

## BAB I. PENDAHULUAN

### A. Latar Belakang

*Betta* spp. merupakan anggota Famili Osphronemidae yang hidup di daerah dataran rendah dan sebagian juga ditemukan di dataran tinggi Asia (Kottelat *et al.*, 1993). Secara umum, *Betta* spp. merupakan ikan kecil dengan ukuran panjang total berkisar antara 2.5–12.5 cm. Ruber *et al.* (2004) mengelompokkan *Betta* spp. kedalam tujuh grup yaitu, *pugnax*, *albimarginata*, *coccina*, *foerschi*, *splendens*, *unimaculata* dan *macrostoma*. Saat ini ada 79 spesies dalam genus *Betta*, 50 jenis diantaranya merupakan jenis asli Indonesia (Froese dan Pauly, 2014).

Ikan Palo (*Betta* sp.) yang terdapat di anak sungai Bukit Rangkak, Lembah Harau, Sumatra Barat adalah salah satu spesies *Betta* yang termasuk kedalam grup *pugnax* dengan satu jenis haplotipe (Putri *et al.*, 2021). Hal ini menjadi perhatian utama untuk keberlangsungan hidup ikan Palo (*Betta* sp.) di anak sungai Bukit Rangkak. Seperti pernyataan Frankham, Ballou dan Briscoe (2002) yang menyatakan bahwa variasi genetik menentukan kemampuan hidup organisme untuk beradaptasi terhadap perubahan lingkungan. Tidak ada variasi genetik pada populasi ikan Palo (*Betta* sp.), dikhawatirkan rentan terhadap perubahan lingkungan yang akan membawa ikan Palo (*Betta* sp.), kepada kepunahan. Ancaman kepunahan ikan Palo (*Betta* sp.) semakin bertambah dengan aktivitas penangkapan berlebihan dari masyarakat setempat yang menjadikan ikan Palo (*Betta* sp.) sebagai cendramata Lembah Harau karena keunikan pada warna dan bentuk sirip. Hal ini didukung oleh

Degani (2013) yang menyatakan bahwa terjadi penurunan populasi ikan hias di habitat aslinya dikarenakan penangkapan berlebihan untuk memenuhi kebutuhan pasar ikan hias.

IUCN (2019) telah melaporkan bahwa spesies ikan genus *Betta* di dalam Red List IUCN terdaftar dengan status *Data deficient* sebesar 26.8% sebagai persentase tertinggi dan status *Endangered* sebesar 23.9% pada peringkat kedua dari 6 kategori status konservasi. Artinya data atau informasi dari spesies dalam genus *Betta* masih sangat kurang, sementara tingkat ancaman untuk kelompok ini sangat tinggi. IUCN (2019) juga melaporkan bahwa pembukaan rawa gambut untuk pembangunan dan perkebunan serta pengembangan akuakultur turut menjadi ancaman terbesar bagi spesies dalam genus ini.

Upaya konservasi ikan Palo (*Betta* sp.) sangat penting dilakukan, guna melestarikan sumber daya plasma nutfah lokal. De Silva *et al.* (2004) menyatakan bahwa kajian genetik dibutuhkan sebagai informasi yang mendukung upaya konservasi, domestikasi dan budidaya makhluk hidup. Informasi variasi genetik ikan Palo (*Betta* sp.) menjadi salah satu informasi penting dalam kajian genetik, sebagai landasan kebijakan yang akan diambil dalam upaya konservasi ikan Palo (*Betta* sp.). Variasi genetik dapat diamati secara fenotip dan genotip (Nevo, 2001)

Pengamatan secara fenotip pada ikan Palo (*Betta* sp.) dapat memberi gambaran mengenai pengaruh lingkungan terhadap genotip. Turan (1998) menjelaskan bahwa variasi fenotip setiap individu dikontrol oleh karakter genetik yang berinteraksi dengan faktor lingkungan. Menurut Arora dan Julka (2013) variasi

