

## I. PENDAHULUAN

### 1.1 Latar Belakang

*Hylarana rufipes* adalah revisi dari katak *Hylarana chalconata*. *H. chalconata* merupakan jenis katak yang kompleks karena memiliki morfologi yang sangat bervariasi. Persebaran katak *H. chalconata* luas di Indonesia, yaitu Jawa, Sumatera, Kalimantan dan Sulawesi. Berdasarkan perbedaan morfologi dan genetik kelompok *H. chalconata* dipecah menjadi beberapa jenis. *H. chalconata* yang hidup di Sumatera menjadi *H. parvaccola* dan *H. rufipes* (Inger, 1966; Iskandar & Colijn, 2000; McKay, 2006).

*Hylarana rufipes* memiliki ukuran tubuh yang lebih besar dibandingkan dengan *H. parvaccola*. *H. rufipes* memiliki bentuk tubuh yang ramping, kepala berbentuk segitiga yang ukurannya lebih lebar dari pada badan (Inger, Stuebing, 2009). *H. rufipes* adalah salah satu jenis katak semi akuatik dan semi arboreal. Pada bagian kaki terdapat selaput renang (*webbing*) yang berwarna merah, selain itu pada bagian ventral kaki juga berwarna merah (Kurniati, 2012).

Inger *et al.*, (2009), menyatakan bahwa *H. rufipes* tersebar di Limau Manis, Sungai Sikayan Ubi dan Sungai Padang Jariah kota Padang, Sumatera Barat. Teynie, David dan Ohler (2010) menemukan persebaran *H. rufipes* di Lubuk sao dan Mukomuko. Selanjutnya Yuliatmi (2015) menyatakan bahwa persebaran *H. parvaccola* lebih luas dibandingkan dengan *H. rufipes*. *H. parvaccola* ditemukan pada tujuh dari sembilan lokasi di Sumatera Barat, sedangkan *H. rufipes* hanya ditemukan pada tiga lokasi saja. *H. rufipes* ditemukan pada sebagian kecil wilayah di Sumatera Barat, kemungkinan populasi katak ini masih sedikit. Populasi *H. rufipes* yang sedikit kemungkinan variasi genetik pada populasi tersebut rendah.

Variasi genetik terjadi karena ada perubahan nukleotida penyusun DNA. Variasi genetik suatu populasi dapat terjadi karena beberapa faktor yaitu, mutasi, rekombinasi, atau migrasi gen dari satu tempat ke tempat lain (Suryanto, 2003). Variasi genetik di dalam dan antar populasi dapat dianalisis menggunakan penanda genetik, salah satu penanda genetik adalah RAPD-PCR (Bagley, Susan, Franson, Christ, Waits, 2002). Metode RAPD melibatkan kerja PCR untuk menghasilkan jutaan kopi segmen DNA tertentu. (William, Kabelik, Livak, Rafalksi, 1990 ; Kumari dan Kumar, 2014).

Variasi genetik pada amfibi dengan teknik RAPD telah dilakukan oleh beberapa ahli. Kimberling, Ferreira, Huster dan Keim (1995), menyatakan bahwa didapatkan 3 struktur populasi pada *Rana pipiens* menggunakan RAPD. Dari ketiganya didapatkan jarak genetik *R. pipiens* adalah  $< 0,5$  yang menandakan bahwa jarak genetik rendah. Degani (2013) menyatakan bahwa variasi genetik pada *Pelobates syriatus* rendah karena memiliki analisis kesamaan genetik yang tinggi yaitu 98,7%- 99,6%. Degani, Golderg, Gasith, Elron dan Nevo (2013) selanjutnya melakukan penelitian pada *Pseudepidalea viridis* dan didapatkan variasi genetik yang tinggi. Alman (2016) menyatakan bahwa variasi genetik *Fejervarya limnocharis* pada famili Ranidae dalam populasi rendah dengan nilai rata-rata heterozigositas (H) 0,1428 dan nilai variasi genetik antar populasi sedang dengan nilai diferensiasi genetik moderat (Gst) dan aliran gen (Nm) yang rendah.

Persebaran *H. rufipes* yang terbatas, kemungkinan menyebabkan variasi genetik pada katak *H. rufipes* rendah. Oleh karena itu, dilakukanlah penelitian untuk menganalisis variasi genetik *H. rufipes* di Sumatera Barat.

## 1.2 Rumusan Masalah

Rumusan masalah penelitian ini adalah bagaimana variasi genetik dalam populasi dan antar populasi *H.rufipes* di Sumatera Barat.

## 1.3 Tujuan Penelitian

Tujuan penelitian ini adalah untuk menganalisis variasi genetik dalam populasi dan antar populasi *H.rufipes* di Sumatera Barat.

## 1.4 Manfaat Penelitian

Manfaat dari penelitian ini adalah data variasi genetik *H. rufipes* dapat dijadikan sebagai sumber informasi ilmiah mengenai keanekaragaman amfibia di Sumatera Barat.

