Jurnal AQUACULTURE Indonesia
http://jurnal.dharmawangsa.ac.id/index.php/akuakultur/index
p-ISSN 2808-9629 e-ISSN 2808-9634

SELEKSI GENETIK DAN INOVASI GENOMIK PADA IKAN NILA (*Oreochromis niloticus*): KAJIAN SISTEMATIK TERHADAP PROGRAM PEMULIAAN DAN KEBERLANJUTAN BUDIDAYA

Genetic Selection and Genomic Innovation in Nila Fish (Oreochromis niloticus): A Systematic Study of Breeding Program and Sustainability of Cultivation

Vera Dewiana B[1], Yeni Gusti Handayani[2], Amelia Sriwahyuni Lubis[3*]
[1,2]*Program Studi Magister Sumberdaya Perairan, Pesisir dan Kelautan, Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan, Universitas Bung Hatta, Padang, Indonesia*
[3]*Program Studi Budidaya Perikanan, Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan, Universitas Bung Hatta, Padang, Indonesia*

Disubmit: 26 Oktober 2025; Direvisi: 11 November 2025 ; Diterima: 4 Desember 2025

ABSTRAK: Kemajuan teknologi genomik telah merevolusi pendekatan penelitian dan pemuliaan ikan nila (*Oreochromis niloticus*), yang sebelumnya berbasis fenotip menjadi lebih terarah pada informasi genetik. Penelitian ini bertujuan menelaah perkembangan, penerapan, serta efektivitas berbagai inovasi genomik dalam pemuliaan ikan nila melalui metode *Systematic Literature Review* (SLR) terhadap sepuluh artikel ilmiah terbitan tahun 2015–2025. Kajian ini mengidentifikasi sejumlah teknologi utama yang digunakan, termasuk *Genomic Selection* (GS), *Genome-Wide Association Studies* (GWAS), RNA *Sequencing* (RNA-Seq), *Marker-Assisted Selection* (MAS), serta teknik penyuntingan gen berbasis *CRISPR/Cas9*. Hasil tinjauan menunjukkan bahwa penerapan seleksi genomik mampu meningkatkan akurasi nilai pemuliaan sebesar 30–34% dibandingkan metode konvensional. Pendekatan GWAS berhasil menemukan lokus penting pada kromosom 5 dan 7 yang terkait dengan laju pertumbuhan serta efisiensi pakan. Analisis *RNA-Seq* mengungkap lebih dari 500 gen berbeda ekspresi yang berperan dalam mekanisme adaptasi terhadap stres salinitas, sedangkan penerapan *CRISPR/Cas9* terbukti efektif menghasilkan populasi jantan tanpa penggunaan hormon sintetis. Sementara itu, program pemuliaan konvensional di Kenya dan Uganda masih menunjukkan peningkatan pertumbuhan sekitar 20% per generasi, meskipun belum sepenuhnya mengintegrasikan teknologi genomik. Secara keseluruhan, penerapan teknologi genomik berpotensi besar untuk mempercepat peningkatan produktivitas ikan nila, menjaga keberlanjutan sistem budidaya, serta memperkuat pengelolaan sumber daya perairan secara efisien dan ramah lingkungan.
Kata kunci: Keberlanjutan Akuakultur; *Oreochromis niloticus*; Pembiakan Selektif; Peningkatan Genetik; Seleksi Genomik

ABSTRACT: *Advances in genomic technology have revolutionized the research and breeding approach of tilapia (Oreochromis niloticus), from being phenotype-based to being more genetically focused. This study aims to examine the development, application, and effectiveness of various genomic innovations in tilapia breeding through a Systematic Literature Review (SLR) of ten scientific articles published between 2015 and 2025. This study identified several key technologies used, including Genomic Selection (GS), Genome-Wide Association Studies (GWAS), RNA Sequencing (RNA-Seq), Marker-Assisted Selection (MAS), and CRISPR/Cas9-based gene editing techniques. The review results indicate that the application of genomic selection can increase the accuracy of breeding values by 30–34% compared to conventional methods. The GWAS approach successfully identified important loci on chromosomes 5 and 7 associated with growth rate and feed efficiency. RNA-Seq analysis revealed more than 500 differentially expressed genes involved in adaptation mechanisms to salinity stress, while the application of CRISPR/Cas9 proved effective in producing male populations without the use of synthetic hormones. Meanwhile, conventional breeding programs in Kenya and Uganda still show growth increases of around 20% per*

generation, despite not yet fully integrating genomic technology. Overall, the application of genomic technology has great potential to accelerate tilapia productivity, maintain the sustainability of aquaculture systems, and strengthen efficient and environmentally friendly aquatic resource management.
***Keywords**: Aquaculture Sustainability; Genetic Improvement; Genomic Selection; Oreochromis niloticus*; *Selective Breeding*

*corresponding author
Email : amelialubis@bunghatta.ac.id

Recommended APA Citation :
Bakhris, V.D., Handayani, Y.G., Lubis, A.S. (2025). Seleksi Genetik dan Inovasi Genomik pada Ikan Nila (*Oreochromis Niloticus*): Kajian Sistematik Terhadap Program Pemuliaan dan Keberlanjutan Budidaya. *J.Aquac.Indones*, 5(1): 73-88. http://dx.doi.org/10.46576/jai.v5i1.7770

PENDAHULUAN

Ikan nila (*Oreochromis niloticus*) merupakan salah satu komoditas air tawar paling penting secara global, berperan besar dalam penyediaan protein hewani, sumber pendapatan, serta ketahanan pangan di berbagai negara di Asia, Afrika, dan Amerika Latin (Abaho *et al.*, 2024; Naylor *et al.*, 2021). Dalam dua dekade terakhir, produksi ikan nila terus meningkat, menjadikannya spesies air tawar ketiga yang paling banyak dibudidayakan di dunia setelah ikan *grass carp* dan *silver carp* (Abaho *et al.*, 2024). Keunggulan biologisnya seperti laju pertumbuhan cepat, toleransi terhadap variasi lingkungan yang luas, serta kemampuannya memanfaatkan pakan buatan menjadikan nila sebagai spesies utama dalam pengembangan akuakultur berkelanjutan. Program *Genetically Improved Farmed Tilapia* (GIFT) yang dirintis oleh ICLARM pada tahun 1988 menjadi tonggak penting dalam sejarah peningkatan genetik ikan nila. Program ini mengombinasikan strain lokal dari Filipina dengan berbagai strain internasional untuk meningkatkan performa pertumbuhan dan ketahanan terhadap lingkungan budidaya (ICLARM, 1988).