fenotip dapat diamati dari karakter morfologi yang meliputi karakter morfometrik dan meristik. Metode ini telah diaplikasikan oleh beberapa peneliti untuk melihat variasi morfologi pada kelompok *Betta*. Diantaranya, penelitian yang telah dilakukan oleh Tan dan Ng (2005) yang mengatakan bahwa terdapat revisi pengelompokan ikan *Betta* di Singapura, Brunai dan Malaysia. Kowasupat *et al.* (2012) yang melaporkan *B. siamorientalis* sebagai spesies baru genus *Betta* dari grup *splendes*. Tan (2013) melaporkan spesies baru dari grup *rubra* yaitu *B. dennisyongi* dengan perbedaan karakter morfologi pada garis lateral kepala, pola spot operkulum dan pola *chin bar*. Penelitian serupa juga dilakukan oleh Schindler dan Linke (2013) yang menjadikan variasi morfologi warna dan jumlah sirip dorsal sebagai dasar pelaporan spesies baru dari grup *coccina* yaitu *B. hendra*

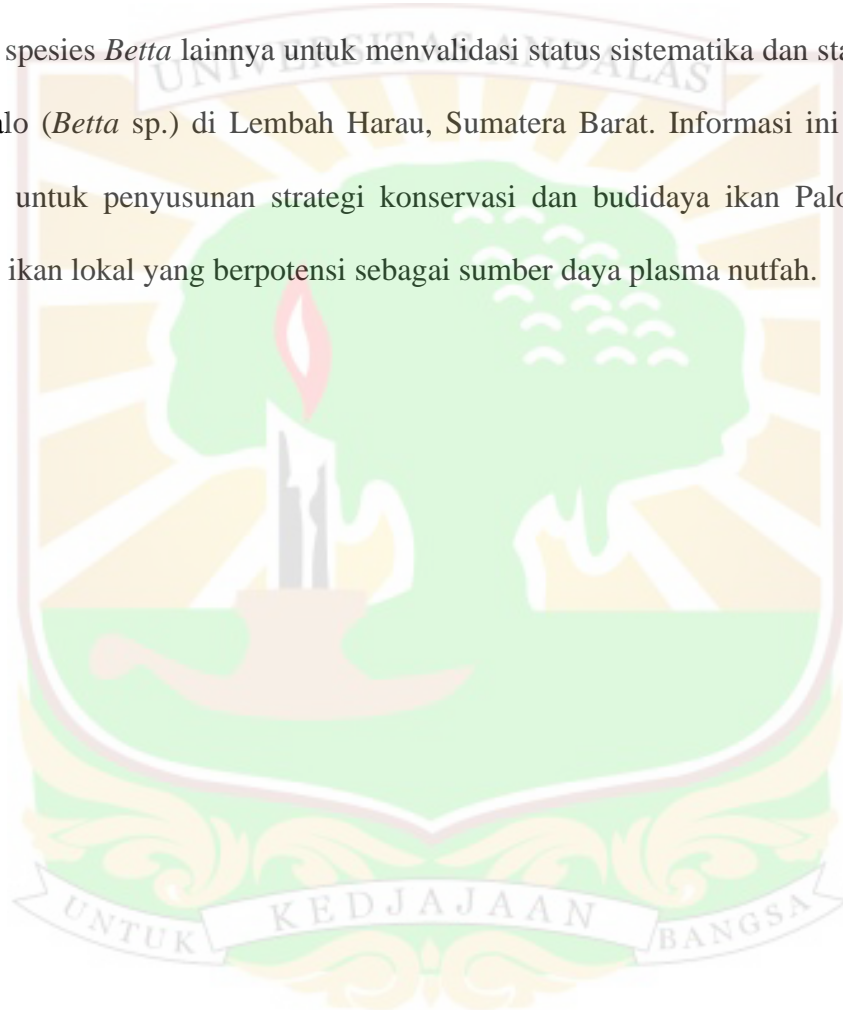
Analisis variasi genetik ikan Palo (*Betta* sp.) berdasarkan karakter genotip dapat dilakukan menggunakan penanda genetik. Salah satu penanda genetik yang sering digunakan dalam analisis variasi genetik ialah RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*). RAPD merupakan metode yang digunakan, dengan menganalisis pita-pita DNA yang terbentuk dari hasil amplifikasi (Allendorf dan Luikart, 2007). Berdasarkan Shikano dan Taniguchi (2002) metode ini dinilai efektif untuk analisis variasi genetik, karena menggunakan primer oligonukleotida tunggal dan pendek yang menempel secara acak pada saat amplifikasi PCR yang dapat menggambarkan tingkat polimorfisme genetik. Melalui metode RAPD akan diketahui variasi inter dan intra populasi serta struktur populasi ikan Palo (*Betta* sp.).

