

Karakter Morfologis dan Molekular *Macrobrachium* spp. dari Sungai Opak Daerah Istimewa Yogyakarta

TRIJOKO¹, NIKEN SATUTI NUR HANDAYANI², ANITA WIDIANAWATI³, RURY
EPRILURAHMAN¹

¹Laboratorium Sistematika Hewan, Fakultas Biologi, Universitas Gadjah Mada
Jl. Teknika Selatan, Sekip Utara, Yogyakarta 55281
email: rurybiougma@ugm.ac.id

²Laboratorium Genetika, Fakultas Biologi, Universitas Gadjah Mada
Jl. Teknika Selatan, Sekip Utara, Yogyakarta 55281

³Fakultas Biologi, Universitas Gadjah Mada
Jl. Teknika Selatan, Sekip Utara, Yogyakarta 55281

ABSTRACT

Several rivers flow across Daerah Istimewa Yogyakarta (DIY) includes Opak River which it's upstream located on Merapi Volcano area. The river has a lot of biological resources, includes prawns. Freshwater prawns (*Macrobrachium* spp.) has important role in maintaining the balance of freshwater ecosystems. The purpose of this research was to determine species diversity of *Macrobrachium* spp. and to understand the morphological and molecular characters of them. Phenetic similarity was analyzed using 74 morphological characters, ISSR1 and ISSR3 primers. The results were analyzed using a program MVSP 3.1 (Multi- Variate Statistical Package) to obtain a dendrogram that showed both intra-and interspecies similarity of *Macrobrachium* spp. Six species of Genus *Macrobrachium* were identified, they are *Macrobrachium pilimanus*, *M. sintangense*, *M. lanchesteri*, *M. cowlesi*, *M. latidactylus*, and *M. equidens*. Both morphological and molecular analyses show two major clusters with the similarity of 55.6% for morphology and 21.52% for molecular. Based on morphological and molecular characters analysis, we concluded that phenetic similarity of *Macrobrachium* spp. in Opak River was affected by the morphological structure of the second pereopod, habitat type, size and number of eggs, as well as the type of larval development.

Keywords: characters, *Macrobrachium*, molecular, morphology, *Opak River*

PENDAHULUAN

Macrobrachium spp. (udang air tawar atau udang sungai) merupakan salah satu komoditas perikanan air tawar yang memiliki nilai ekonomi tinggi. Menurut Wowor *et al.* (2009) dan Taufik (2011), udang air tawar mempunyai peranan penting dalam menjaga keseimbangan ekosistem. Salah satunya sebagai komponen mata rantai makanan. Keberadaan berbagai jenis udang air tawar dalam suatu sungai dapat digunakan sebagai indikator kualitas suatu perairan, serta dapat meningkatkan kualitas kondisi lingkungan perairan sungai tersebut. Pelestarian udang air tawar penting dilakukan agar keseimbangan ekosistem dapat dipertahankan.

Sungai Opak merupakan salah satu sungai di DIY yang mempunyai Daerah Aliran Sungai

(DAS) berhulu di lereng Gunung Merapi. DAS Sungai Opak mengalir ke arah selatan melewati daerah Kalasan dan memasuki daerah Imogiri. Sungai ini sebagai tempat muara sungai-sungai kecil dan menengah yang ada di sekitarnya seperti Sungai Kuning, Gajahwong, dan Code (Trijoko & Pranoto, 2006). Pada tahun 2010, Gunung Merapi mengalami erupsi yang cukup besar. Erupsi tersebut berdampak pada perairan di Sungai Opak terutama ketika hujan. Debit air dari hulu lereng merapi akan membawa material vulkanik berupa lahar dingin yang terdiri dari pasir, kerikil, dan batu yang tentunya akan berpengaruh terhadap perubahan ekosistem sungai. Hal tersebut dikhawatirkan dapat menurunkan keragaman genetik dan populasi di alam.

Penelitian ini menggunakan penanda molekular ISSR. Penanda molekular merupakan suatu teknik yang dapat digunakan untuk analisis variasi genetik antar spesies maupun intra spesies. ISSR (*Inter-simple Sequence Repeat*) merupakan PCR (*Polymerase Chain Reaction*)-based marker, tidak memerlukan informasi tentang sekuen genom yang akan diuji, dan menggunakan primer mikrosatelit tunggal dalam reaksi PCR dengan target *multiple-locus* genomik. Penelitian mengenai karakterisasi morfologis dan molekular *Macrobrachium* spp. di Sungai Opak DIY belum pernah dilakukan sehingga penelitian ini perlu dilakukan untuk mengetahui keanekaragaman spesies udang *Macrobrachium* di Sungai Opak DIY serta diversitas genetik baik intra maupun interspesiesnya.

Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui keanekaragaman jenis udang air tawar (*Macrobrachium* spp.) di Sungai Opak DIY setelah erupsi Merapi tahun 2010, serta mengetahui karakter morfologis dan molekular udang *Macrobrachium* spp.