Di Indonesia dan berbagai negara berkembang lainnya, ikan nila berperan strategis dalam mendukung ketahanan pangan dan gizi masyarakat, terutama melalui sistem budidaya skala kecil yang tersebar di wilayah pedesaan dan kepulauan. Contohnya di Madagaskar, usaha budidaya nila terbukti mampu meningkatkan pendapatan keluarga serta memperbaiki asupan protein masyarakat lokal (Angermayr *et al.*, 2023). Naylor *et al.* (2021) mencatat bahwa sektor akuakultur kini telah menyumbang lebih dari 49% dari total produksi perikanan dunia, menjadikannya komponen vital dalam penyediaan pangan global di masa depan. Meski permintaan terhadap ikan nila terus tumbuh, produktivitasnya masih menghadapi sejumlah kendala serius, seperti penurunan laju pertumbuhan, mutu benih yang menurun akibat *inbreeding*, serta ancaman penyakit seperti *Tilapia Lake*

Virus (TiLV) (Yáñez *et al.,* 2020; Abaho *et al.,* 2024). Rendahnya kualitas genetik populasi nila sebagian besar disebabkan oleh keterbatasan dalam pelaksanaan program pemuliaan sistematis, lemahnya pengelolaan silsilah, dan minimnya penerapan teknologi genomik di tingkat pembenihan (Yáñez *et al*., 2022).

Kemajuan bioteknologi dalam dua dekade terakhir telah mendorong perubahan besar dalam arah penelitian genetika perikanan. Pendekatan seperti *Selective Breeding*, *Marker-Assisted Selection* (MAS), *Genome-Wide Association Studies* (GWAS), dan *Genomic Selection* (GS) terbukti mampu mempercepat proses pemuliaan dengan meningkatkan akurasi perbaikan sifat kompleks, termasuk pertumbuhan, efisiensi pakan, dan ketahanan terhadap penyakit (Yáñez *et al.,* 2022). Sebagai contoh, penerapan *Genomic Selection* pada ikan nila dan salmon menunjukkan peningkatan akurasi prediksi nilai pemuliaan hingga dua kali lipat dibandingkan metode berbasis silsilah tradisional (Yáñez *et al.,* 2020).

Selain itu, perkembangan teknologi sekuensing generasi kedua dan ketiga (SGS dan TGS) telah memungkinkan penyusunan peta genom resolusi tinggi yang membantu identifikasi gen-gen kandidat yang berperan dalam sifat ekonomi penting seperti pertumbuhan cepat dan ketahanan terhadap stres (Yáñez *et al*., 2022; Yoshida *et al.,* 2022). Di sisi lain, penerapan teknologi *CRISPR/Cas9* terbukti efektif dalam meningkatkan efisiensi pertumbuhan dan konversi pakan melalui pengeditan gen secara presisi. Zhu *et al*. (2024) melaporkan bahwa penghapusan gen penghambat pertumbuhan seperti myostatin (mstn) dapat meningkatkan massa otot dan efisiensi pemanfaatan pakan pada ikan nila maupun lele. Selain mempercepat pertumbuhan, teknologi *CRISPR/Cas9* juga mendukung efisiensi sumber daya melalui pengurangan limbah pakan dan dampak lingkungan, menjadikannya inovasi kunci dalam bioteknologi akuakultur modern.

Namun, tantangan besar masih dihadapi, terutama di negara-negara berkembang yang menjadi produsen utama ikan nila. Keterbatasan kapasitas teknis dan kesenjangan pengetahuan menjadi hambatan utama dalam penerapan inovasi genomik secara luas. Seperti yang disampaikan oleh Naylor *et al.* (2021), keberlanjutan akuakultur di masa depan akan sangat bergantung pada kemampuan untuk mengintegrasikan teknologi genomik ke dalam sistem produksi yang efisien, ramah lingkungan, dan berkeadilan sosial. Berdasarkan kondisi tersebut, penelitian ini bertujuan untuk meninjau secara sistematik hasil-hasil penelitian terkini (2015–2025) yang berfokus pada penerapan seleksi genetik dan pendekatan genomik dalam peningkatan performa ikan nila secara berkelanjutan. Kajian ini diharapkan dapat memberikan pemahaman komprehensif mengenai peran inovasi genomik dalam mendukung efisiensi, ketahanan, dan keberlanjutan sistem budidaya ikan nila di berbagai skala.

METODE PENELITIAN

Jenis Penelitian

Penelitian ini menggunakan pendekatan *Systematic Literature Review* (SLR) yang disusun berdasarkan pedoman PRISMA 2020 (*Preferred Reporting Items for Systematic Reviews and Meta-Analyses*) sebagaimana dijelaskan oleh Page *et al*. (2021). Pendekatan ini dipilih karena mampu menyajikan sintesis ilmiah yang terstruktur, transparan, dan dapat dipertanggungjawabkan dalam menganalisis perkembangan riset terkait seleksi genetik dan inovasi genomik pada ikan nila (*Oreochromis niloticus*). Tujuan utama dari SLR ini adalah mengidentifikasi, menilai, dan merangkum hasil-hasil penelitian terbaru mengenai penerapan teknologi genomik dalam program pemuliaan ikan nila yang berorientasi pada keberlanjutan akuakultur.

Sumber Data

Data dalam penelitian ini diperoleh dari basis data ilmiah internasional yang kredibel dan banyak digunakan di bidang genetika dan akuakultur, yaitu *Google Scholar*. Seluruh artikel yang digunakan merupakan publikasi ilmiah yang dapat diakses secara terbuka (*open access*), sehingga validitas dan keterbukaan datanya dapat diverifikasi dengan mudah.

Kata Kunci Pencarian

Proses pencarian literatur dilakukan dengan menggunakan kombinasi kata kunci yang relevan dan spesifik, yakni "*selective breeding tilapia genomics*." Pemilihan kata kunci ini bertujuan untuk menyeleksi artikel yang secara langsung berfokus pada penerapan metode seleksi genetik dan pendekatan genomik dalam peningkatan performa ikan nila (*Oreochromis niloticus*). Seluruh proses pencarian dilakukan secara sistematis untuk memastikan bahwa artikel yang dipilih memiliki keterkaitan kuat dengan topik utama penelitian, yaitu inovasi teknologi pemuliaan ikan nila dalam konteks budidaya berkelanjutan.

