

BAB I

PENDAHULUAN

1.1 Latar Belakang

Indonesia merupakan negara kepulauan dengan wilayah geografis dan permukaan air yang luas. Kondisi geografis ini menunjukkan adanya sumber daya hayati yang melimpah. Indonesia menempati peringkat ketiga di dunia dalam keanekaragaman spesies ikan air tawar (Fattah *et al.*, 2021). Menurut data Fishbase (2024), Indonesia memiliki 1.292 spesies ikan air tawar, 142 diantaranya merupakan spesies endemik seperti ikan cupang. Ikan cupang adalah genus ikan dalam famili Osphronemidae yang dikenal karena warna yang indah. Spesies ini tidak hanya populer sebagai ikan hias tetapi juga memiliki nilai ekologi penting dalam ekosistem perairan.

Salah satu spesies dari ikan cupang *Betta* sp yaitu *Betta brownorum* dimana ikan tersebut hidup di hutan gambut Kalimantan Barat, Indonesia. Ikan ini dipelajari oleh Witte dan Schmidt pada tahun 1992 dan menurut IUCN 2019, spesies ini diperkirakan akan punah pada tahun 2050 karena hilangnya habitat. Untuk mengatasi hal tersebut diperlukan adanya konservasi. Konservasi yaitu melindungi dan melestarikan kehidupan di air untuk menjaga keseimbangan alam dan memastikan sumber daya alam tetap tersedia bagi generasi mendatang. Konservasi spesies ini sangat penting untuk menjaga keseimbangan ekosistem perairan di Kalimantan (Syafei, 2017).

Langkah pertama dalam konservasi spesies melibatkan tindakan yang dikenal sebagai konservasi genetik. Konservasi genetik merupakan upaya untuk melindungi organisme dengan mengurangi risiko kepunahan dan ancaman penurunan populasi melalui proses genetik dan evolusi (Kramer & Havens, 2009; Turhadi & Hakim, 2023). Penurunan variasi genetik dalam suatu populasi dapat meningkatkan risiko kepunahan bagi organisme tersebut. Oleh karena itu, identifikasi tingkat morfologi dan molekuler diperlukan karena teknik biologi molekuler mendukung keberlanjutan serta membantu mengidentifikasi sumber daya hayati yang semakin terancam. Proses identifikasi dimulai dengan analisis morfologi yang kemudian dilanjutkan dengan identifikasi molekuler menggunakan

potongan DNA pendek yang dikenal sebagai DNA Barcoding (Achmad *et al.*, 2019).

DNA Barcoding adalah teknologi identifikasi spesies menggunakan urutan DNA pendek sebagai penanda. Identifikasi organisme yang semula hanya berdasarkan ciri morfologi kini berkembang menjadi klasifikasi molekuler yang mengelompokkan organisme berdasarkan kemiripan genetiknya. Metode ini terbukti efektif dalam mengidentifikasi perbedaan antar spesies dengan akurat (Larasati *et al.*, 2021). DNA Barcoding dapat diperoleh dari beberapa sel diantaranya yaitu mitokondria (mtDNA), kloroplas (cpDNA) dan inti sel (nDNA) (Rahayu *et al.*, 2022). Penanda molekuler yang sering digunakan untuk DNA barcoding pada hewan berupa gen *cytochrome oxidase subunit I* (COI).

Gen COI adalah salah satu dari gen pada genom mitokondria dan dalam studi molekuler digunakan sebagai penanda genetik untuk mempelajari karakteristik genetik antar spesies maupun individu. Penelitian terdahulu yang diakukan oleh Ward *et al.* (2005) mengungkapkan bahwa gen COI dapat digunakan untuk membedakan spesies ikan secara efektif. Selain itu, penelitian oleh Hebert *et al.*, (2003) menunjukkan bahwa COI merupakan marker yang sangat baik untuk studi taksonomi dan biogeografi. Kajian sistematika molekuler menggunakan teknik genetik memungkinkan peneliti untuk memahami hubungan filogenetik antar spesies. Pendekatan ini memberikan informasi yang lebih akurat dibandingkan dengan karakter morfologi saja (Zuhra *et al.*, 2024). Hal ini menjadikannya pilihan yang tepat dalam penelitian untuk mengidentifikasi perbedaan genetik pada tingkat spesies.

Dengan memahami struktur genetik dan hubungan filogenetiknya, upaya konservasi dapat dirancang dengan lebih efektif. Metodologi yang digunakan dalam penelitian ini mencakup pengambilan sampel ikan dari Kalimantan Barat, ekstraksi DNA, dan amplifikasi gen COI menggunakan teknik PCR. Data yang diperoleh akan dianalisis menggunakan perangkat lunak bioinformatika Clustal W. Pada pembuatan pohon filogenetik menggunakan perangkat lunak *Molecular Evolution Genetik Analysis* (MEGA) dengan model *Maximum Parsimony* dan *Maksimum Likelihood* (Sari, 2023).

Hasil penelitian ini tidak hanya menambah wawasan tentang keanekaragaman hayati, tetapi juga memberikan dasar ilmiah bagi kebijakan konservasi di Indonesia, khususnya di Kalimantan. Dengan pemahaman yang lebih baik tentang keragaman genetik dan filogenetik *Betta brownorum*, upaya pelestarian dapat dilakukan secara lebih terarah dan berkelanjutan.

1.2 Rumusan Masalah

1. Bagaimana hasil sekvens DNA barcoding pada *Betta brownorum* berdasarkan gen COI?
2. Bagaimana hasil analisis filogenetik dan jarak genetik pada *Betta brownorum* terhadap genus *Betta* yang lain menggunakan gen COI?

1.3 Tujuan Penelitian

1. Untuk mengetahui sekvens DNA mitokondria *Betta brownorum* dengan menggunakan gen COI.
2. Untuk mengetahui kekerabatan *Betta brownorum* dengan hasil analisis filogenetik dan jarak genetik terhadap genus *Betta* yang lain menggunakan gen COI.

1.4 Manfaat Penelitian

1. Bagi Institusi
Meningkatkan pemahaman keragaman hayati dan evolusi, pengembangan teknologi DNA barcoding, pengelolaan sumber daya alam, dan konservasi spesies.
2. Bagi Penulis
Penelitian ini dapat meningkatkan pengetahuan biologi molekuler, kemampuan penelitian dan analisis data, serta kredibilitas akademis bagi penulis.
3. Bagi Pembangunan Nasional
Penelitian ini dapat meningkatkan kemampuan pengelolaan sumber daya alam, konservasi spesies, dan pengembangan industri bioteknologi.

1.5 Ruang Lingkup Penelitian

1. *Betta brownorum* digunakan sebagai sampel yang diambil dari habitat rawa gambut tertentu tanpa memperluas wilayah pengambilan sampel.
2. Penelitian berupa analisis sekvens dari marka gen COI.

3. Identifikasi genetik menggunakan metode DNA barcoding dan perangkat lunak untuk pensejajaran sekuens, serta MEGA untuk rekonstruksi pohon filogenetik dengan model *Maximum Parsimony* dan *Maximum Likelihood*.
4. Penelitian ini tidak membahas aspek ekologi, perilaku, atau faktor lingkungan secara mendalam yang memengaruhi populasi *Betta brownorum*

