

I PENDAHULUAN

1.1. Latar Belakang

Ikan tawes (*Barbonymus* spp.) merupakan ikan endemik lokal asli perairan tawar Indonesia yang terdapat di beberapa daerah seperti Sumatera, Jawa, dan Kalimantan (Radona dkk., 2016). Ikan tawes (*Barbonymus* spp.) merupakan salah satu ikan endemik lokal di Jawa Timur (Suryaningsih *et al.*, 2020). Distribusi ikan tawes diperkirakan dapat ditemukan di perairan sungai Provinsi Jawa Timur. Beberapa peneliti telah melakukan identifikasi morfologi ikan tawes di daerah aliran sungai Bengawan Solo (Ayyubi dkk., 2018) dan Brantas (Suryaningsih *et al.*, 2020), sehingga hal tersebut dapat mengindikasikan ikan tawes dapat ditemukan di daerah aliran sungai lain. Ikan tawes (*Barbonymus* spp.) bernilai ekonomis tinggi sebagai ikan konsumsi dan berpotensi sebagai sumber protein. Pada penelitian Hadisusanto dan Suryaningsih (2011) kadar protein ikan tawes mencapai 60,25%.

Ikan tawes (*Barbonymus* spp.) termasuk dalam familia Cyprinidae. Nelson (2006) menyatakan bahwa familia Cyprinidae adalah familia ikan air tawar terbesar, mencakup sekitar 367 genus dan 3006 spesies. Banyaknya spesies dari familia Cyprinidae menunjukkan kemampuan familia tersebut mampu beradaptasi dan berkembang biak secara cepat (Batubara *et al.*, 2018). Kekayaan spesies dari familia Cyprinidae yang tinggi juga menunjukkan adanya kemiripan secara morfologi (Putri dkk., 2014). *Barbonymus* terdiri dari sepuluh spesies yaitu: *B. belinka*, *B. altus*, *B. balleroides*, *B. collingwoodii*, *B. gonionotus*, *B. mahak-*

kamensis, *B. platysoma*, *B. trigatus*, *B. sunieri*, dan *B. schwanenfeldii* (Batubara *et al.*, 2021).

Produksi ikan tawes hingga saat ini sebagian besar masih berasal dari tangkapan alam (Radona dkk., 2016). Kegiatan penangkapan secara berlebihan di khawatirkan akan mempengaruhi populasi ikan tawes (Rumondang, 2016). Tidak hanya kegiatan penangkapan yang berlebihan saja tetapi penurunan populasi ikan juga dapat disebabkan akibat degradasi lingkungan perairan. Ahmad *et al.* (2019) mengatakan bahwa degradasi lingkungan perairan sebagian besar terjadi akibat adanya pencemaran domestik dan limbah industri. Kegiatan konservasi perlu dilakukan untuk mencegah kepunahan dan dapat diterapkan dalam kajian keragaman suatu populasi, sehingga mampu menjelaskan status populasi ikan saat ini (Akbar dan Labenua, 2018).

Studi populasi perlu dilakukan dengan proses identifikasi. Umumnya langkah awal dalam menentukan keragaman suatu populasi dilakukan melalui penanda morfologi (Ayyubi dkk., 2018). Penanda morfologi dalam mengidentifikasi ikan meliputi morfometrik (Baur & Leuenberger, 2011). Saat ini, identifikasi pada tingkat spesies berdasarkan ciri morfologi saja tidak cukup. Hal ini disebabkan kemungkinan terjadi kesalahan identifikasi jika hanya berdasarkan morfologi dan morfometrik (Ayyubi dkk., 2018). Pendekatan lain untuk identifikasi pada tingkat spesies dapat dilakukan secara molekuler.

Pendekatan molekuler saat ini telah banyak diterapkan untuk mengidentifikasi semua taksa. Pendekatan molekuler merupakan salah satu bagian terpenting dalam mengetahui kekerabatan dan varian genetik suatu populasi ikan

di suatu daerah (Hutama *et al.*, 2017). *DNA barcoding* merupakan suatu penanda molekuler yang dapat dijadikan sebagai identifikasi keragaman suatu populasi ikan. Analisis *DNA barcoding* ikan sering dilakukan dengan menggunakan sekuen *DNA* mitokondria. Penggunaan sekuen *DNA* mitokondria memperjelas hubungan spesies secara evolusi yang kabur akibat variasi morfologi (Kartika dkk., 2017).

Penelitian *DNA Barcoding* pada ikan sering menggunakan *DNA* mitokondria berdasarkan region *Cytochrome Oxydase Sub Unit I (COI)*. Penggunaan gen *COI* telah diakui secara global dalam identifikasi spesies (Dawnay *et al.*, 2007). Selain *COI*, *Cytochrome b (Cyt-b)* juga telah banyak digunakan dalam teknik penanda molekuler dalam keragaman genetik intra atau antar spesies, variasi genetik filogeografi, indentifikasi spesies dan hibrida, filogeni pada berbagai spesies dan marga, struktur genetik populasi, konservasi dan sejarah demografi (Rahim *et al.*, 2012).

Penelitian mengenai keragaman genetik ikan tawes di daerah aliran sungai Provinsi Jawa Timur masih tergolong kurang. Penelitian keragaman genetik perlu dilakukan untuk mengetahui status populasi ikan tawes di daerah aliran sungai Jawa Timur. Berdasarkan latar belakang di atas, penentuan keragaman genetik ikan tawes (*Barbonymus* spp.) dapat dilakukan dengan penanda morfologi dan molekuler. Penanda morfologi dilakukan dengan pengukuran morfometrik, sedangkan penanda molekuler menggunakan gen *COI* dan *Cyt-b*. Penelitian ini diharapkan untuk mengetahui urutan sekuen *DNA*, keragaman genetik, hubungan kekerabatan dan pengukuran morfometrik ikan tawes (*Barbonymus* spp.) di daerah aliran sungai Provinsi Jawa Timur.

1.2. Rumusan Masalah

Berdasarkan uraian latar belakang, dapat dirumuskan permasalahan sebagai berikut.

- 1) Bagaimanakah perhitungan morfometrik ikan tawes (*Barbonymus spp.*) di daerah aliran sungai Provinsi Jawa Timur?
- 2) Bagaimanakah urutan sekuen *DNA* ikan tawes (*Barbonymus spp.*) di daerah aliran sungai Provinsi Jawa Timur?
- 3) Bagaimanakah keragaman genetik dan hubungan kekerabatan ikan tawes (*Barbonymus spp.*) di daerah aliran sungai Provinsi Jawa Timur?

1.3. Tujuan Penelitian

Berdasarkan rumusan masalah tersebut maka tujuan penelitian ini adalah sebagai berikut.

- 1) Mengetahui pengukuran morfometrik ikan tawes (*Barbonymus spp.*) di daerah aliran sungai Provinsi Jawa Timur.
- 2) Mengetahui urutan sekuen *DNA* ikan tawes (*Barbonymus spp.*) di daerah aliran sungai Provinsi Jawa Timur.
- 3) Mengetahui keragaman genetik dan hubungan kekerabatan ikan tawes (*Barbonymus spp.*) di daerah aliran sungai Provinsi Jawa Timur.

1.4. Manfaat Penelitian

Manfaat dari penelitian ini adalah memberikan informasi ilmiah mengenai keragaman genetik ikan tawes (*Barbonymus spp.*) di daerah aliran sungai Provinsi Jawa Timur yang dapat dijadikan sebagai acuan kegiatan konservasi.