Batasan Pencarian

Ruang lingkup pencarian literatur dibatasi berdasarkan beberapa kriteria agar hasil kajian tetap fokus dan relevan. Pertama, periode publikasi dibatasi antara 2015 hingga 2025, karena satu dekade terakhir dianggap sebagai masa paling aktif dalam perkembangan riset genetika dan genomik perikanan. Kedua, hanya artikel *open access* yang dipilih agar isi dan data penelitian dapat ditelaah secara menyeluruh. Ketiga, kajian ini difokuskan pada spesies ikan nila (*Oreochromis niloticus*) dengan topik utama terkait penerapan selective breeding atau inovasi genomik dalam konteks budidaya air tawar berkelanjutan. Pembatasan ini memastikan bahwa semua literatur yang digunakan relevan, mutakhir, dan mendukung tujuan penelitian secara ilmiah.

Proses Seleksi Artikel

Proses seleksi literatur mengikuti alur kerja PRISMA (Page *et al.*, 2021) yang terdiri dari beberapa tahapan, yaitu :

1. Tahap identifikasi: seluruh artikel yang relevan dengan kata kunci dikumpulkan dari *Google Scholar*. Pada tahap ini diperoleh 1.490 artikel potensial.
2. Tahap penyaringan awal: dilakukan seleksi berdasarkan judul dan abstrak untuk memastikan kesesuaian dengan topik *selective breeding dan genomics in tilapia. Artikel yang membahas spesies lain atau tidak berkaitan dengan genetika ikan* nila dikeluarkan dari daftar. Hasil penyaringan awal menyisakan 20 artikel.
3. Tahap evaluasi kelayakan isi: setiap artikel kemudian ditelaah secara penuh untuk menilai kelayakannya berdasarkan tiga kriteria utama (relevansi dengan topik seleksi genetik ikan nila, adanya data atau temuan yang memuat metode genomik seperti *Marker-Assisted Selection* (MAS*), Genomic Selection* (GS), *Genome-Wide Association Studies* (GWAS), atau teknik *gene editing*, dan keterkaitan hasil penelitian dengan aspek keberlanjutan budidaya.

Dari hasil telaah, 7 artikel memenuhi seluruh kriteria inklusi dan dijadikan sumber utama dalam analisis sistematik. Artikel lainnya yang tidak memenuhi kriteria digunakan sebagai referensi sekunder untuk memperkuat konteks dan mendukung interpretasi hasil.

Analisis Data

Analisis data dilakukan dengan mengelompokkan hasil penelitian berdasarkan kesamaan tema dan arah kajian. Empat kategori utama digunakan sebagai kerangka analisis, yaitu:

1. Metode seleksi genetik, mencakup *mass selection, family selection, Marker-Assisted Selection* (MAS), dan *Genomic Selection* (GS);
2. Hasil genetik, yang meliputi peningkatan pertumbuhan, efisiensi pakan, dan ketahanan terhadap penyakit;
3. Penerapan teknologi genomik, termasuk penggunaan *Genome-Wide Association Studies* (GWAS), *Single Nucleotide Polymorphism* (SNP) array, *CRISPR/Cas9*, serta integrasi bioinformatika dalam analisis data genetik; dan
4. Aspek keberlanjutan, yang menyoroti efisiensi sumber daya, peningkatan nilai ekonomi, serta dampak sosial dan lingkungan dari penerapan inovasi genetik tersebut.

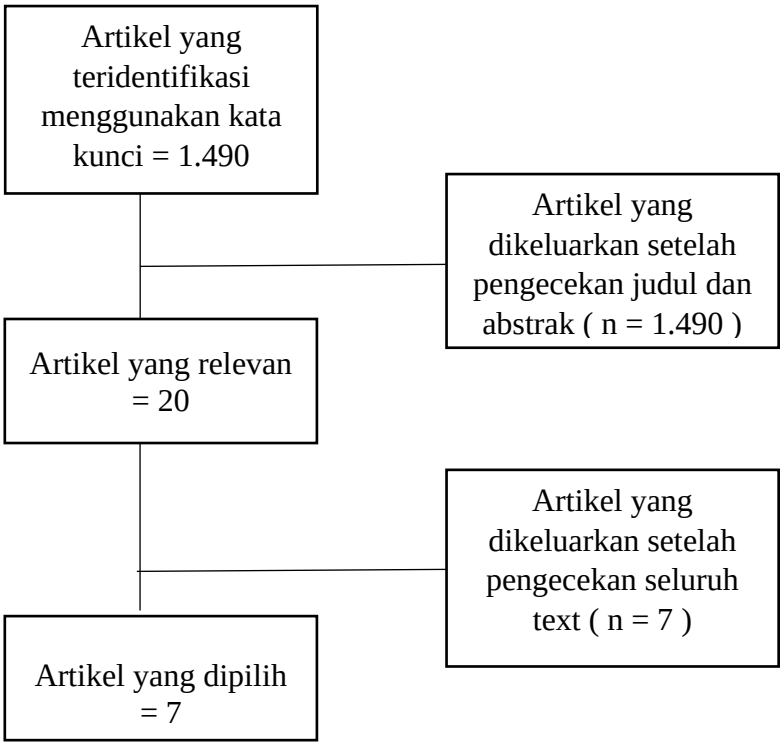
Setiap artikel dianalisis secara sistematis untuk mengidentifikasi kontribusi utama, bentuk inovasi teknologi yang diterapkan, serta tantangan implementasinya dalam konteks budidaya nila berkelanjutan. Hasil analisis ini kemudian disintesis untuk memberikan gambaran komprehensif mengenai arah perkembangan, peluang

penerapan, serta potensi jangka panjang teknologi genomik dalam mendukung sistem akuakultur yang efisien, adaptif, dan berdaya saing tinggi.