METODE

Pengambilan Sampel Udang. Sampling dilakukan pada bulan Juni-Oktober 2013 di sepanjang Sungai Opak yang memiliki panjang kurang lebih 60 km dari hulu (di Desa Cangkringan, Sleman) sampai muara sungai (di daerah Samas, Bantul). Pengambilan sampel dibagi menjadi empat stasiun yaitu: Opak Hulu (OHu), Opak Tengah (OTe), Opak Hilir (OHl), dan Opak Muara (OMu). Pada tiga stasiun pertama dibuat masing-masing 5 titik sampling (TS), sedangkan stasiun Opak Muara hanya dibuat 3 titik sampling.

Panjang sungai yang disampling pada tiap TS lebih kurang 500 m. Pengambilan sampel dilakukan secara *random purposif sampling*. Pengambilan sampel di sungai bagian hulu-hilir dengan menggunakan seser kecil (ukuran 20 x 25 cm) dan seser besar (ukuran 40 x 20 cm) dengan diameter mata jaring ± 1 mm. Sementara pengambilan sampel di sungai bagian muara dengan menggunakan jala tebar. Pengambilan sampel dilakukan dua periode yaitu pagi/ siang hari dan malam hari.

Identifikasi dan Verifikasi Jenis Udang.

Identifikasi dilakukan dengan menggunakan kunci identifikasi *Macrobrachium* dan buku identifikasi udang yang disusun oleh Eguia *et al.* (2009). Identifikasi dilakukan dengan cara mengamati secara langsung bagian-bagian tubuh udang yang dapat dilihat oleh mata, serta pengamatan dengan menggunakan mikroskop stereo atau mikroskop digital untuk melihat struktur bagian tubuh mikroskopis udang yang penting untuk identifikasi. Udang yang telah teridentifikasi kemudian dibawa ke Laboratorium Zoologi, Puslit Biologi, LIPI untuk verifikasi atau memastikan hasil identifikasi jenis udang.

Penentuan Karakter Morfologis.

Karakter-karakter morfologis diperoleh dengan melakukan pengamatan sifat-sifat fenotip yang dimiliki oleh setiap jenis Udang *Macrobrachium* yang diperoleh. Data yang diambil meliputi data morfologis, morfometrik, dan meristik lainnya. Data morfologis yang diambil meliputi karakter-karakter diagnostik udang. Data morfometrik udang diperoleh dengan cara mengukur bagian-bagian tubuh udang dengan menggunakan kaliper dengan ketelitian 0,01 mm. Data meristik diperoleh dengan cara menghitung jumlah bagian tubuh tertentu dari udang tersebut.

Karakterisasi Molekular. Ekstraksi DNA udang dilakukan dengan mengikuti petunjuk *GeneJET Genomic DNA Isolation Kit* (FERMENTAS). Amplifikasi DNA menggunakan primer ISSR1 dan ISSR3 dilakukan berdasarkan Protokol *Dream Taq Master Mix* PCR. Amplifikasi DNA dilakukan dengan mesin PCR menggunakan tiga tahapan standar yaitu *denaturation* pada suhu 94 °C, *annealing* pada suhu 50 °C dan *extension* pada suhu 72 °C. PCR tersebut dilakukan sebanyak 45 siklus. Hasil PCR diamati dengan elektroforesis menggunakan agarose 2%, tegangan 50 volt, dalam buffer TBE (Tris Borat EDTA) dan digunakan DNA *ladder* 100 bp atau 1 kb sebagai pembanding.

Analisis Hasil. Karakter-karakter morfologis dan pita-pita DNA hasil elektroforesis diubah menjadi matriks biner (0-1). Jika sifat karakter morfologik yang diamati

ada atau dimiliki oleh suatu individu, sifat tersebut ditulis dengan angka 1. Sifat yang tidak muncul atau tidak dimiliki oleh suatu individu ditulis dengan angka 0. Karakter morfometrik yang bersifat kuantitatif diubah ke dalam bentuk kualitatif. Nilai yang berada di dalam kisaran deviasi ditulis dengan angka 1, sedangkan yang berada di luar deviasi ditulis dengan angka 0. Fragmen DNA yang tampak pada foto gel hasil elektroforesis diberi skor 1 sedangkan bila tidak ada diberi skor 0. Matrik data dibuat dengan program Ms. Excel 2007. Analisis *clustering* menggunakan metode

UPGMA (*Unweighted Pair Group with Arithmetic Average*) dengan program MVSP 3.2 (*Multi Variate Statistical Package*).

HASIL

Identifikasi Jenis Udang. Total individu udang yang teridentifikasi sebanyak 266 individu. Enam jenis udang dari genus *Macrobrachium* yang ditemukan di Sungai Opak adalah *M. cowlesi*, *M. equidens*, *M. lanchesteri*, *M. latidactylus*, *M. pilimanus*, dan *M. sintangense*. Sebaran jenis di tiap lokasi sampling dapat dilihat di Tabel 1.