Putri *et al.* (2021) telah melaporkan posisi ikan Palo (*Betta* sp.) dalam kelompok *Betta* yaitu berada dalam kelompok *pugnax* berdasarkan penanda molekuler sitokrom b. Penelitian tersebut menyarankan untuk melanjutkan penelitian terkait ikan Palo (*Betta* sp.) menggunakan penanda molekuler lainnya sebagai data pendukung dan pembuatan DNA Barcode. DNA barcode bisa digunakan untuk identifikasi makhluk hidup, yang disusun berdasarkan urutan spesifik DNA. Menurut Lebonah *et al.* (2014) DNA barcode merupakan suatu metode yang dirancang untuk mengidentifikasi spesies secara cepat dan akurat dengan menggunakan urutan pendek DNA. Salah satu penanda molekuler yang biasa digunakan dalam analisis filogenetik dan pembuatan DNA barcode adalah gen COI. Menurut Hajibabei *et al.* (2007) gen COI memiliki urutan spesifik pada setiap spesies. Hebert *et al.* (2003) menjelaskan bahwa, gen COI jarang mengalami insersi dan delesi pada basa nukleotidanya, sehingga bersifat stabil. Gen COI juga merupakan salah satu gen penyandi protein pada DNA Mitokondria yang diturunkan secara maternal. Dinyatakan oleh Satoh *et al.* (2016) bahwa, gen COI merupakan salah satu dari gen penyandi protein pada DNA mitokondria.

Beberapa penelitian terkait filogenetik dan identifikasi spesies genus *Betta* berdasarkan penanda molekuler gen COI telah dilakukan oleh beberapa peneliti, diantaranya; Sriwattanarothai *et al.* (2010) melihat perbedaan karakter molekuler di dalam grup *splendes* dan dari penelitian ini dilaporkan adanya spesies baru yaitu *Betta* sp. Kowasupat *et al.* (2014) menganalisis keragaman *B. smaragdina* di

Thailand dan penelitian oleh Panijpan *et al.* (2007) yang mengelompokkan spesies genus *Betta* di Asia Tenggara.

Berdasarkan uraian diatas maka perlu dilakukan kajian diversitas genetik dan filogenetik ikan Palo (*Betta* sp.) di anak sungai Bukit Rangkak, Lembah Harau dengan spesies *Betta* lainnya untuk memvalidasi status sistematika dan status populasi ikan Palo (*Betta* sp.) di Lembah Harau, Sumatera Barat. Informasi ini akan sangat penting untuk penyusunan strategi konservasi dan budidaya ikan Palo (*Betta* sp.) sebagai ikan lokal yang berpotensi sebagai sumber daya plasma nutfah.





## **B. Rumusan Masalah**

Permasalahan yang hendak dijawab pada penelitian ini adalah:

1. Bagaimana variasi fenotip ikan Palo (*Betta* sp.) dan spesies *Betta* lainnya?
2. Bagaimana variasi genotip ikan Palo (*Betta* sp.) berdasarkan teknik RAPD?
3. Bagaimana hubungan kekerabatan ikan Palo (*Betta* sp.) dengan spesies *Betta* lainnya berdasarkan gen COI?
4. Bagaimana urutan DNA *Barcode* ikan Palo (*Betta* sp.)?

## **C. Tujuan Penelitian**

Tujuan dari penelitian ini adalah:

1. Menganalisis variasi fenotip ikan Palo (*Betta* sp.) dan spesies *Betta* lainnya.
2. Menganalisis variasi genotip ikan Palo (*Betta* sp.) menggunakan teknik RAPD.
3. Menganalisis hubungan kekerabatan ikan Palo (*Betta* sp.) dengan spesies *Betta* lainnya menggunakan gen COI.
4. Menentukan DNA *Barcode* ikan Palo (*Betta* sp.)

## **D. Manfaat Penelitian**

Hasil penelitian ini dapat menambah data ilmiah dalam biodiversitas dan menjadi data dasar untuk pengelolaan sumberdaya hayati ikan Palo (*Betta* sp.), terutama dalam upaya konservasi dan potensi budidaya.