoraks maupun panjang standar *karapaks* yang stabil secara genetik dapat diperoleh dengan melakukan persilangan ganda terlebih dahulu.

Persilangan ganda ini dimulai dengan menyediakan 4 populasi *inbreed*, kemudian mengawinkan 2 pasang individu yang masing-masing mewakili keempat populasi *inbreed* tersebut. Setelah diperoleh F1 hibrid dari masing-masing pasangan, maka F1 hibrid masing-masing pasangan tersebut saling dikawinsilangkan (Suryo, 2008). Melalui persilangan ganda ini, maka akan diperoleh kestabilan dan keseragaman perbandingan panjang *sephalothoraks* dan *abdomen* di samping juga memperoleh sifat-sifat yang lebih unggul lainnya, sehingga udang dapat dilepas ke petani udang (Gambar 4).

Berdasarkan penelitian bibit unggul udang vannamei di Jepara, bibit unggul pada udang akan mencapai kestabilan genetik setelah keturunan F4 (Prastowo dkk., 2008). Oleh karena itu, hasil program pemuliaan udang galah (*M.rosenbergii*) ini dimungkinkan akan lebih meningkat jika populasi Samas Jantan dan Sintetis Betina (Sinsam) dikawinsilangkan lagi dengan populasi Sintetis Jantan dan Samas Betina (Samsin) karena populasi tersebut memiliki nilai heterosis yang paling tinggi. Namun, masih perlu dilakukan penelitian untuk melihat kestabilan genetik udang galah hibrida ini.

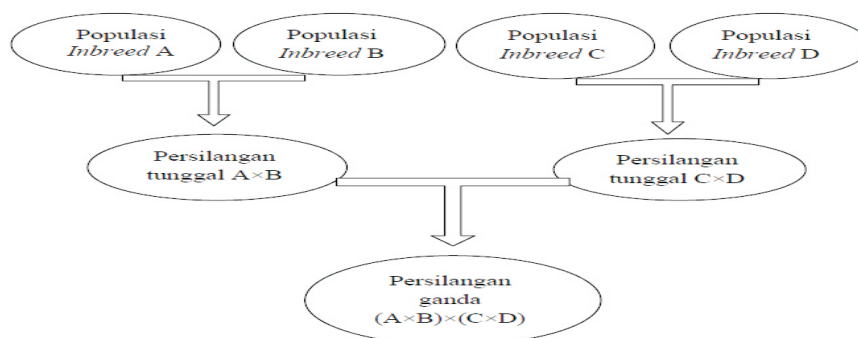
Pada perkawinan silang ini, induk dipijahkan dalam kolam pemijahan dengan perbandingan jantan dan betina 1:1. Perbandingan ini kurang efektif dalam memijahkan induk udang karena di alam, udang jantan cenderung dapat memijah jika terdapat lebih dari satu udang betina. Sebaiknya udang dipijahkan dengan perbandingan betina lebih

banyak daripada jantan, sehingga kemungkinan memperoleh keturunan udang dalam jumlah yang lebih banyak pula. Hal ini berkaitan dengan hukum Hardy-Weinberg, yaitu semakin besar populasi maka semakin stabil pula frekuensi kemunculan

alel-alel dan genotip pada populasi tersebut. Ini berarti akan semakin memperkecil kemungkinan munculnya genotip homozigot resesif yang merugikan dalam suatu populasi.

Tabel 8. Heterosis populasi hibrid F1

Sambo-Bosam	Sinsam-Samsin	Bosin-Sinbo	Karakter
-2,24	4,84	0,78	Panjang standar <i>karapaks</i> : panjang <i>abdomen</i>
-11,08	-7,81	-11,97	Panjang <i>sephalothoraks</i> : panjang <i>abdomen</i>



Gambar 4. Skema persilangan ganda untuk menghasilkan persilangan hibrid

Berdasarkan penelitian ini, dapat disimpulkan bahwa karakter morfologis berdasarkan perbandingan rerata panjang sephalothoraks dan abdomen serta perbandingan rerata panjang standar karapaks dan abdomen menunjukkan adanya pemanjangan rerata panjang standar karapaks pada populasi-populasi F1, sehingga abdomen pada F1 rata-rata tampak lebih pendek dibandingkan populasi induk. Diversitas genetik populasi F1 lebih tinggi dibandingkan populasi induk. Secara umum, F1 hasil persilangan *outbreeding* memiliki diversitas genetik lebih tinggi daripada F1 hasil persilangan

inbreeding. Berdasarkan perbandingan rerata panjang sephalothoraks dan abdomen serta perbandingan rerata panjang standar karapaks dan abdomen, nilai heterosis terbesar F1 dimiliki oleh genotip dari Samas dan Sintetis. Calon induk terbaik yang direkomendasikan untuk perkawinan silang selanjutnya adalah F1 hibrid Sinsam dan Samsin.

Ucapan Terima Kasih

Terima kasih kepada Unit Kerja Budidaya Air Payau Balai Budidaya Udang Galah (UKBAP BBUG) Samas, Bantul, Yogyakarta dan Kebun

Pendidikan, Penelitian, dan Pengembangan Pertanian (KP4) UGM, Sleman.