Tabel 1. Daftar Jenis Udang *Macrobrachium* spp. yang ditemukan di Sungai Opak DIY

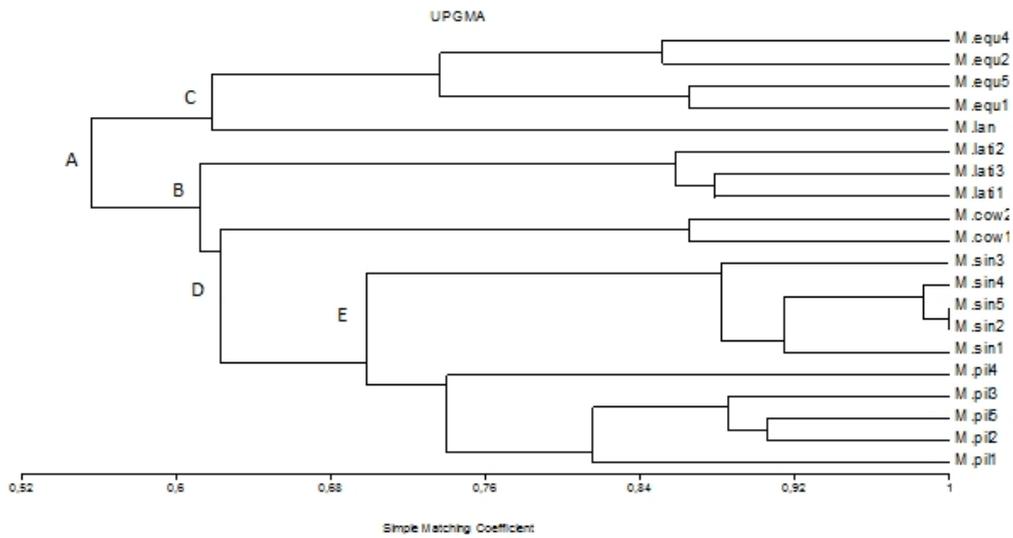
Jenis Udang	<i>M. pilimanus</i>		<i>M. sintangense</i>		<i>M. lanchesteri</i>		<i>M. cowlesi</i>		<i>M. latidactylus</i>		<i>M. equidens</i>		
	TS	S	M	S	M	S	M	S	M	S	M	S	M
Hulu (532-151 m dpl)	1	-	5	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2	10	32	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	3	9	18	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	4	-	-	-	3	-	-	-	-	-	-	-	-
	5	-	-	2	7	-	-	-	-	-	-	-	-
Tengah (137-70 m dpl)	1	-	-	5	-	-	-	-	-	-	-	-	-
	2	-	-	2	19	-	-	-	-	-	-	-	-
	3	-	-	11	7	-	-	-	-	-	-	-	-
	4	-	-	7	35	-	-	-	-	-	-	-	-
	5	-	-	7	13	-	-	-	-	-	-	-	-
Hilir (74-22 m dpl)	1	-	1	-	17	-	1	-	-	-	-	-	-
	2	-	-	1	20	-	-	-	-	-	-	-	-
	3	-	-	-	11	-	-	-	-	-	-	-	-
	4	-	-	1	13	-	-	-	1	-	-	-	-
	5	-	-	-	1	-	-	1	-	-	-	-	-
Muara (22-20 m dpl)	1	-	-	-	-	-	-	-	-	-	3	-	1
	2	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1	-	2
	3	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	1

Keterangan : TS= Titik Sampling, S=Siang, M=Malam

Hasil Analisis Karakter Morfologis.

Analisis similaritas morfologis baik inter maupun intra spesies disajikan dalam bentuk dendrogram (Gambar 1). Dendrogram similaritas untuk kelompok *Macrobrachium*

spp. dari Sungai Opak berdasarkan 74 karakter morfologis membentuk 2 *cluster* besar yaitu *cluster* B dan *cluster* C dengan koefisien 0,556 (kesamaan 55,6%).



Gambar 1. Dendrogram similaritas fenetik karakter morfologis intraspecies dan interspecies *Macrobrachium* spp. dari Sungai Opak DIY (Ket: *M. pil*=*M. pilimanus*, *M. sin*=*M. sintangense*, *M. cow*=*M. cowlesi*, *M. lati*=*M. latidactylus*, *M. lan*=*M. lanchesteri*, *M. equ*=*M. equidens*)

Hasil Analisis Karakter Molekular.

Pengamatan variasi genetik udang *Macrobrachium* spp. menggunakan penanda ISSR dilakukan berdasarkan ada atau tidaknya pita DNA hasil amplifikasi pada gel elektroforesis. Pengamatan terhadap pola pita DNA pada gel hasil elektroforesis

