

I. PENDAHULUAN

1.1 Latar Belakang

Cyprinidae merupakan salah satu famili ikan yang memiliki jumlah spesies terbesar dan beragam, serta memiliki 370 genus salah satunya adalah *Rasbora* (Froese dan Pauly, 2015). *Rasbora* merupakan salah satu genus dari subfamili Danioninae yang memiliki beragam spesies (Eschmeyer, 2013; Froese dan Pauly, 2013). Hingga saat ini sudah ditemukan sekitar 150 spesies *Rasbora* (Fricke *et al.*, 2019). Sebanyak 45 spesies ditemukan di Indonesia (Kottelat, 1993). Salah satunya adalah *Rasbora jacobsoni* yang juga ditemukan di Pesisir Barat Sumatra (Roesma *et al.*, 2021).

Secara taksonomi, genus *Rasbora* sulit dibedakan karena memiliki karakteristik yang unik dan sulit diidentifikasi (Muchlisin *et al.*, 2012). Rius dan Teske (2013) menyatakan bahwa pengidentifikasian suatu spesies membutuhkan kombinasi antara ciri morfologi dan molekuler. Salah satu cara mengidentifikasi suatu spesies secara molekuler adalah dengan menggunakan DNA *barcoding* (Taylor dan Harrist, 2012). DNA *barcoding* merupakan suatu metode pengidentifikasian spesies menggunakan urutan gen pendek dari genom organisme (Kress *et al.*, 2015). DNA *barcode* telah diaplikasikan pada studi taksonomi ikan mulai dari larva hingga dewasa (Rasmussen *et al.*, 2009).

DNA *barcoding* pertama kali diusulkan oleh Hebert *et al.* (2003), yang menyatakan bahwa keseluruhan organisme dapat diidentifikasi menggunakan suatu gen pendek yang sudah terstandarisasi. Kochzius *et al.* (2010), menambahkan bahwa gen yang umum digunakan untuk DNA *barcoding* tingkat hewan adalah gen

sitokrom oksidase subunit 1 (COI). Urutan gen COI sudah terstandarisasi dan cocok digunakan sebagai *barcode* DNA pada tingkat spesies untuk berbagai kelompok hewan (Kress *et al.*, 2015). Gen COI dijadikan sebagai gen standar untuk mempelajari dan mengkaji biodiversitas ikan (Valdez *et al.*, 2012). Hal tersebut karena pada gen COI tidak ditemukan insersi, delesi maupun stop kodon, sehingga mendukung standar identifikasi spesies hewan (Hajibabaei *et al.*, 2007).

Penelitian mengenai DNA *barcode* dari *R. jacobsoni* sudah pernah dilakukan oleh Sholihah *et al.* (2020). Sampel *R. jacobsoni* yang digunakan pada penelitian tersebut berasal dari Pesisir Barat Sumatra. Roesma *et al.* (2022) melaporkan bahwa *R. jacobsoni* juga ditemukan di Kepulauan Mentawai yaitu di Siberut Selatan. Penelitian mengenai karakteristik DNA *barcode* dari *R. jacobsoni* asal Siberut Selatan perlu dilakukan, karena Pulau Siberut merupakan salah satu pulau yang ada di Kepulauan Mentawai yang sudah terpisah sekitar 500.000 tahun lalu dari *Sundaland* (Voris, 2000). Oleh karena itu, terjadi perbedaan genetik akibat isolasi geografis antara Kepulauan Mentawai dengan *Sundaland*. Penelitian mengenai DNA *barcode* dari *R. jacobsoni* asal Siberut Selatan belum pernah dilakukan. Untuk itu, perlu kajian lebih lanjut mengenai bagaimana karakteristik DNA *barcode* dari *R. jacobsoni* asal Siberut Selatan. DNA *barcode* dari *R. jacobsoni* juga dapat digunakan untuk mengetahui bagaimana proses evolusi dari *R. jacobsoni*.

1.2 Rumusan Masalah

Penelitian mengenai DNA *barcode* *R. jacobsoni* asal Pesisir Barat Sumatra sudah pernah dilakukan, berdasarkan literatur *R. jacobsoni* juga ditemukan di Kepulauan

Mentawai tepatnya di Siberut Selatan yang sudah terpisah sekitar 500.000 tahun yang lalu. Oleh karena itu, perlu dilakukan kajian mengenai bagaimana karakteristik DNA *barcode* dari *R. jacobsoni* asal Siberut Selatan?

1.3 Tujuan Penelitian

Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui karakteristik DNA *barcoding* dari *R. jacobsoni* asal Siberut Selatan.

1.4 Manfaat Penelitian

Hasil penelitian ini dapat dijadikan sebagai informasi molekuler mengenai *R. jacobsoni* dan penelitian yang terkait dengan isolasi geografis.