HASIL DAN PEMBAHASAN

Proses Seleksi Artikel

Melalui pencarian di *Google Scholar* dengan kata kunci yang relevan, awalnya teridentifikasi 1.490 artikel. Setelah dilakukan penyaringan cepat berdasarkan judul dan abstrak, jumlah yang dianggap relevan menyusut menjadi 20 artikel. Selanjutnya, kedua puluh artikel tersebut dibaca secara penuh; dari telaah isi lengkap ini akhirnya 7 artikel memenuhi semua kriteria inklusi dan dipilih sebagai sumber utama kajian. Rangkaian tahapan seleksi — mulai identifikasi hingga penetapan artikel akhir — digambarkan pada bagan alur PRISMA di bawah ini.



Gambar 1. Proses seleksi artikel

Tabel 1. Deskripsi Data Hasil Penelitian

Judul	Penulis dan Tahun	Metode	Hasil
Gene Editing Nuclease and Its Application in Tilapia	Minghui Li dan Deshou Wang, 2017	Artikel ini merupakan kajian literatur yang membahas berbagai metode rekayasa genom	Hasil utama penelitian menunjukkan bahwa teknologi gen editing seperti *ZFNs*, *TALENs*, dan *CRISPR/Cas9* telah berhasil diterapkan pada berbagai spesies ikan, termasuk tilapia, dengan efisiensi mutasi

		menggunakan *gene editing nucleases*	hingga 95% pada generasi F0. Teknologi ini berpotensi menghasilkan tilapia dengan pertumbuhan lebih cepat melalui modifikasi gen myostatin atau sf-1, serta tilapia infertil untuk mencegah reproduksi berlebih di akuakultur. Secara keseluruhan, sistem *TALEN* dan *CRISPR/Cas9* dinilai efektif dalam meningkatkan efisiensi budidaya tilapia melalui manipulasi genetik yang presisi.
The Need of a Structured Tilapia Breeding Program in Tanzania to Enhance Aquaculture Production: A Review	Redempta A. Kajungiro, Levinus L. Mapenzi, Christer S. Nyinondi, Anna Norman Haldén, Aviti J. Mmochi, Mwita Chacha, Matern S.P. Mtolera, Hieromin A. Lamtane, dan Dirk Jan de Koning, 2019	Penelitian ini merupakan kajian literatur dan studi lapangan. Metode meliputi telaah literatur dari jurnal ilmiah, laporan pemerintah, dan dokumen teknis, kunjungan lapangan, wawancara.	Hasil utama penelitian menunjukkan bahwa produksi ikan di Tanzania belum memenuhi kebutuhan nasional akibat rendahnya kualitas benih dari *hatchery* yang kekurangan investasi, infrastruktur, dan biosekuriti. Penggunaan induk liar juga menyebabkan *inbreeding* dan pencampuran spesies, sehingga menurunkan performa pertumbuhan. Penelitian merekomendasikan pembentukan program pemuliaan selektif nasional berbasis strain lokal (*Oreochromis niloticus* dan *O. urolepis hornorum*) untuk menghasilkan ikan jantan tumbuh cepat dan tahan lingkungan. Program ini dinilai penting untuk meningkatkan produktivitas, ketahanan pangan, dan konservasi genetik tilapia lokal di Tanzania.
Genomics to Accelerate Genetic Improvement in Tilapia	J. M. Yáñez, R. Joshi, dan G. M. Yoshida, 2020	Artikel ini merupakan kajian literatur. Penulis melakukan telaah menyeluruh terhadap hasil penelitian-penelitian sebelumnya tentang pemuliaan ikan tilapia menggunakan pendekatan genomik.	Hasil utama penelitian menunjukkan bahwa seleksi genomik mampu meningkatkan akurasi pemuliaan tilapia dibanding metode tradisional, dengan peningkatan genetik hingga 20% per generasi. Sifat pertumbuhan memiliki heritabilitas tinggi (0,06–0,60), sedangkan ketahanan terhadap *Streptococcus agalactiae* berkisar 0,15–0,38. Pendekatan ini dinilai paling efisien untuk mengoptimalkan sifat kompleks seperti pertumbuhan dan ketahanan penyakit. Ke depan, teknologi seperti *whole-genome sequencing*, *functional genomics*, *phenomics*, dan *gene editing*

			berpotensi mempercepat peningkatan genetik tilapia secara signifikan.
Genomic Selection and Genome-Wide Association Study for Feed-Efficiency Traits in a Farmed Nile Tilapia (Oreochromis niloticus) Population	Agustin Barría, John A. H. Benzie, Ross D. Houston, Dirk-Jan De Koning, dan Hugues de Verdal, 2021	Penelitian ini menggunakan metode eksperimen dan analisis genomik dengan pendekatan *Genome-Wide Association Study* (GWAS) dan *Genomic Selection* (GS).	Hasil utama penelitian menunjukkan bahwa efisiensi pakan pada tilapia memiliki heritabilitas sedang (0,12–0,22), menandakan potensi besar untuk perbaikan genetik. Penggunaan data genom meningkatkan akurasi prediksi nilai pemuliaan hingga 34% dibanding metode berbasis silsilah. Dengan demikian, seleksi genomik terbukti menjadi pendekatan yang efektif untuk meningkatkan efisiensi pakan, sekaligus memperkuat produktivitas dan keberlanjutan program pemuliaan tilapia.
Selective Breeding of Nile Tilapia (Oreochromis niloticus): A Strategy for Increased Genetic Diversity and Sustainable Development of Aquaculture in Kenya	Jacob Abwao, Joseph Jung'a, James E. Barasa, Domitila Kyule, Mary Opiyo, Jane Fonda Awuor, Erick Ogello, Jonathan M. Munguti & George A. Kenya, 2021	Kajian pustaka dan analisis deskriptif berbasis data sekunder mengenai status dan potensi pemuliaan ikan nila di Kenya. Data dikumpulkan dari laporan nasional, survei hatchery, dan studi global (Asia dan Afrika) terkait seleksi genetik dan perbaikan strain.	Hasil utama penelitian menunjukkan bahwa penerapan seleksi genetik melalui program pemuliaan induk dan monitoring genetik dapat secara signifikan meningkatkan pertumbuhan ikan nila hingga 90%, efisiensi pakan hingga 30%, serta melipatgandakan produksi nasional, sekaligus memperkuat ketahanan terhadap penyakit dan adaptasi lingkungan.
Genome-Wide Association and Genomic Selection in Aquaculture	José M. Yáñez, Agustín Barría, María E. López, Thomas Moen, Baltasar F. García, Grazyella M. Yoshida, dan Peng Xu, 2023	Artikel ini merupakan review ilmiah. Penulis menganalisis berbagai penelitian terdahulu mengenai penerapan *Genome-Wide Association Studies* (GWAS) dan *Genomic Selection* (GS) pada berbagai spesies	Hasil utama penelitian menunjukkan bahwa kemajuan genomik telah memungkinkan identifikasi ribuan penanda genetik (SNP) yang terkait dengan pertumbuhan, ketahanan penyakit, umur kematangan, dan kualitas daging pada ikan budidaya. Penerapan *Genomic Selection* (GS) mampu mempercepat kemajuan genetik hingga 2–3 kali dibanding seleksi konvensional. Meskipun masih menghadapi tantangan seperti biaya genotipe tinggi, populasi referensi terbatas, dan variasi hasil antar populasi, kombinasi antara GWAS, GS, dan teknologi