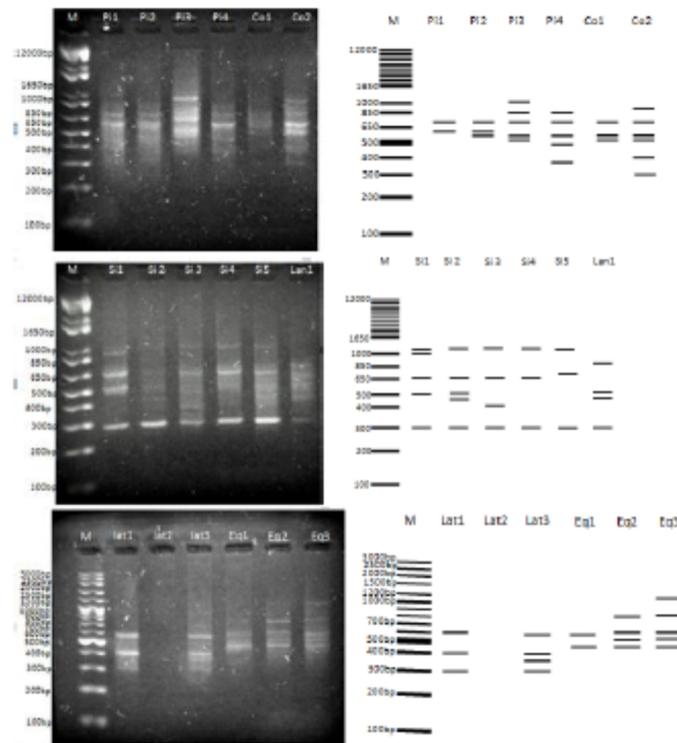
menunjukkan bahwa setiap jenis primer menghasilkan pita DNA yang berbeda. Hasil analisis molekular untuk *Macrobrachium* spp dari Sungai Opak disajikan dalam bentuk tabel dan gambar. Tabel 2 dan Tabel 3 menunjukkan hasil penghitungan lokus berdasarkan primer ISSR1 dan ISSR3.

Tabel 2. Jenis dan Jumlah lokus yang dihasilkan oleh primer ISSR1 dan ISSR3

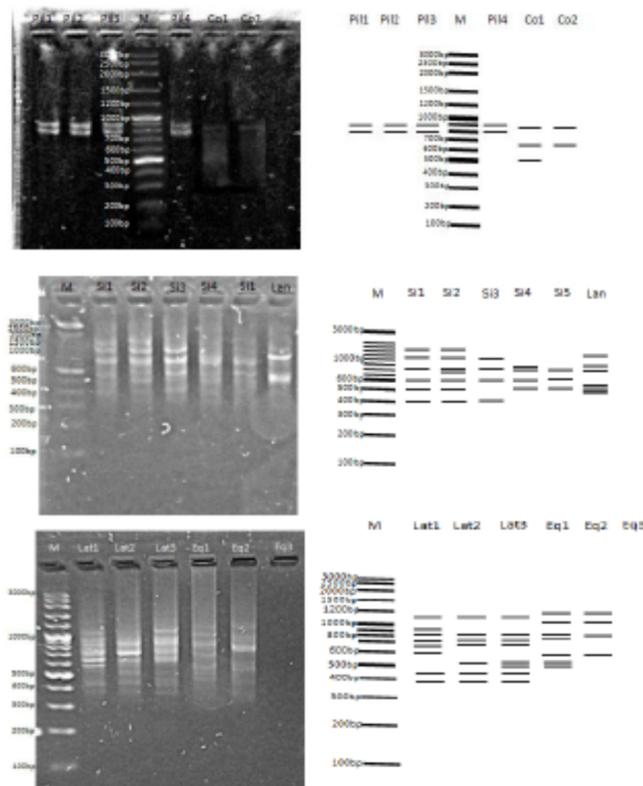
Primer	Sekuens 5'-3'	Total Lokus	Jumlah Lokus Polimorfik	Persentase Polimorfik (%)
ISSR1	AGAGAGAGAGAGAGAGT	18	18	100%
ISSR3	GAGAGAGAGAGAGAGAT	20	20	100%
	Jumlah	38	38	
	Rata-rata	19	19	100 %

Tabel 3. Jenis dan Jumlah lokus intraspecies yang dihasilkan dari tiap-tiap jenis *Macrobrachium* spp. oleh primer ISSR1 & ISSR3

Spesies/ Jenis	Total Lokus	Jumlah Lokus Polimorfik	Jumlah Lokus Monomorfik	Persentase Polimorfik (%)
<i>M. pilimanus</i>	10	7	3	70%
<i>M. cowlesi</i>	9	4	5	44,44%
<i>M. sintangense</i>	12	7	5	58,33%
<i>M. latidactylus</i>	13	7	6	53,85%
<i>M. equidens</i>	10	6	4	60%
<i>M. lanchesteri</i>	8	-	-	-
Jumlah	62	31	23	
Rata-rata	10,33	6,2	4,6	57,32%



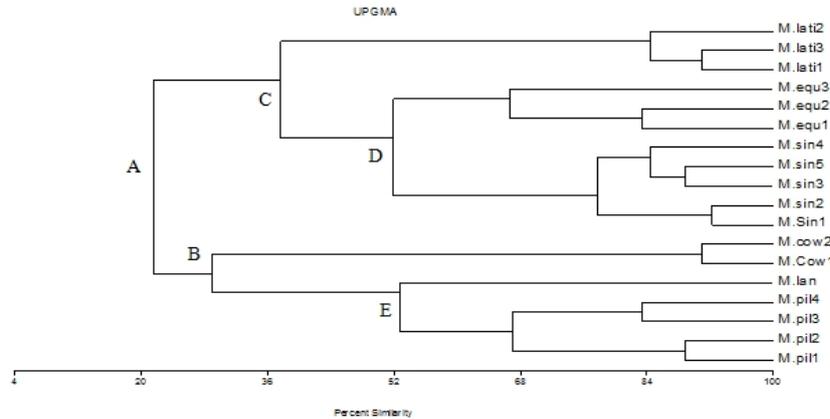
Gambar 3. Hasil elektroforesis sampel DNA *Macrobrachium* spp. yang diamplifikasi dengan primer ISSR1 (Keterangan: M=marker, Pi=*M. pilimanus*, Co=*M. cowlesi*, Si=*M. sintangense*, Lan=*M. lanchesteri*, Lat=*M. latidactylus*, Eq= *M. equidens*).



