

## I. PENDAHULUAN

### 1.1 Latar Belakang

Famili Cyprinidae merupakan famili ikan air tawar yang dominan ditemukan. Pada famili Cyprinidae terdapat genus *Rasbora* yang memiliki banyak spesies diantara genus lain dalam famili ini (Eschmeyer, 2015). Salah satunya *Rasbora jacobsoni*, ikan ini tersebar di Pesisir Barat Pulau Sumatra, Indonesia (Weber dan de Beaufort, 1916).

Roesma (2013) telah mengidentifikasi di Danau Maninjau, Sumatra Barat terdapat *R. jacobsoni*. Roesma *et al.*, (2022) juga menemukan *R. jacobsoni* di Pulau Siberut, Kepulauan Mentawai serta memiliki jarak genetik sebesar 4,4% dari populasi *R. jacobsoni* Sumatra Barat berdasarkan gen COI yang terlihat dengan adanya pemisahan kelompok berdasarkan geografis pada pohon filogenetik. Mentawai menjadi salah satu kepulauan terluar Indonesia yang terpisah dari pulau utama *Sundaland* sekitar 500.000 tahun yang lalu (Voris, 2000).

Pemisahan Kepulauan Mentawai dengan *Sundaland* (isolasi geografis) menyebabkan flora dan fauna di Kepulauan Mentawai terutama Pulau Siberut (pulau terbesar di Mentawai) telah mengalami evolusi yang berbeda dengan yang terjadi di *Sundaland* (Mittermeier, 2007) yang berpotensi memunculkan spesies baru di Kepulauan Mentawai, termasuk untuk kelompok ikan air tawar (Roesma *et al.*, 2022). Analisis sekuens DNA individu dari beberapa populasi dilakukan untuk mengetahui tentang proses mikroevolusi seperti struktur populasi, aliran gen, isolasi geografis dan kepunahan (Emerson *et al.*, 2001). Untuk menganalisis dan memvisualisasikan hubungan evolusi antara populasi *R. jacobsoni* dari Pulau Sumatra dan Pulau Siberut digunakan *Haplotype Network*.

Menurut Paradis (2018) *Haplotype Network* adalah pendekatan yang banyak digunakan untuk menganalisis hubungan antara urutan DNA dalam suatu populasi atau spesies. Bergstrom (2001) menyatakan bahwa Haplotype adalah sekelompok alel dalam suatu organisme yang diwarisi dari induk kepada keturunannya. Salah satu gen yang digunakan untuk mengetahui haplotype suatu spesies yaitu gen sitokrom b. Kartavtsev dan Lee (2006) menyatakan bahwa salah satu gen mitokondria yang memiliki variasi tinggi yaitu gen sitokrom b yang dapat digunakan untuk menganalisis permasalahan sistematik pada tingkat famili sampai spesies. Zhang *et al.* (2019) telah menggunakan gen sitokrom b dalam pembuatan *Haplotype Network* ikan cendrawasih (*Macropodus ocellatus*). Vega *et al.* (2014) juga telah menggunakan sitokrom b dalam pembuatan *Haplotype Network* ikan air tawar *Poecilia butleri* dan menyatakan bahwa gen sitokrom b juga dapat menganalisa asal usul aliran gen (*gene flow*) antar populasi.

Menurut Arisuryanti *et al.* (2020) pemisahan antar haplotype dipengaruhi oleh jarak genetik antara satu haplotype dengan haplotype lain. Oleh karena itu, dengan adanya jarak genetik sebesar 4,4% (Roesma *et al.*, 2022) dan pengaruh isolasi geografis maka dilakukan penelitian untuk mengetahui persebaran haplotype antar populasi- populasi *R. jacobsoni* di Pulau Sumatra dan Pulau Siberut, Mentawai menggunakan *Haplotype Network* berdasarkan gen sitokrom b.

## **1.2 Rumusan Masalah**

Berdasarkan jarak genetik yang tinggi dan adanya isolasi geografis, maka perlu diketahui bagaimana persebaran haplotype antara populasi- populasi *R. jacobsoni* di Pulau Sumatra dan Pulau Siberut menggunakan *Haplotype Network* berdasarkan gen sitokrom b.

### **1.3 Tujuan**

Tujuan dari penelitian ini adalah untuk mengetahui persebaran haplotipe antara populasi-populasi *R. jacobsoni* di Pulau Sumatra dan Pulau Siberut berdasarkan gen sitokrom b .

### **1.4 Manfaat Penelitian**

Penelitian ini diharapkan dapat memberikan data ilmiah dan informasi dasar *R. jacobsoni* di bidang molekuler khususnya kajian terkait isolasi geografis.