		akuakultur, termasuk salmon, trout, carp, tilapia, catfish, shrimp, dan oyster.	sekuensing generasi baru dinilai sebagai strategi kunci untuk mempercepat peningkatan produktivitas dan ketahanan terhadap stres lingkungan pada spesies akuakultur.
Genome-Wide Association Study and RNA-Seq Analysis Uncover Candidate Genes Controlling Growth Traits in Red Tilapia (Oreochromis spp.) Under Hyperosmotic Stress	Bingjie Jiang, Yifan Tao, Wenjing Tao, Siqi Lu, Mohamed Fekri Badran, Moustafa Hassan Lotfy Saleh, Rahma Halim Mahmoud Aboueleila, Pao Xu, Jun Qiang, dan Kai Liu, 2025	Penelitian ini menggunakan pendekatan kombinasi *Genome-Wide Association Study* (GWAS) dan *RNA sequencing* (RNA-seq) untuk mengidentifikasi gen kandidat yang mengontrol sifat pertumbuhan red tilapia di bawah tekanan salinitas tinggi (hiperosmotik).	Studi ini menghasilkan penanda molekuler baru untuk seleksi berbantuan marker (MAS) dalam program pemuliaan tilapia yang tahan salinitas dan tumbuh cepat.

Melalui pencarian literatur di *Google Scholar* menggunakan kata kunci yang relevan dengan topik penelitian ini, diperoleh sebanyak 1.490 artikel yang teridentifikasi. Tahap berikutnya dilakukan penyaringan berdasarkan judul dan abstrak, untuk memastikan kesesuaian dengan kriteria inklusi yang telah ditetapkan. Hasil seleksi awal menghasilkan 20 artikel yang dinilai relevan. Selanjutnya, seluruh isi artikel tersebut dianalisis secara menyeluruh, dan hanya 7 artikel yang memenuhi semua kriteria kelayakan serta digunakan sebagai sumber utama dalam kajian sistematik ini.

Perkembangan Teknologi Genomik pada Ikan Nila

Kemajuan teknologi genomik telah merevolusi arah penelitian dan program pemuliaan ikan nila (*Oreochromis niloticus*). Pendekatan yang sebelumnya hanya berfokus pada sifat fenotipik kini beralih menuju seleksi berbasis informasi genetik yang jauh lebih presisi. Sejak diperkenalkannya program GIFT (*Genetically Improved Farmed Tilapia*) di Filipina, riset mengenai peningkatan performa genetik ikan nila mengalami perkembangan pesat. Menurut Yáñez *et al.* (2020) dan Barría *et al.* (2021), tersedianya genom referensi yang lengkap serta panel *Single Nucleotide Polymorphism* (SNP) berjumlah 65K telah membuka peluang besar bagi penerapan *Genomic Selection* (GS) dan *Genome-Wide Association Studies* (GWAS) dalam perbaikan genetik nila secara terarah.

Perkembangan ini semakin diperkuat oleh penelitian Etherington *et al.* (2022) yang berhasil menyusun genom referensi tingkat kromosom untuk strain GIFT menggunakan kombinasi teknologi *long-read sequencing* (PacBio HiFi, CLR) dan *linked-read (10x Genomics*). Genom tersebut memiliki tingkat kontiguitas yang tinggi dan mencakup lebih dari 98% ukuran genom sesungguhnya. Selain itu, studi ini mengungkap adanya introgressi genetik dari spesies *Oreochromis mossambicus* dan *O. aureus* yang berkontribusi terhadap sifat-sifat unggul seperti pertumbuhan cepat dan ketahanan tubuh. Hasil tersebut menjadi pijakan penting bagi pemuliaan berbasis genom karena menyediakan referensi genom yang akurat dan representatif untuk populasi budidaya modern (Etherington *et al.*, 2022).

Sementara itu, penelitian Cáceres *et al.* (2019) memberikan pemahaman lebih mendalam tentang mekanisme genetik penentuan jenis kelamin pada ikan nila melalui pendekatan fine mapping berbasis *Whole-Genome Sequencing* (WGS). Penelitian ini berhasil mengonfirmasi bahwa gen *anti-Müllerian hormone* (Amh) pada kromosom 23 berperan sebagai faktor utama dalam diferensiasi jenis kelamin. Temuan tersebut menjadi terobosan penting karena memungkinkan pengendalian populasi jantan monoseks tanpa penggunaan hormon sintetis, sehingga lebih ramah lingkungan dan mendukung sistem budidaya berkelanjutan (Cáceres *et al*., 2019).

Dalam konteks peningkatan produktivitas, Yoshida *et al*. (2019) melakukan analisis GWAS dan simulasi GS untuk mengevaluasi sifat pertumbuhan dan rendemen fillet. Hasil penelitian menunjukkan bahwa nilai pemuliaan genomik (*Genomic Estimated Breeding Value* atau GEBV) memiliki akurasi yang lebih tinggi dibandingkan metode konvensional berbasis *Pedigree-BLUP*. Selain itu, penggunaan teknik imputasi genotipe dari panel SNP berdensitas rendah (LD) terbukti efisien secara biaya tanpa menurunkan akurasi prediksi. Strategi ini dinilai efektif untuk diadopsi dalam program pemuliaan nila skala industri, terutama di wilayah yang memiliki keterbatasan sumber daya (Yoshida *et al.*, 2019).