Gambar 4. Hasil elektroforesis sampel DNA *Macrobrachium* spp. yang diamplifikasi dengan primer ISSR3 (Keterangan: M=marker, Pi=*M. pilimanus*, Co=*M. cowlesi*, Si=*M. sintangense*, Lan=*M. lanchesteri*, Lat=*M. latidactylus*, Eq= *M. equidens*).

Gambar 3 dan 4 menunjukkan hasil elektroforesis amplifikasi sampel DNA *Macrobrachium* spp dari Sungai Opak, DIY menggunakan primer ISSR1 dan ISSR3.

Gambar 5 menunjukkan dendogram hasil analisis similaritas berdasarkan karakter molekular *Macrobrachium* spp. dari Sungai Opak DIY.



Gambar 5. Dendogram similaritas fenetik karakter molekular intraspecies dan interspecies *Macrobrachium* spp. dari Sungai Opak DIY (Ket: *M. pil*=*M. pilimanus*, *M.sin*=*M. sintangense*, *M. cow*=*M. cowlesi*, *M. lati*=*M. latidactylus*, *M. lan*=*M. lanchesteri*, *M. equ*=*M. equidens*).

PEMBAHASAN

Keanekaragaman jenis udang di Sungai Opak. *Macrobrachium sintangense* memiliki kelimpahan paling tinggi dan persebaran yang paling luas. Hal ini bersesuaian dengan kenyataan yang terjadi di Sungai Opak bahwasanya spesies ini dijumpai dari hulu TS2 hingga hilir TS5 karena bagian sungai tersebut berarus lambat dan cukup dalam sehingga habitat tersebut cocok untuk *Macrobrachium sintangense*. *Macrobrachium pilimanus* hanya dijumpai pada sungai bagian hulu TS 1 hingga TS 3 dan sungai bagian hilir TS 1. Jenis ini hidup pada habitat air sungai berarus deras dengan substrat pasir dan batuan. Hal ini dapat dibuktikan dengan fenomena yang terjadi di lapangan, bahwa pada stasiun hulu TS1-3 merupakan sungai yang berarus deras dengan substrat pasir dan batuan sehingga cocok sebagai tipe habitat *M. pilimanus*.

Macrobrachium equidens dan *M. latidactylus* merupakan spesies yang lebih menyukai hidup di perairan payau sehingga pada penelitian ini spesies tersebut hanya dijumpai di sungai bagian muara dengan kelimpahan sebesar 1,5%. Sementara *M. cowlesi* hanya dapat dijumpai di sungai bagian hilir TS 4 dan TS 5. Informasi mengenai jenis

ini masih belum banyak diketahui (De Grave & Wowor, 2013). Keberadaan spesies ini sangat sedikit yaitu hanya ditemukan 2 individu. Karakter habitat tempat ditemukannya spesies tersebut berupa sungai yang dalam dengan batu-batu besar dan tanaman eceng gondok serta merupakan titik pertemuan antara Sungai Opak dengan Sungai Oya. Spesies ini juga ditemukan di bagian sungai yang sangat dekat dengan muara dan terdapat bendungan.

Spesies udang yang memiliki kelimpahan paling sedikit adalah *M. lanchesteri* yang hanya ditemukan 1 individu dari seluruh total titik sampling yaitu di TS 1 Sungai Opak bagian hilir. Spesies ini bukanlah spesies asli Indonesia, namun merupakan spesies introduksi dari Thailand. Berdasarkan hasil penelitian ini menunjukkan bahwa keanekaragaman jenis udang di Sungai Opak DIY dipengaruhi oleh ketinggian tempat dan karakteristik habitat. Beberapa titik sampling berarus deras dan dalam sehingga tidak memungkinkan untuk mengambil sampel di bagian tengah badan sungai dengan peralatan sampling berupa seser dan jala tebar.

Karakter morfologis *Macrobrachium* spp di Sungai Opak. Cluster C terdiri dari *M. lanchesteri* dan *M. equidens* yang merupakan

kelompok udang yang memiliki pereopod kedua yang halus atau tanpa rambut-rambut yang lebat. Selain memiliki kemiripan dalam hal bentuk pereopod, individu-individu yang diperoleh saat sampling dari kedua spesies ini masih juvenil. Bagian-bagian tubuh tertentu yang penting untuk identifikasi pada individu yang masih juvenil seringkali belum tumbuh, sehingga dari hasil pengamatan morfologis, pengukuran morfometri maupun perhitungan meristik menyebabkan kedua spesies ini memiliki kemiripan yang tinggi. Kedua spesies tersebut mengelompok dengan koefisien 0,618 (kesamaan 61,8%). *M. equidens* memiliki kemiripan intraspesies sebesar 73,6%. Cluster B terdiri dari *M. pilimanus*, *M. sintangense*, *M. cowlesi*, dan *M. latidactylus*. Tiga spesies pertama merupakan kelompok udang yang memiliki kaki dengan rambut-rambut yang lebat atau *pubescence*. Sedangkan *M. latidactylus* merupakan jenis udang yang tidak memiliki rambut-rambut lebat pada pereopod. Dalam dendogram ini (Gambar 1), *M. latidactylus* memiliki kemiripan yang paling tinggi dengan *M. cowlesi*, hal ini disebabkan kedua spesies ini sama-sama memiliki pasangan pereopod kedua yang berbeda bentuk maupun ukuran. Selain itu, kedua spesies ini memiliki habitat yang cukup dekat yaitu pada bagian hilir dan muara sungai.

