

## BAB I. PENDAHULUAN

### 1.1 Latar Belakang

Famili Cyprinidae dikenal pada kelompok ikan dan merupakan salah satu famili dengan jumlah terbesar di perairan tawar. Salah satu genus dalam famili ini adalah *Barbonymus* (Kottelat *et al.*, 1993). Genus *Barbonymus* banyak ditemukan di perairan tawar Indonesia, Malaysia, Thailand, Kamboja, Vietnam, Myanmar, Laos dan Filipina (Kottelat *et al.*, 2001; Cheng *et al.*, 2004; Garcia, 2010). *Barbonymus* terdiri dari sepuluh spesies, diantaranya adalah *Barbonymus belinka* dan *Barbonymus schwanefeldii* (Kottelat *et al.*, 2013; Froese dan Pauly, 2018).

Weber dan deBeaufort (1916) menyatakan bahwa *B. belinka* terdistribusi di Malaka (Semenanjung Malaysia). Van Oijen dan Loots (2012) menambahkan bahwa *B. belinka* memiliki persebaran yang sempit terbatas pada pantai barat Sumatra, yaitu Danau Singkarak dan sungai di sekitarnya. Hal tersebut juga didukung oleh Kottelat *et al.* (2013) yang menyatakan bahwa *B. belinka* memiliki *type locality* di Danau Singkarak. Namun menurut catatan di IUCN, hingga saat ini belum ada laporan mengenai *B. belinka* pada wilayah Malaka (Semenanjung Malaya). Oleh karena itu, berkemungkinan spesies tersebut endemik Sumatra (IUCN, 2019). Hal itu didukung oleh Dahrudin *et al.* (2021) yang menyatakan bahwa *B. belinka* merupakan ikan endemik pantai barat Sumatra. Berdasarkan Weber dan deBeaufort (1916), Christensen (1989), *B. schwanefeldii* memiliki distribusi yang lebih luas yaitu Sumatra, Borneo, Malaya, dan Indochina.

Masyarakat sekitar Danau Singkarak menyebut satu jenis ikan dengan dua nama berbeda berdasarkan ukuran. Ikan yang berukuran kecil disebut Kapiék dan ikan berukuran besar disebut Balingka. Berdasarkan Weber dan deBeaufort (1916), Kapiék dan Balingka merupakan spesies yang berbeda. Kapiék (Kepiat) adalah *vernane* dari *B. schwanefeldii* dan Balingka merupakan *B. belinka*.

Secara morfologi, *B. belinka* sulit dibedakan dengan *B. schwanefeldii*. Keduanya memiliki kemiripan namun terdapat perbedaan karakter meristik. Berdasarkan Weber dan deBeaufort (1916), *B. belinka* memiliki 16 sisik di depan sirip punggung sedangkan *B. schwanefeldii* memiliki 13 sisik sebelum sirip punggung. Selain itu, *B. belinka* memiliki 9 sisik antara gurat sisi dengan awal sirip punggung, sedangkan di tempat yang sama, sisik *B. schwanefeldii* berjumlah 8. *B. belinka* memiliki linea lateralis berjumlah 36 sedangkan *B. schwanefeldii* berjumlah 35-36. Berdasarkan literatur tersebut, maka perlu dilakukan identifikasi menggunakan penanda molekuler untuk memastikan spesies ikan *Barbonymus* yang ada di Danau Singkarak.

Penanda molekuler dibutuhkan untuk mendukung hasil dalam identifikasi spesies. Salah satu metode untuk mengidentifikasi spesies adalah menggunakan DNA *barcoding* (Taylor dan Harrist, 2012). DNA *barcoding* adalah suatu metode yang menggunakan urutan gen pendek suatu organisme untuk identifikasi spesies (Kress *et al.*, 2015). Metode ini sudah dibuktikan secara universal dalam identifikasi spesies termasuk pada ikan air tawar (Muchlisin *et al.*, 2013; Farhana *et al.*, 2018). DNA *barcoding* dikenalkan pertama kali oleh Hebert *et al.* (2003) yang menggunakan gen COI (*Cytochrome Oxidase Sub Unit I*) sebagai penanda molekuler.

COI merupakan gen pengkode protein yang berperan dalam proses transfer elektron pada saat sintesis ATP di mitokondria (Hebert *et al.*, 2003). COI adalah gen DNA mitokondria yang mengkode protein, yang membantu respirasi sel. Daerah 650 pasangan basa COI mitokondria dianggap sebagai kode batang universal untuk hewan karena tingkat mutasinya yang relatif cepat dalam skala waktu yang relatif singkat, memiliki jumlah ekson yang tinggi, ketersediaan yang tinggi di seluruh sel, dan pewarisan maternal (Steinke *et al.* 2009).

Kajian molekuler menggunakan DNA *barcode* beberapa ikan dari genus *Barbonymus* sudah dilaporkan oleh peneliti sebelumnya. Panprommin *et al.* (2020) melaporkan keberadaan *B. gonionotus* di Sungai Ing, Thailand. Batubara *et al.* (2021) melakukan autentikasi *B. schwanefeldii* dari perairan Aceh. Informasi molekuler dari *B. belinka* di perairan pantai barat Sumatra belum dilaporkan. Berdasarkan kajian sebelumnya, maka dilakukan penelitian ini untuk mengetahui karakteristik DNA *barcode* *B. belinka* yang akan dilaporkan dan terdaftar dalam BOLD *system*. BOLD *system* (*Barcode of Life Data System*) adalah platform informatika yang membantu perolehan, penyimpanan, analisis, dan publikasi rekaman barkode DNA (Ratnasingham dan Hebert, 2007). Data-data molekuler dalam BOLD *system* dapat digunakan sebagai dasar dalam identifikasi, monitoring dan konservasi. DNA *barcode* dengan nama *B. belinka* yang sudah dilaporkan pada BOLD *system* merujuk kepada spesies *B. gonionotus* sehingga menimbulkan kerancuan. Kurangnya data mengenai *B. belinka* sehingga berstatus DD (*Data Deficient*) pada IUCN *Redlist*, menambah alasan penelitian ini dilakukan.

## 1.2 Rumusan Masalah

1. Bagaimana status taksonomi ikan Balingka dan Kapieik asal Danau Singkarak berdasarkan gen COI?
2. Bagaimana karakteristik DNA *barcode* dari ikan Balingka dan Kapieik asal Danau Singkarak?

## 1.3 Tujuan Penelitian

1. Melakukan autentikasi ikan Balingka dan Kapieik asal Danau Singkarak berdasarkan Gen COI.
2. Mengetahui karakteristik DNA *barcode* dari ikan Balingka dan Kapieik asal Danau Singkarak.

## 1.4 Manfaat Penelitian

Penelitian ini diharapkan dapat digunakan sebagai informasi molekuler mengenai *B. belinka* dan *B. schwanefeldii*.