Daftar Pustaka

- Ali, B.A., Huang, T.H., Qin, D.N. and Wang, X.M. (2004) A review of random amplified polymorphic DNA (RAPD) markers in fish research. *Rev. Fish Biol. Fisheries* 14: 443-453.
- Brahmane, M.P., Das, M.K., Sinha, M.R., Sugunan, V.V., Mukherjee, A., Singh, S.N., Prakash, S., Maurye, P. and Hajra, A. (2006) Use of RAPD fingerprinting for delineating populations of hilsa shad *Tenualosa ilisha* (Hamilton, 1822). *Genet. Mol. Res.* 5: 643-652.
- Brahmane, M.P., Mitra, K. and Mishra, S.S. (2008) RAPD fingerprinting of the ornamental fish *Badis badis* (Hamilton 1822) and *Dario dario* (Kullander and Britz 2002) (Perciformes, Badides) from West Bengal, India. *Genet. Mol. Biol.* 31: 789-792.
- Cabezas, M.P., Garcia, J.M.G., Rojano, E.B., Gomez, S.R., Figueroa, M.E., Luque, T. and Gomez, J.C.G. (2010) Exploring molecular variation in the cosmopolitan *Caprella penantis* (Crustacea: Amphipoda): Result from RAPD Analysis. *J. Mar. Biol. Assn. UK.* 90: 617-622.
- Domingues de Freitas, P. and Galetti Jr, P.M. (2005) Assessment of the genetic diversity in five generations of a commercial broodstock line of *Litopenaeus vannamei* shrimp. *African J. Biotechnology (AJB)*. 4: 1362-1367.
- FAO. (2011) Culture Aquatic Species Information Programme *Macrobrachium rosenbergii* (De Man, 1879). Food Agriculture Organization of the United Nations: Fisheries and Aquaculture Department.
- Gilkolaei, S.R., Safari, R., Laloei, F., Taqavi, J. and Matinfar, A. (2011) Using RAPD markers potential to identify heritability for growth in *Fenneropenaeus indicus*. *Iran. J. Fish. Sci.* 10: 123-134.
- Guerra, A.L., Lima, A.V.B., Taddei, F.G. and Castiglioni, L. (2010) Genetic polymorphism, molecular characterization and relatedness of *Macrobrachium* species (Palaemonidae). *Genet. Mol. Res.* 9: 2317-2327.
- Hadie, W, Subandriyo, Hadie, L.E. dan Noor, R.R. (2005) Analisis kemampuan daya gabung gen pada genotipe udang galah untuk mendukung program seleksi dan hibridisasi. *J. Penelitian Perikanan Indonesia* 11: 51-56.
- Jena, S.N. and Das, A.B. (2006) Inter-population variation of chromosome and RAPD markers of *Suaeda nudiflora* (Willd.) Moq. a mangrove species in India. *Afr. J. Agricult. Res.* 1: 137-142.
- Khasani, I., Imron dan Iswanto, B. (2010) *Standar Operasional Budidaya Udang Galah Guna Mendukung Pemuliaan*. Loka Riset Pemuliaan dan Teknologi Budidaya Perikanan. Pusat Riset Perikanan Budidaya. Badan Riset Kelautan Dan Perikanan. Sukamandi.
- Kilawati (2006) *Studi Molekuler: Diversitas Genetik Udang Putih (Penaeus vannamei) dan Udang Windu (Penaeus monodon)*. Fakultas Perikanan UNIBRAW. Malang, Jawa Timur.
- Kumar, N.S. and Gurusubramanian, G. (2011) Random amplified polymorphic DNA (RAPD) markers and its applications. *Sci. Vis.* 11: 116-124.
- Liu, M.Y., Cai, Y.X. and Tzeng, C.S. (2007) Molecular systematics of the freshwater prawn genus *Macrobrachium* Bate, 1868 (Crustacea: Decapoda: Palaemonidae) inferred from mtDNA sequences, with emphasis on East Asian Species. *J. Zoological Studies* 46: 272-289.
- Partoyo (2005) Analisis indeks kualitas tanah pertanian di lahan pasir Pantai Samas, Yogyakarta. *J. Ilmu Pertanian* 12: 140-151.
- Prastowo, B.W., Susanto, A., Nur, E.M. dan Rahayu (2008) Kejadian inbreeding terarah dan random mating pada hasil selektif breeding calon induk udang di pembenihan. *Aquaculture*. Yogyakarta.

- Ristiyani, R. (2011) Karakter Morfologi dan Pertumbuhan Udang Galah (*Macrobrachium rosenbergii*) Hasil Persilangan Populasi Sintetis, Bone, Samas. *Skripsi*. Fakultas Biologi, Universitas Gadjah Mada. Yogyakarta.
- Rofiqoh, A. (2011) Analisis Struktur Morfologis dan Karakter Genetis Ikan Gelodok (Gobiidae) di Pantai Siung dengan Metode RAPD. *Skripsi*. Fakultas Biologi, Universitas Gadjah Mada. Yogyakarta.
- See, L.M., R. Hassan, S.G. Tan, dan S. Bhassu. 2008. Genetic characterization of wild stocks of prawns *M. Rosenbergii* using random amplified polymorphic DNA markers. *J. Biotech.* 7(2): 38-342.
- Suryo. 2008. *Genetika Strata 1*. Gadjah Mada University Press. Yogyakarta. Hal.16-17, 309-319.
- Uraiwan, S.U., dan P.K. Sodsuk. 2005. Selective breeding program for genetic improvement of *Macrobrachium rosenbergii* in Thailand. <http://hdl.handle.net/10862/679> diakses pada tanggal 5 Juni 2013.