Cluster B memisahkan *M. latidactylus* yang merupakan udang air payau dengan cluster D (kelompok udang dengan habitat air tawar) dengan koefisien 0,612 (kesamaan 61,2%). Cluster D memisahkan *M. cowlesi* (udang dengan habitat di sungai bagian hilir) dengan Cluster E (kelompok udang dengan habitat di sungai bagian hulu dan tengah) dengan koefisien 0,623 (kesamaan 62,3%). Cluster E terdiri dari kelompok jenis *M. sintangense* dan *M. pilimanus* yang keduanya memiliki kemiripan dengan koefisien 0,698 (kesamaan 69,8%). Bila dilihat dari segi morfologis, *M. sintangense* memiliki karakter morfologis yang sangat mirip dengan *M. lanchesteri*, sehingga dalam dendogram ini seharusnya *M. sintangense* lebih dekat dengan *M. lanchesteri*, namun karena *M. lanchesteri* yang ditemukan saat sampling masih juvenil menyebabkan kedua spesies ini tidak

menunjukkan kemiripan dalam dendogram. *M. sintangense* menunjukkan kemiripan yang lebih tinggi dengan *M. pilimanus* karena kedua spesies ini sama-sama memiliki pasangan pereopod kedua yang sama bentuk dan dilengkapi dengan *pubescence*. Indeks similaritas intraspesies tertinggi dimiliki oleh kelompok *M. cowlesi* yaitu sebesar 86,5%, diikuti oleh *M. latidactylus*, *M. sintangense*, *M. pilimanus*, dan *M. equidens* secara berturut-turut sebesar 85,5%, 82,2%, 74% dan 73,6%. Indeks similaritas intraspesies yang tinggi menunjukkan bahwa variasi morfologis antar individu dalam spesies tersebut rendah, sedangkan similaritas intraspesies yang rendah menunjukkan bahwa variasi morfologis antar individu dalam spesies tersebut tinggi. Variasi morfologis intraspesies yang tinggi memungkinkan spesies tersebut memiliki daya *survive* yang tinggi terhadap variasi perubahan lingkungan habitatnya.

Karakter molekular *Macrobrachium* spp. di Sungai Opak. Berdasarkan Tabel 2, dapat dilihat bahwa kedua primer yang digunakan menunjukkan polimorfisme yang tinggi yaitu 100%. Hal ini menunjukkan bahwa primer ISSR1 dan ISSR3 dapat mendeteksi variasi genetik antar jenis pada udang air tawar terutama genus *Macrobrachium*. Jumlah lokus polimorfik dalam analisis variasi genetik menentukan tingkat variasi genetik intra maupun interspesies, jika jumlah lokus polimorfik banyak maka tingkat variasi genetik juga akan tinggi.

Total lokus yang dihasilkan dari tiap spesies yang diamplifikasi dengan menggunakan kedua primer sangat bervariasi. Hal ini berhubungan dengan proses pengenalan primer terhadap sekuen homolognya pada DNA *template*, karena tiap individu memiliki perbedaan panjang situs DNA yang dapat diamplifikasi oleh primer. Selain itu, jumlah lokus yang dihasilkan juga dipengaruhi oleh jumlah sampel tiap individu yang diamplifikasi.

Polimorfisme yang dihasilkan dari tiap spesies juga bervariasi, persentase polimorfik intraspesies paling tinggi dihasilkan oleh *M. pilimanus* yaitu sebesar 70%, sedangkan

presentase polimorfik paling rendah dihasilkan oleh *M. cowlesi* yaitu sebesar 44,44% (Tabel 3). Hal ini menunjukkan bahwa *M. pilimanus* memiliki keragaman genetik yang lebih tinggi dibandingkan species lain. Keragaman genetik mempunyai arti penting dalam stabilitas dan ketahanan populasi seperti pencegahan terhadap kehilangan fitness individu yang disebabkan oleh *inbreeding* yang dapat mengakibatkan kepunahan karena sifat yang seragam. Keragaman genetik yang rendah akan berakibat negatif terhadap sifat penting dalam makhluk hidup seperti kecilnya kelangsungan hidup suatu organisme, berkurangnya pertumbuhan dan keragaman ukuran serta turunnya kemampuan adaptasi. Hal ini disebabkan karena setiap gen memiliki respon yang berbeda-beda terhadap kondisi lingkungan, sehingga dengan dimilikinya berbagai macam gen dari individu-individu di dalam populasi maka berbagai perubahan lingkungan yang ada akan dapat direspon lebih baik.

