

## BAB I PENDAHULUAN

### 1.1 Latar Belakang

Ikan sapu-sapu dari famili Loricariidae merupakan salah satu kelompok ikan yang menyebabkan kerusakan ekosistem dan ekonomi di luar habitat aslinya selama beberapa dekade terakhir (Wanjari et al., 2024). Kelompok ini terdiri dari sekitar 1041 spesies dan lebih dari 115 genus (Fricke et al. 2022). Ikan sapu-sapu yang menginvasi perairan darat Indonesia dari genus *Pterygoplichthys* berasal dari Amerika Selatan tepatnya di sepanjang perairan Sungai Amazon (Guimarães et al., 2023). Beberapa penelitian melaporkan bahwa ikan sapu-sapu dari genus *Pterygoplichthys* telah keluar dari habitat aslinya dan menginvasi tidak hanya di beberapa wilayah tropis, tetapi juga di wilayah subtropis (Orfinger & Gooding, 2018; Patoka et al., 2020; Wu et al., 2011). Ikan sapu-sapu selain dikenal sebagai spesies eksotik dan invasif, juga dikenal sebagai ikan hias atau *ornamental fish*. Ikan sapu-sapu yang terlepas ke lingkungan berkontribusi besar terhadap persebaran spesies ini secara global (Wanjari et al., 2024).

Ikan sapu-sapu dari genus *Pterygoplichthys* berpotensi besar dalam menyebabkan kerusakan ekosistem melalui perubahan rantai makanan dengan memiliki preferensi makanan yang sama dengan ikan endemik, mengganggu keseimbangan ekologi dengan perilaku menggali lubang saat musim kawin yang dapat merubah struktur perairan dan kompetisi dengan spesies endemik untuk mendapatkan sumber daya (Hussan et al., 2025; Wanjari et al., 2024; Wu et al., 2011). