

BAB I

PENDAHULUAN

1.1 Latar Belakang

Indonesia dikenal sebagai salah satu negara dengan julukan "Mega Biodiversitas" karena memiliki keanekaragaman hayati yang sangat kaya, baik flora maupun fauna. Kondisi ini didukung oleh lokasi geografisnya yang berada di wilayah garis Wallacea (Latapapua & Sahusilawane, 2023). Menurut Lembaga Ilmu Pengetahuan Indonesia (LIPI), Indonesia adalah negara dengan keanekaragaman hayati darat tertinggi kedua di dunia. Jika digabungkan dengan keanekaragaman hayati laut, Indonesia menempati peringkat pertama yang terkaya di dunia (Hamsyah *et al.*, 2024).

Keanekaragaman hayati yang meliputi berbagai jenis ikan hias, baik dari perairan laut maupun air tawar (Benarda, 2018). Berdasarkan data dari *Fishbase* (2024), jumlah ikan tawar di Indonesia sebanyak 1.292 spesies dan 142 spesies diantaranya termasuk ikan endemik seperti ikan cupang. Ikan Cupang merupakan ikan air tawar yang berasal dari beberapa negara di Asia Tenggara, seperti Indonesia, Thailand, Malaysia, Brunei Darussalam, Singapura, dan Vietnam (Sari *et al.*, 2018). Dari data ikan air tawar, saat ini terdapat 82 jenis ikan cupang di seluruh dunia (*Fishbase*, 2024). Sebanyak 51 spesies telah dilaporkan di Indonesia berdasarkan data *Fishbase* (Tamam, 2020).

Ikan cupang (*Betta sp.*) adalah ikan air tawar yang berasal dari daerah tropis dan banyak ditemukan di perairan Asia Tenggara, termasuk Indonesia dengan beragam jenisnya. Ikan ini hidup di alam bebas dengan habitatnya yang berada di rawa-rawa, danau dan sungai dengan arus yang tenang (Awaludin *et al.*, 2019). Salah satu spesiesnya adalah *Betta brownorum*, ikan air tawar yang hidup di habitat perairan hitam, seperti rawa gambut dan sungai kecil di barat laut Kalimantan, terutama di Sarawak, Malaysia, dari Sibu hingga Matang dan Kuching. Spesies ini hanya dapat bertahan di ekosistem tertentu, sehingga menjadi endemik dan rentan terhadap perubahan lingkungan serta aktivitas manusia yang merusak habitat aslinya (Hui & Ng, 2005). Untuk mengatasi hal ini, diperlukan upaya konservasi

merupakan upaya untuk melindungi dan melestarikan kehidupan yang penting saat menjaga keseimbangan alam dan memastikan sumber daya alam tetap tersedia bagi generasi mendatang (Syafei, 2017).

Sebagai langkah awal dalam upaya pelestarian, diperlukan suatu tindakan yang disebut konservasi genetik. Konservasi genetik adalah upaya untuk melindungi organisme dengan mengurangi risiko kepunahan dan ancaman penurunan populasi akibat proses genetik dan evolusi (Turhadi & Hakim, 2023). Penurunan variasi genetik dalam suatu populasi dapat meningkatkan risiko kepunahan organisme tersebut. Untuk itu, identifikasi baik secara morfologis maupun molekuler diperlukan, dengan teknik biologi molekuler yang dinilai sangat efektif karena mendukung keberlanjutan dan membantu mengetahui sumber daya hayati yang semakin beragam. Proses identifikasi dimulai dengan analisis morfologi yang kemudian dilanjutkan dengan identifikasi molekuler menggunakan potongan DNA pendek yang dikenal sebagai DNA Barcoding (Hebert *et al.*, 2003; Achmad *et al.*, 2019).

DNA barcoding adalah sistem yang dirancang untuk mengidentifikasi spesies dengan cepat, akurat, dan otomatis. Metode ini menggunakan potongan gen pendek sebagai penanda, di mana mutasi pada nukleotida gen tersebut menjadi dasar untuk membedakan setiap spesies secara taksonomi (Achmad *et al.*, 2019). Pada dasarnya, identifikasi menggunakan DNA barcoding telah membuktikan keakuratannya dalam memvalidasi spesies-spesies yang bermasalah dan sangat membantu peneliti dalam memprediksi keragaman serta hubungan kekerabatan spesies berdasarkan urutan sekuen DNA (Patantis *et al.*, 2019; Sulardiono *et al.*, 2022). Keunggulan lain dari identifikasi DNA barcoding adalah kemampuannya untuk mengidentifikasi spesies yang sulit dibedakan secara morfologi (Mohammad *et al.*, 2020; Xing *et al.*, 2021). Metode ini telah digunakan untuk mendukung pendekatan morfologi dan terbukti efektif dalam mengidentifikasi perbedaan antar spesies dengan akurat (Fernandes *et al.*, 2021).