Primer ISSR1 menunjukkan monomorfisme yang terjadi pada individu-individu dalam satu spesies (Gambar 3). Pita-pita monomorfik intraspecies ini merupakan suatu lokus dengan ukuran tertentu yang dimiliki oleh semua individu dalam suatu spesies. *M. pilimanus* memiliki pita-pita yang monomorfik pada ukuran 806 bp. *M. cowlesi* memiliki pita-pita monomorfik yang lebih banyak yaitu dengan ukuran 806, 575, dan 537 bp. Lokus monomorfik juga ditemukan pada individu-individu *M. sintangense* pada ukuran 1227, 650 dan 300 bp. Spesies udang yang berhabitat muara, yaitu *M. latidactylus* dan *M. equidens*, keduanya memiliki lokus monomorfik dengan ukuran 600 bp. Individu-individu *M. latidactylus* yang dideteksi dengan primer ini juga memiliki lokus monomorfik dengan ukuran 400 dan 300 bp. Sementara populasi *M. equidens* memiliki lokus monomorfik lain di ukuran 465 bp.

Primer ISSR3 juga menunjukkan adanya lokus monomorfik intraspecies pada populasi udang *Macrobrachium* yang diteliti (Gambar 4). Primer ini menghasilkan 2 lokus pada *M. pilimanus* yang keseluruhannya adalah monomorfik pada ukuran 900 dan 800 bp.

Sedangkan pada *M. cowlesi* dijumpai adanya lokus monomorfik pada ukuran 840 dan 626 bp.

Lokus monomorfik dengan ukuran 800 dan 600 bp ditemukan pada populasi udang *M. sintangense*. Pita DNA dengan ukuran 800 bp juga ditemukan pada *M. lanchesteri* yang secara morfologis sulit dibedakan dengan *M. sintangense*. Populasi udang muaramemiliki lokus monomorfik 1094, 800, 700, dan 440 bp untuk *M. latidactylus*, sedangkan *M. equidens* pada ukuran 1154, 1000, dan 576 bp.

Gambar 5 menunjukkan similaritas berdasarkan karakter molekular seluruh sampel *Macrobrachium* spp. Berdasarkan dendogram tersebut dapat diketahui bahwa sampel yang diamati membentuk dua *cluster* besar, yaitu *cluster* B dan C dengan koefisien similaritas 21,52%. Pola pengelompokan ini lebih cenderung berdasar dari perbedaan ukuran telur, tipe perkembangan larva serta persamaan karakter morfologis udang. Wowor *et al.* (2009) menyebutkan bahwa nenek moyang udang *Macrobrachium* di Asia memiliki ukuran telur yang kecil dan banyak serta memiliki perkembangan larva yang panjang dan membutuhkan air payau untuk perkembangan larvanya. Udang *Macrobrachium* yang memiliki ukuran telur yang besar dan berjumlah sedikit memiliki perkembangan larva yang pendek serta tidak memerlukan air payau untuk perkembangan larvanya.

Pada *Cluster E* terdapat *M. pilimanus* dan *M. lanchesteri* yang memiliki koefisien similaritas 52,77%. Kedua spesies ini merupakan kelompok udang yang memiliki perkembangan larva yang pendek dan tidak memerlukan air payau untuk perkembangan larvanya. *M. pilimanus* memiliki ukuran telur yang besar sedangkan *M. lanchesteri* memiliki ukuran telur sedang. *Cluster E* menyatu dengan *M. cowlesi* pada *cluster B* dengan koefisien similaritas 29,11%. *M. cowlesi* merupakan udang yang membutuhkan air payau untuk perkembangan larvanya. Namun, pada dendogram ini *M. cowlesi* memiliki kemiripan yang lebih tinggi dengan *M. lanchesteri* dan *M. pilimanus* daripada dengan *M. latidactylus* dan *M. equidens* yang

kehidupan larvanya berada di air payau. Hal ini mungkin disebabkan karena *M. cowlesi* secara morfologis mirip dengan *M. pilimanus*, yaitu memiliki pasangan pereopod kedua yang pendek dan gemuk. *Cluster C* terdiri dari udang dengan struktur kaki yang langsing dan panjang. *M. sintangense* menghabiskan seluruh perkembangan larvanya di air tawar sehingga perkembangan larvanya pendek dan memiliki telur yang berukuran sedang. Sedangkan *M. latidactylus* dan *M. equidens* memiliki telur yang berukuran kecil dan banyak serta perkembangan larvanya panjang. Namun hasil yang ditunjukkan dari dendogram, *M. equidens* lebih menyatu dengan *M. sintangense*. Hal ini mungkin dikarenakan kedua spesies ini sama-sama memiliki pasangan pereopod kedua yang sama bentuk maupun ukurannya. Kedua spesies ini mengelompok pada *cluster D* dengan koefisien similaritas 51,88%. Kemudian *M. latidactylus* dan *cluster D* menyatu pada *cluster C* dengan koefisien similaritas 37,67%.