Penelitian-penelitian tersebut menunjukkan bahwa teknologi genomik pada ikan nila telah berkembang menuju sistem terintegrasi, yang mencakup pembangunan genom referensi berkualitas tinggi, identifikasi gen fungsional melalui WGS, dan penerapan GS berbasis SNP *array* serta imputasi genotipe. Namun demikian, di negara berkembang seperti Kenya, Uganda, dan Tanzania, sebagian besar program pemuliaan masih mengandalkan pendekatan konvensional tanpa dukungan data genomik yang memadai (Abwao *et al*., 2021; Abaho *et al*., 2025; Kajungiro *et al.*, 2019). Kesenjangan ini menegaskan perlunya percepatan adopsi teknologi genomik di tingkat operasional untuk memperkuat keberlanjutan dan daya saing industri perikanan budidaya.

Jenis dan Aplikasi Teknologi Genomik

Kemajuan pesat dalam bidang genomik telah membawa perubahan besar terhadap arah penelitian dan program pemuliaan ikan nila (*Oreochromis niloticus*).

Zenger *et al.* (2019) menjelaskan bahwa kemajuan teknologi seperti *Single Nucleotide Polymorphism* (SNP) *array*, *Genotyping-by-Sequencing* (GBS), serta strategi imputasi genotipe dengan panel SNP berdensitas rendah (LD panel) telah memungkinkan pelaksanaan *Genomic Selection* (GS) yang lebih efisien dan hemat biaya tanpa mengurangi tingkat akurasi. Selain itu, penerapan machine learning dan sistem fenotiping otomatis berbasis citra turut memperluas kemampuan peneliti dalam memperoleh data fenotipe secara cepat, presisi, dan non-invasif. Inovasi ini tidak hanya meningkatkan akurasi prediksi nilai pemuliaan genomik (*Genomic Estimated Breeding Value* / GEBV), tetapi juga mempercepat kemajuan genetik serta menekan risiko *inbreeding* dalam program seleksi.

Berbagai pendekatan genomik telah diterapkan dalam penelitian ikan nila, meliputi beragam metode dan tujuan yang saling melengkapi, antara lain:

- *Gene Editing* menggunakan teknologi seperti *CRISPR/Cas9*, TALEN, dan ZFN, yang memungkinkan modifikasi gen spesifik seperti *amhy*, *amhRII*, *foxl2*, dan *gsdf* untuk studi fungsi gen dan pengendalian jenis kelamin secara genetik (Li & Wang, 2017).
- *Selective Breeding*, berfokus pada peningkatan laju pertumbuhan, ketahanan terhadap penyakit, dan mutu benih untuk menghasilkan populasi yang lebih unggul (Abwao *et al*., 2021; Abaho *et al.*, 2025).
- *Genome-Wide Association Studies* (GWAS), digunakan untuk mengidentifikasi gen-gen kandidat yang berpengaruh terhadap sifat-sifat ekonomi penting seperti efisiensi pakan dan pertumbuhan (Barría *et al*., 2021; Jiang *et al*., 2025).
- *Genomic Selection* (GS), yang memanfaatkan ribuan penanda SNP untuk memperkirakan *Genomic Estimated Breeding Value* (GEBV) sehingga dapat mempercepat proses peningkatan genetik dengan presisi yang lebih tinggi (Yáñez *et al*., 2023).
- *Transcriptomics (RNA-Seq*), diterapkan untuk menganalisis ekspresi gen di bawah kondisi stres, terutama terhadap salinitas dan variasi pertumbuhan, dengan menyoroti gen seperti *plxnb2* dan *esrrg* yang berperan dalam respons adaptif (Jiang *et al*., 2025).

Secara keseluruhan, kemajuan berbagai teknologi tersebut menunjukkan bahwa inovasi genomik telah memperluas cakupan penelitian ikan nila dari sekadar perbaikan berbasis fenotipe menuju pengelolaan genetik berbasis data molekuler. Integrasi antara pendekatan seperti GBS, GWAS, GS, dan *gene editing* tidak hanya meningkatkan efektivitas seleksi, tetapi juga memperkuat keberlanjutan industri budidaya melalui peningkatan efisiensi, ketahanan terhadap penyakit, serta pelestarian keragaman genetik.

Keberhasilan Implementasi Teknologi Genomik

Berbagai penerapan teknologi genomik pada ikan nila telah menghasilkan kemajuan nyata dalam mempercepat peningkatan genetik dan produktivitas

budidaya. Salah satu terobosan penting adalah penggunaan *Genomic Selection* (GS), yang meningkatkan akurasi prediksi nilai pemuliaan hingga 30–34% dibandingkan metode berbasis silsilah tradisional (Barría *et al.*, 2021). Dengan metode ini, pemilihan induk unggul dapat dilakukan lebih cepat dan tepat karena didasarkan pada informasi genetik dari seluruh genom.

Selain itu, penelitian GWAS berhasil mengidentifikasi lokus penting pada kromosom 5 dan 7 yang berhubungan dengan pertumbuhan dan efisiensi pakan, termasuk gen *ghrh*, *ntrk3a*, dan *eif4e3* yang terlibat dalam metabolisme dan pembentukan jaringan otot. Penerapan analisis *RNA-Seq* juga mengungkap lebih dari 500 gen berbeda ekspresi antara ikan dengan pertumbuhan cepat dan lambat. Temuan ini menunjukkan bahwa adaptasi terhadap stres salinitas erat kaitannya dengan aktivitas jalur metabolik seperti *glycolysis/gluconeogenesis* dan *purine metabolism* (Jiang *et al.*, 2025), yang dapat menjadi dasar pengembangan strain nila tahan terhadap perubahan lingkungan.

Teknologi *CRISPR/Cas9* memberikan terobosan baru dalam kontrol jenis kelamin, di mana mutasi pada gen penentu seks dapat dilakukan dengan efisiensi tinggi, menghasilkan populasi jantan tanpa penggunaan hormon sintetis (Li & Wang, 2017). Di kawasan Afrika Timur, program pemuliaan di Kenya dan Uganda telah menunjukkan peningkatan laju pertumbuhan hingga 20% per generasi, meskipun implementasi teknologi genomik masih terbatas (Abwao *et al*., 2021; Abaho *et al*., 2025).

Hasil-hasil ini memperkuat bukti bahwa penerapan teknologi genomik memiliki potensi besar untuk mempercepat peningkatan genetik ikan nila, meningkatkan efisiensi produksi, dan memperkuat ketahanan pangan melalui akuakultur berkelanjutan.

