

BAB I. PENDAHULUAN

1.1 Latar Belakang

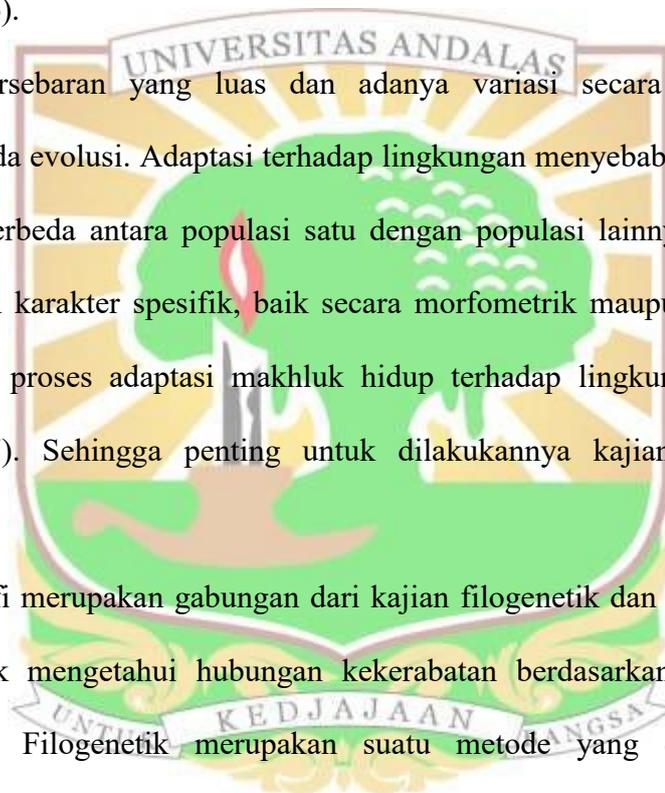
Ordo Siluriformes merupakan kelompok ikan yang bersungut (*catfish*), terdiri dari 3093 spesies dalam 478 genus dan 36 famili. Clariidae merupakan salah satu famili terbesar dalam ordo Siluriformes yang terdiri atas 16 genus dan 57 spesies (Ferraris, 2007). Salah satu genus clariidae yaitu *Clarias*, di Indonesia umumnya dikenal sebagai ikan lele. *Clarias* secara umum memiliki badan silindris menyerupai belut, kepala keras dan datar, mulut lebar yang memiliki empat pasang sungut, sirip dorsal yang panjang, dan memiliki organ tambahan (*suprabranchial organ*) yang memungkinkan untuk hidup diperairan yang minim oksigen (Kottelat *et al.*, 1993; Teugels dan Adriens, 2003).

Saat ini di Indonesia telah teridentifikasi sebanyak 16 spesies *Clarias* (Ferraris, 2007; Ng dan Hadiaty, 2011). Salah satunya yaitu *Clarias batrachus* Linnaeus (1758) yang memiliki karakter tubuh memanjang, tidak memiliki sirip adiposa, tulang belakang sirip dada bergerigi di tepi dalamnya, bagian kepala dan punggung berwarna abu-abu, bagian perut berwarna abu-abu pucat, dan terdapat bintik-bintik putih pada sisi tubuhnya (Więcaszek, 2010; Kottelat, 2013). Ng dan Kottelat (2008) melaporkan adanya variasi morfologi pada bentuk dan lebar *supraoccipital process* *C. batrachus* yang berasal dari populasi Jawa, Malaysia dan Thailand. Teugels *et al.* (1999) menyatakan bahwa bentuk *supraoccipital process* dapat dijadikan sebagai penanda pada *Clarias*.

Salah satu daerah persebaran *C. batrachus* menurut Pouyaud (1998) adalah Sumatra, kemudian ditegaskan oleh Kottelat (2013) bahwa *C. batrachus* berasal dari *Sundaland*. Daratan yang menghubungkan Semenanjung Malaya, Sumatra, Jawa dan Borneo pada era *last glacial maximum* disebut *Sundaland*. Pulau Sumatra merupakan salah satu pulau yang terbentuk akibat kenaikan permukaan air laut (Laut Andaman, Laut Cina Selatan dan Laut Jawa) di *Sundaland* (Hanebuth *et al.*, 2000; Sathiamurthy dan Voris, 2006).

Daerah persebaran yang luas dan adanya variasi secara geografis dapat mengarah kepada evolusi. Adaptasi terhadap lingkungan menyebabkan gen-gen yang terakumulasi berbeda antara populasi satu dengan populasi lainnya (Avice, 1987). Keragaman dan karakter spesifik, baik secara morfometrik maupun genetik timbul sebagai bagian proses adaptasi makhluk hidup terhadap lingkungan disekitarnya (Nguyen, 2017). Sehingga penting untuk dilakukannya kajian filogeografi *C. batrachus*.