Similaritas intraspesies secara berturut-turut, dari yang paling tinggi hingga yang paling rendah, dimiliki oleh *M. cowlesi* (90,9%), *M. latidactylus* (84,44%), *M. sintangense* (77,72%), *M. pilimanus* (66,97%) dan *M. equidens* (66,66%).

Hasil analisis similaritas fenetik berdasarkan karakter morfologis dan molekular melalui dendogram terlihat bahwa similaritas udang *Macrobrachium* spp. di Sungai Opak DIY dipengaruhi oleh struktur morfologis pereopod kedua, tipe habitat, ukuran dan jumlah telur, serta tipe perkembangan larva. Dari keenam jenis udang yang diperoleh, nampak pada kedua dendogram bahwa *M. pilimanus* yang merupakan udang yang berhabitat di sungai bagian hulu selalu terletak saling berjauhan dengan kelompok udang yang ditemukan di muara (*M. latidactylus* dan *M. equidens*). Hal ini menguatkan pendapat Wowor *et al.* (2009) yang mengatakan bahwa udang dengan perkembangan larva yang panjang merupakan *common ancestor* udang *Macrobrachium* spp. di Asia, sedangkan *Macrobrachium* yang sukses berevolusi hanya memerlukan air tawar

untuk menyelesaikan siklus perkembangan larvanya yang pendek.

KESIMPULAN

Penelitian ini memperoleh 6 jenis udang *Macrobrachium* di Sungai Opak DIY (*M. pilimanus*, *M. sintangense*, *M. lanchesteri*, *M. cowlesi*, *M. latidactylus*, dan *M. equidens*). Persentase similaritas fenetik berdasarkan karakter morfologi, morfometri, dan meristik menunjukkan indeks similaritas secara berturut-turut dari tertinggi hingga terendah dimiliki oleh *M. cowlesi* (86,5%), *M. latidactylus* (85,8%), *M. sintangense* (82,2%), *M. pilimanus* (74%), dan *M. equidens* (73,6%). Keseluruhan sampel memiliki indeks similaritas dengan koefisien 55,6%. Persentase similaritas fenetik berdasarkan karakter molekular pada keseluruhan sampel berada pada koefisien 21,52%. Indeks similaritas intraspesies dari yang tertinggi hingga terendah secara berturut-turut dimiliki oleh *M. cowlesi* (90,9%), *M. latidactylus* (84,44%), *M. sintangense* (77,72%), *M. pilimanus* (66,97%) dan *M. equidens* (66,66%). Hasil analisis similaritas fenetik berdasarkan karakter morfologis dan molekular melalui dendogram terlihat bahwa similaritas udang *Macrobrachium* spp. di Sungai Opak DIY dipengaruhi oleh struktur morfologis pereopod kedua, tipe habitat, ukuran dan jumlah telur, serta tipe perkembangan larva.

Perlu dilakukan penelitian secara intensif pada musim yang berbeda untuk mendapatkan informasi keanekaragaman *Macrobrachium* spp. yang lebih lengkap. Penelitian molekular menggunakan marker gen mitokondria maupun gen inti (*nuclear*) dan metode analisis yang berbeda untuk mendapatkan hubungan kekerabatan antar spesies yang lebih akurat perlu dilakukan.

UCAPAN TERIMA KASIH

Penelitian ini dapat terlaksana atas bantuan dari Fakultas Biologi UGM dan PPKB UGM yang telah memberikan dana penelitian melalui Dana BOPTN 2013 kepada Rury Eprilurahman dan Dana PPKB UGM 2013 kepada Anita Widianawati. Penulis menyampaikan terima kasih kepada Tim

peneliti Sungai Opak yang telah banyak memberikan waktu baik di lapangan maupun di laboratorium dan Dr. Ir. Daisy Wowor, M.Sc. (Peneliti Crustacea LIPI) atas bantuan, diskusi dan bimbingannya dalam identifikasi spesimen *Macrobrachium* spp. dari Sungai Opak.

DAFTARPUSTAKA

- De Grave S. and Wowor D. 2013. *Macrobrachium cowlesi*. In: IUCN 2013. IUCN Red List of Threatened Species. Version 2013.1. <http://www.iucnredlist.org>. Diakses 05 November 2013.
- Eguia MRR, Dejarme HE, Rosario WR, Roxas EC, and Wowor D. 2009. Philippine freshwater prawns (*Macrobrachium* spp.). *Aquaculture Extension Manual*. vol 43:50.
- Taufik. 2011. Keanekaragaman Udang Air Tawar di Danau Kerinci Provinsi Jambi [Tesis]. Bogor: Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam. Institut Pertanian Bogor.
- Trijoko dan Pranoto FS. 2006. Keanekaragaman Jenis Ikan di Sepanjang Aliran Sungai Opak Daerah Istimewa Yogyakarta. *Prosiding Seminar Nasional Ikan IV*. 29-30 Agustus 2006. Jatiluhur. hal. 293-300.
- Wowor D, Muthu V, Meier R, Balke M, Cai Y, and Ng PKL. 2009. Evolution of Life History Traits in Asian Freshwater Prawns of Genus *Macrobrachium* (Crustacea: Decapoda: Palaemonidae) Based On Multilocus Molecular Phylogenetic Analysis. *Molecular, Phylogenetic and Evolution*. vol 52: 340-35.