

I. PENDAHULUAN

1.1. Latar Belakang

Nemacheilus merupakan salah satu genus ikan air tawar, yang seluruh spesiesnya endemik di Asia. Genus *Nemacheilus* terdiri dari 33 spesies, diperkirakan 18 spesies diantaranya ditemukan di Indonesia yaitu 8 spesies di pulau Sumatera, 2 spesies di pulau Jawa dan 8 spesies di Borneo (Kottelat, 2012). Namun, jumlah spesies dari genus *Nemacheilus* yang tersebar di Indonesia masih belum bisa dipastikan karena, kurangnya pengkoleksian serta pemeriksaan taksonomi yang luas dan menyeluruh dari kelompok ikan ini (Hadiaty, 2014).

Salah satu spesies dari genus *Nemacheilus* yaitu *Nemacheilus pfeifferae* yang ditemukan di pulau Sumatera dan Jawa. *N. pfeifferae* ditemukan di sungai-sungai yang berair jernih dan jarang ditemukan di daerah yang tercemar (Kottelat, 2012). Oleh karena itu, Ikan *N. pfeifferae* berpotensi sebagai indikator pencemaran perairan. Status ikan *N. pfeifferae* di dalam IUCN hanya ditulis sebagai spesies yang least concern (kurang diperhatikan) (IUCN, 2014). Akibatnya kemungkinan ikan ini punah akan lebih besar, karena semakin banyak sungai-sungai yang tercemar sementara studi biologi dari ikan ini masih belum banyak dilakukan.

Putra *et al* (2013), melaporkan bahwa ikan *N. pfeifferae* di beberapa lokasi di Sumatera Barat memiliki beberapa perbedaan karakter morfologi. Penelitian pada tingkat molekulernya belum dilakukan. Dalam kaitan dengan geografi pulau Sumatera menurut Roesma (2011), teknologi molekuler menunjukkan bahwa analisis morfologi tidak cukup untuk menjelaskan proses spesiasi yang terjadi di Sumatera Barat. Perbedaan geografis pulau Sumatera dan pulau-pulau lainnya di Asia diduga dapat menjadi salah satu faktor pemicu terjadinya variasi genetik dan morfologi *intra*

spesies dan *interspesies*.

Suatu spesies jika memiliki variasi genetik tinggi, maka dapat mengarahkan pada terbentuknya spesies baru (spesiasi), sedangkan variasi genetik yang rendah, dapat menjadi ancaman bagi keberadaan spesies ikan tersebut. Suatu spesies dikatakan memiliki hubungan kekerabatan yang dekat dengan spesies lainnya jika memiliki tingkat variasi genetik yang rendah dan sebaliknya (Mayr, 1970; Yudhistira, 2013). Studi untuk mengetahui variasi genetik salah satunya dapat dilakukan melalui studi filogenetik (Maggio *et al.*, 2005).

Filogenetik merupakan studi yang mempelajari hubungan antar spesies berdasarkan hubungan kekerabatannya, penelusuran hubungan evolusi dan sejarah kehidupan suatu spesies (Brown, 2002). Studi filogenetik salah satunya dilakukan melalui analisis data molekuler dengan membuat konstruksi pohon filogenetik yang menggambarkan hubungan kedekatan antar spesies yang dibandingkan (Yudhistira, 2013; Ubadillah dan Sutrisno, 2005). Analisis melalui data molekuler dapat dilakukan dengan pengamatan pada karakter gen yang berada di DNA mitokondria (mtDNA) (Maggio *et al.*, 2005).

Informasi genetik yang terkandung dalam DNA mitokondria (mtDNA) dapat digunakan untuk mengetahui jarak genetik, serta aliran gen pada suatu populasi (Mihara, 2005). DNA mitokondria (mtDNA) telah banyak digunakan dalam studi filogenetik pada *intraspesies* dan *interspesies*, karena DNA mitokondria hanya diwariskan dari ibu tanpa proses rekombinasi, memiliki tingkat mutasi yang tinggi pada basa nukleotida dan jumlah copy DNA mitokondria yang banyak (Bazin, Glemin and Galtier, 2006; Galtier *et al.*, 2009).

Salah satu gen pada DNA mitokondria yang digunakan dalam analisis molekuler yaitu gen sitokrom b. Pada gen sitokrom b terdapat daerah yang bersifat *conserved* (kekal) yang tidak berubah dan daerah dengan tingkat mutasi yang tinggi

(Irwin, Kocher and Wilson, 1991). Analisis menggunakan gen sitokrom b telah banyak digunakan pada berbagai studi taksonomi, populasi genetik dan filogenetik (Kumazawa and Nishida, 2000; Liu and Chen, 2003; Peng, He and Zhang, 2004; Perdices, Cunha and Coelho, 2004).

Populasi *N. pfeifferae* di Sumatera terdapat di sungai-sungai yang mengalir ke arah barat dan timur dari pegunungan Bukit Barisan. Perlu dilakukan analisis molekuler untuk mengetahui apakah terjadi diferensiasi genetik pada beberapa populasi *N. pfeifferae* di Sumatera dan bagaimana hubungan filogenetik *N. pfeifferae* di Sumatera dan kerabat dekatnya berdasarkan gen sitokrom b.

1.2. Rumusan Masalah

Merujuk pada penelitian Putra *et al* (2013), adanya perbedaan geografi antar wilayah dapat memicu munculnya variasi morfologi. Roesma (2011), menyatakan teknologi molekuler menunjukkan analisis morfologi tidak cukup untuk menjelaskan proses spesiasi yang terjadi di Sumatera Barat. Dengan demikian penelitian lebih lanjut lanjut pada tingkat molekuler pada ikan *N. pfeifferae* perlu dilakukan. Hal ini perlu untuk mengetahui

1. Apakah terjadi diferensiasi genetik pada beberapa populasi ikan *N. pfeifferae* di Sumatera?
2. Bagaimana hubungan filogenetik Ikan *N. pfeifferae* (Bleeker, 1853) di Sumatera dan kerabat dekatnya berdasarkan gen sitokrom b ?

1.3. Tujuan Penelitian

1. Untuk mengetahui terjadinya diferensiasi genetik pada populasi ikan *N. pfeifferae* di Sumatera
2. Untuk mengetahui hubungan filogenetik ikan *N. pfeifferae* di Sumatera dan kerabat

dekatnya berdasarkan gen sitokrom b .

1.4 Manfaat Penelitian

Hasil penelitian ini diharapkan dapat menambah referensi dalam kajian evolusi, biosistematik dan taksonomi dari ikan *N. pfeifferae*.