Implikasi terhadap Keberlanjutan Budidaya

Kemajuan dalam bidang seleksi genetik dan genomik memberikan dampak positif terhadap keberlanjutan budidaya ikan nila dari tiga aspek utama: ekonomi, lingkungan, dan sosial. Dari sisi ekonomi, penerapan *Genomic Selection* terbukti meningkatkan efisiensi produksi melalui percepatan pertumbuhan, penghematan pakan, serta waktu panen yang lebih singkat (Barría *et al*., 2021; Yáñez *et al.*, 2020).

Secara lingkungan, strain unggul hasil pemuliaan genomik lebih tahan penyakit dan efisien dalam konversi pakan, sehingga dapat menekan penggunaan antibiotik dan hormon sintetis (Li & Wang, 2017; Yang *et al.*, 2024). FAO (2020) juga mencatat bahwa ikan nila termasuk dalam lima komoditas akuakultur utama dunia yang berperan penting dalam penyediaan protein hewani berkelanjutan. Karena itu, penerapan genomik pada nila turut berkontribusi pada pencapaian SDG 2 (*Zero Hunger*) dan SDG 14 (*Life Below Wat*er) melalui peningkatan produktivitas yang ramah lingkungan.

Dari aspek sosial, ketersediaan benih unggul yang stabil meningkatkan pendapatan pembudidaya kecil dan memperkuat ketahanan pangan masyarakat di negara-negara produsen utama (Angermayr *et al.*, 2023; Naylor *et al.*, 2021). Secara keseluruhan, penerapan genomik dalam pemuliaan ikan nila tidak hanya meningkatkan produktivitas dan ketahanan genetik, tetapi juga mengarahkan sistem akuakultur menuju model produksi yang lebih efisien, adaptif, dan berkelanjutan.

KESIMPULAN

Kemajuan dalam teknologi genetika dan genomik telah mengubah secara fundamental arah pemuliaan ikan nila (*Oreochromis niloticus*). Pendekatan tradisional yang berfokus pada seleksi fenotipik kini beralih ke sistem berbasis informasi genetik yang menawarkan tingkat akurasi dan efisiensi lebih tinggi. Penerapan teknologi seperti *Marker-Assisted Selection* (MAS) dan *Genomic Selection* (GS) memberikan peluang besar dalam peningkatan sifat-sifat kompleks, termasuk ketahanan terhadap penyakit dan efisiensi penggunaan pakan. Selain itu, pemanfaatan teknik *CRISPR/Cas9* membuka prospek baru dalam pengembangan strain unggul tanpa ketergantungan pada hormon sintetis. Integrasi berbagai teknologi tersebut tidak hanya mendorong peningkatan produktivitas dan ketahanan biologis, tetapi juga memperkuat keberlanjutan sistem budidaya nila. Meskipun demikian, penerapannya di negara berkembang masih menghadapi sejumlah kendala, seperti keterbatasan infrastruktur laboratorium, kurangnya tenaga ahli, dan belum optimalnya kebijakan pengelolaan genetik. Untuk memaksimalkan manfaat dari inovasi genomik, diperlukan kerja sama yang kuat antara lembaga penelitian, sektor industri, dan pemerintah guna memperkuat kapasitas teknis, memperluas akses terhadap teknologi, serta memastikan praktik pemuliaan yang berkelanjutan, inklusif, dan berkeadilan bagi kemajuan akuakultur di masa depan.

DAFTAR PUSTAKA

Abaho, I., Kwikiriza, G., Atukwatse, F., Izaara, A. A., Ekwangu, J., Baguma, S. D., Kubiriba, J., & Kasozi, N. (2025). Selective breeding for genetic improvement of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus Linnaeus*, 1758) in Uganda: Current status, challenges, and future perspectives. *Animals*, 15(1), 142. https://doi.org/10.3390/ani15020142

Abwao, J., Jung'a, J., Barasa, J. E., Kyule, D., Opiyo, M., Awuor, J. F., Ogello, E., Munguti, J. M., & Keya, G. A. (2021). Selective breeding of Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*): A strategy for increased genetic diversity and sustainable development of aquaculture in Kenya. *Journal of Applied Aquaculture*. https://doi.org/10.1080/10454438.2021.1958728

Angermayr, G., Palacio, A., & Chaminade, C. (2023). Small-scale freshwater aquaculture, income generation and food security in rural Madagascar. *Sustainability*, 15(21), 15439. https://doi.org/10.3390/su152115439

Barría, A., Benzie, J. A. H., Houston, R. D., De Koning, D.-J., & de Verdal, H. (2021). Genomic selection and genome-wide association study for feed-efficiency traits in a farmed Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) population. *Frontiers in Genetics*, 12, 737906. https://doi.org/10.3389/fgene.2021.737906

Cáceres, G., López, M. E., Cádiz, M. I., Yoshida, G. M., Jedlicki, A., Palma-Véjares, R., Travisany, D., Díaz-Domínguez, D., Maass, A., Lhorente, J. P., Soto, J., Salas, D., & Yáñez, J. M. (2019). Fine mapping using whole-genome sequencing confirms anti-Müllerian hormone as a major gene for sex determination in farmed Nile tilapia (*Oreochromis niloticus L.*). *G3: Genes, Genomes, Genetics*, 9(10), 3213–3223.https://doi.org/10.1534/g3.119.400297

Chen, J., Fan, Z., Tan, D., Jiang, D., & Wang, D. (2017). A review of genetic advances related to sex control and manipulation in tilapia. *Journal of the World Aquaculture Society*, 48(5), 622–634. https://doi.org/10.1111/jwas.12479

Etherington, G. J., Nash, W., Ciezarek, A., Mehta, T. K., Barria, A., Peñaloza, C., Khan, M. G. Q., Durrant, A., Forrester, N., Fraser, F., Irish, N., Kaithakottil, G. G., Lipscombe, J., Trong, T., Watkins, C., Swarbreck, D., Angiolini, E., Cnaani, A., Gharbi, K., Houston, R. D., Benzie, J. A. H., & Haerty, W. (2022). Chromosome-level genome sequence of the Genetically Improved Farmed Tilapia (GIFT, *Oreochromis niloticus*) highlights regions of introgression with *O. mossambicus*. *BMC Genomics*, 23(1), 832. https://doi.org/10.1186/s12864-022-09065-8