Penanda molekuler yang sering digunakan untuk DNA barcoding pada hewan adalah gen mitokondria, seperti cytochrome oxidase subunit I (COI) dan

Cytochrome B (Cytb) (Jannah, 2020). Berbagai sekuens DNA barcoding telah dikembangkan untuk mendukung identifikasi organisme dan analisis filogenetik secara molekuler. Salah satu DNA barcoding yang sudah dikembangkan dan diaplikasikan pada ikan diantaranya yaitu sekuens DNA *Cytochrome B (Cytb)* (Fernandes *et al.*, 2017; Cutarelli *et al.*, 2018; Ghouri *et al.*, 2020). *Cytochrome B* merupakan Salah satu gen dalam DNA mitokondria. Gen *Cytb* sering digunakan untuk membandingkan spesies dalam famili atau genus yang sama karena variasi urutan basanya (Achmad *et al.*, 2019). Gen *Cytb* dipilih karena sifatnya yang lebih konservatif dibandingkan gen lainnya, sehingga mampu merekonstruksi hubungan antar individu pada tingkat spesies (Wirdateti, 2016). Hal ini menjadikannya pilihan yang tepat dalam penelitian untuk mengidentifikasi perbedaan genetik pada tingkat spesies.

Teknik analisis molekuler digunakan untuk menganalisis genetik yang berdasar pada variasi komposisi dan fungsi gennya. Dalam penelitian ini, analisis pensejajaran sekuens gen *Cytb* dari *B. brownorum* menggunakan perangkat lunak Clustal W. Pada pembuatan pohon filogenetik menggunakan perangkat lunak Molecular Evolution Genetic Analysis (MEGA) dengan model *Maximum Parsimony*, *Maximum Likelihood*, *Neighbor joining* dan UPGMA (Sari, 2023).

Keterbatasan informasi genetik pada *Betta brownorum* menyebabkan kesulitan dalam pengelompokan taksonomi. Sehingga diperlukan penelitian lebih lanjut mengenai hubungan filogenetik antara *B. brownorum* dengan spesies *Betta* lainnya menggunakan gen *Cytb* dalam analisis filogenetik. Informasi filogenetik tersebut dapat digunakan dalam menentukan sistematika dan pengelolaan konservasi agar datanya tersimpan dan tidak punah.

1.2 Rumusan Masalah

Berdasarkan latar belakang di atas dapat ditarik rumusan masalah yaitu:

1. Bagaimana hasil karakterisasi molekuler DNA barcoding pada *Betta brownorum* berdasarkan marka gen *Cytb*?
2. Bagaimana hasil analisis filogenetik dan jarak genetik pada *Betta brownorum* terhadap antar spesies *Betta* dengan menggunakan marka gen *Cytb*?

1.3 Tujuan Penelitian

1.3.1 Tujuan Umum

Tujuan umum dari penelitian ini adalah mengetahui karakterisasi molekuler DNA barcoding pada *Betta brownorum* dengan menggunakan marka gen *Cytb*.

1.3.2 Tujuan Khusus

1. Mengetahui hasil karakterisasi molekuler DNA barcoding pada *Betta brownorum* berdasarkan marka gen *Cytb*?
2. Mengetahui hasil analisis filogenetik dan jarak genetik pada *Betta brownorum* terhadap antar spesies *Betta* dengan menggunakan marka gen *Cytb*

1.4 Manfaat Penelitian

1.4.1 Bagi Akademis

Merupakan sumbangan bagi ilmu pengetahuan khususnya di bidang genetika tentang pengidentifikasian sekuens DNA suatu spesies dan mengetahui upaya konservasi *Betta brownorum*.

1.4.2 Bagi Praktis, penelitian ini akan bermanfaat bagi :

1. Bagi Institusi

Penelitian ini diharapkan bisa menjadi referensi bagi peneliti lain terkait *Betta brownorum* sebagai bagian dari keanekaragaman hayati yang perlu dilestarikan dan mendukung pengembangan penelitian berbasis biologi molekuler khususnya pada studi konservasi dan filogenetik.

2. Bagi penulis

- a) Mengetahui pemahaman dalam melakukan analisis molekuler dengan metode DNA barcoding dan filogenetik.
- b) Memperoleh pengalaman langsung dalam menggunakan perangkat lunak MEGA X.
- c) Membantu penulis berkontribusi pada upaya pelestarian spesies endemik serta membuka peluang untuk pengembangan penelitian lebih lanjut.

1.5 Ruang Lingkup Penelitian

Ruang lingkup dalam penelitian ini berfokus pada hasil sekuens DNA barcoding dan rekonstruksi pohon filogenetik dengan marka gen *Cytb*.