Filogeografi merupakan gabungan dari kajian filogenetik dan biogeografi, yang bertujuan untuk mengetahui hubungan kekerabatan berdasarkan sejarah geologi (Avice, 2009). Filogenetik merupakan suatu metode yang digunakan untuk memodelkan kedekatan suatu spesies dengan spesies lainnya (Li *et al.*, 1999). Kajian filogenetik telah banyak dilakukan, salah satunya pada penelitian Roesma *et al.* (2018) yang melaporkan bahwa ikan barau dan sasau merupakan spesies yang sama. Biogeografi adalah ilmu yang menyatukan konsep dan informasi dari ekologi, biologi evolusioner, taksonomi, geologi, geografi fisik, paleontologi, dan klimatologi (Cox *et al.*, 2016). Oleh karena itu, kajian filogeografi memungkinkan untuk melihat



proses historis yang mendasari terjadinya keragaman genetik dan struktur populasi.

Penanda molekuler yang dapat digunakan untuk kajian filogeografi adalah gen-gen pada DNA mitokondria, karena bersifat maternal, non rekombinasi, memiliki laju evolusi yang cepat dan polimorfisme intraspesifik yang luas (Avice, 1987). Ukuran *complete genome* DNA mitokondria pada *C. batrachus* adalah 16.510 bp dengan total 37 gen (13 gen pengkode protein, 22 molekul tRNA, dan 2 molekul rRNA) (Kuswaha *et al.*, 2015). Gen pengkode DNA mitokondria terdiri dari CO1, CO1I, CO1II, ND1, ND2, ND3, ND4, ND5, ND6, ND 4L, ATPase 6, ATPase 6L dan Cyt-b (Chinnery dan Hudson, 2013). Salah satu gen DNA mitokondria yang dapat digunakan sebagai penanda untuk kajian filogeografi adalah gen CO1.

Gen sitokrom oksidase subunit I (CO1) merupakan gen pengkode protein yang berperan dalam proses transfer elektron pada saat sintesis ATP di mitokondria (Hebert *et al.*, 2003). Gen CO1 merupakan salah satu gen mtDNA yang evolusinya lambat (Simon, 1991), delesi dan insersi pada sekuennya sangat sedikit, serta memiliki banyak bagian sekuen yang bersifat *conserved* (lestari) (Hebert, 2003). Hal ini menjadi alasan gen CO1 efektif untuk mengidentifikasi hubungan filogenetik dan evolusi hingga tingkat spesies, contohnya identifikasi pada beberapa taksa hewan seperti serangga, burung, dan ikan (Hebert *et al.*, 2003, 2004; Ward *et al.*, 2005). Kajian identifikasi secara molekuler berdasarkan gen CO1 telah banyak digunakan, salah satunya pada penelitian Roesma *et al.* (2018) yang melaporkan bahwa gen CO1 mengkonfirmasi *Puntius cf. binotatus* dari Gunung Tujuh sebagai *Barbodes banksi* Gunung Tujuh. Serta, Roesma *et al.* (2020) melaporkan bahwa dengan analisis filogenetik berdasarkan gen CO1 ikan rinuak dan badar merupakan spesies yang

sama.

Kajian filogeografi dengan penanda molekuler telah pernah dilakukan pada beberapa *Clarias*. Steenberge *et al.* (2019) melaporkan filogeografi pada *C. gariepinus* di cekungan Congo, Afrika yang terbagi menjadi empat *clade* yang didukung dengan adanya data bahwa terjadi divergensi populasi *C. gariepinus* pada 400 kYA. Penelitian Nazia *et al.* (2010) menggunakan gen *Cyt-b* dan D-loop melaporkan filogeografi pada *C. macrocephalus* di Malaysia, tidak mengalami diferensiasi genetik yang signifikan dari tiga populasi.

Berdasarkan hasil penelitian yang telah dilaporkan, diketahui bahwa studi filogeografi dapat mengetahui hubungan kekerabatan berdasarkan sejarah geologinya. Sejarah geografi dari *Sundaland* memungkinkan terjadinya evolusi pada populasi *C. batrachus*. Serta, kajian filogeografi *C. batrachus* belum pernah dilakukan. Dengan demikian, penelitian mengenai studi filogeografi *C. batrachus* di pulau Sumatra dan populasi lainnya di Asia Tenggara berdasarkan gen CO1 perlu dilakukan.

1.2 Rumusan Masalah

Merujuk pada kajian filogeografi yang belum pernah dilakukan pada *C. batrachus* dan berdasarkan sejarah pembentukan pulau Sumatra dari pemisahan *Sundaland* (Voris, 2000) maka dengan demikian perlu dilakukan penelitian lebih lanjut pada tingkat molekuler pada *C. batrachus*. Hal ini perlu untuk mengetahui :

1. Apakah isolasi geografis pada daerah aliran sungai timur dan barat Sumatra pada lima populasi *C. batrachus* memberikan pengaruh secara genetik ?
2. Bagaimana hubungan geografi terhadap hubungan kekerabatan *C. batrachus*

populasi di Sumatra dan populasi lainnya di Asia Tenggara menggunakan gen CO1?

1.3 Tujuan

Tujuan dari penelitian ini adalah :

1. Mengetahui hubungan isolasi geografis pada daerah aliran sungai timur dan barat Sumatra pada lima populasi *C.batrachus* secara genetik.
2. Mengetahui hubungan geografi terhadap hubungan kekerabatan *C. batrachus* populasi di Sumatra dan populasi lainnya di Asia Tenggara menggunakan gen CO1.

1.4 Manfaat Penelitian

Penelitian ini diharapkan dapat menambah referensi dalam kajian evolusi, biosistemik dan taksonomi dari *C. batrachus*.