The State of World Fisheries and Aquaculture 2020: *Sustainability in Action*. Rome, Italy: FAO. https://doi.org/10.4060/ca9229en

Geletu, T. T., Tang, S., & Zhao, J. (2025). Genetic diversity and differentiation of cultured Nile tilapia populations from Ethiopia revealed by ddRAD-seq: Implications for better hatchery management. *Aquatic Living Resources*, 38, 2. EDP Sciences. https://doi.org/10.1051/alr/2024018

Genetic Improvement of Farmed Tilapias (GIFT) Project: Final Report (March 1988–December 1997). International Center for Living Aquatic Resources Management (ICLARM), Makati, Metro Manila, Philippines. https://worldfishcenter.org/publication/genetic-improvement-farmed-tilapias-gift-project-final-report-march-1988-december-1997

Jansen, M. D., Dong, H. T., & Mohan, C. V. (2018). Tilapia lake virus: A threat to the global tilapia industry? *Reviews in Aquaculture*, 11(3), 725–739. https://doi.org/10.1111/raq.12254

Jiang, B., Tao, Y., Tao, W., Lu, S., Badran, M. F., Saleh, M. H. L., Aboueleila, R. H. M., Xu, P., Qiang, J., & Liu, K. (2025). Genome-wide association study and RNA-seq analysis uncover candidate genes controlling growth traits in red tilapia (*Oreochromis spp.*) under hyperosmotic stress. *International Journal of Molecular Sciences*, 26(13), 6492. https://doi.org/10.3390/ijms26136492

Kajungiro, R. A., Mapenzi, L. L., Nyinondi, C. S., Haldén, A. N., Mmochi, A. J., Chacha, M., Mtolera, M. S. P., Lamtane, H. A., & de Koning, D. J. (2019). The need of a structured tilapia breeding program in Tanzania to enhance aquaculture production: A review. *Tanzania Journal of Science*, 45(3), 355–371

Kwikiriza, G., Muthoka, M., Omara, T., Abaho, I., Tibihika, P. D., Curto, M., Opiyo, M. A., Munguti, J., Abwao, J., Orina, P., & Meimberg, H. (2025). Nile tilapia (Oreochromis niloticus L.) cage aquaculture in Africa: Potential threats to congeneric fish species and advances to detect escapes. *Aquaculture, Fish and Fisheries*, 5(4), e70090. https://doi.org/10.1002/aff2.70090

Li, M., & Wang, D. (2017). Gene editing nuclease and its application in tilapia. *Science Bulletin*, 62(3), 165–173. https://doi.org/10.1016/j.scib.2017.01.003

Naylor, R. L., Hardy, R. W., Buschmann, A. H., Bush, S. R., Cao, L., Klinger, D. H., Little, D. C., Lubchenco, J., Shumway, S. E., & Troell, M. (2021). A 20-year retrospective review of global aquaculture. *Nature*, 591(7851), 551–563. https://doi.org/10.1038/s41586-021-03308-6

Oliveira, C. A. L. de, Ribeiro, R. P., Yoshida, G. M., Kunita, N. M., Rizzato, G. S., de Oliveira, S. N., dos Santos, A. I., & Nguyen, N. H. (2016). Correlated changes in body shape after five generations of selection to improve growth rate in a breeding program for Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*) in Brazil. *Journal of Applied Genetics*, 57, 257–263. https://doi.org/10.1007/s13353-016-0338-5

Page, M. J., McKenzie, J. E., Bossuyt, P. M., Boutron, I., Hoffmann, T. C., Mulrow, C. D., Shamseer, L., Tetzlaff, J. M., Akl, E. A., Brennan, S. E., Chou, R., Glanville, J., Grimshaw, J. M., Hróbjartsson, A., Lalu, M. M., Li, T., Loder, E. W., Mayo-Wilson, E., McDonald, S., McGuinness, L. A., Stewart, L. A., Thomas, J., Tricco, A. C., Welch, V. A., Whiting, P., & Moher, D. (2021). The PRISMA 2020 statement: An updated guideline for reporting systematic reviews. *BMJ*, 372, n71. https://doi.org/10.1136/bmj.n71

Peñaloza, C., Robledo, D., Barría, A., Trịnh, T. Q., Mahmuddin, M., Wiener, P., Benzie, J. A. H., & Houston, R. D. (2020). Development and validation of an open access SNP array for Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*). *G3: Genes, Genomes, Genetics*, 10(8), 2777–2785. https://doi.org/10.1534/g3.120.401343

Wasso, D. S., Ayagirwe, R. B. B., & Kassam, D. (2025). Assessing genetic variation in Nile tilapia populations across Sub-Saharan Africa: A review for conservation and sustainable aquaculture. *Discover Animals*, 2, 51. https://doi.org/10.1007/s44338-025-00075-w

Yáñez, J. M., Joshi, R., & Yoshida, G. M. (2020). Genomics to accelerate genetic improvement in tilapia. *Animal Genetics*, 51(5), 658–674. https://doi.org/10.1111/age.12989

Yáñez, J. M., Barría, A., López, M. E., Moen, T., García, B. F., Yoshida, G. M., & Xu, P. (2022). Genome-wide association and genomic selection in aquaculture. *Reviews in Aquaculture*, 15(2), 645–675. https://doi.org/10.1111/raq.12750

Yoshida, G. M., Lhorente, J. P., Correa, K., Soto, J., Salas, D., & Yáñez, J. M. (2019). Genome-wide association study and cost-efficient genomic predictions for growth and fillet yield in Nile tilapia (*Oreochromis niloticus*). *G3: Genes, Genomes, Genetics*, 9(8), 2597–2607. https://doi.org/10.1534/g3.119.400116

Zenger, K. R., Khatkar, M. S., Jones, D. B., Khalilisamani, N., Jerry, D. R., & Raadsma, H. W. (2019). Genomic selection in aquaculture: Application, limitations and opportunities with special reference to marine shrimp and pearl oysters. *Frontiers in Genetics*, 10, 693. https://doi.org/10.3389/fgene.2019.00693

Zhu, M., Sumana, S. L., Abdullateef, M. M., Falayi, O. C., Shui, Y., Zhang, C., Zhu, J., & Su, S. (2024). CRISPR/Cas9 technology for enhancing desirable traits of fish species in aquaculture. *International Journal of Molecular Sciences*, 25(17), 9299. https://doi.org/10.3390/ijms25179299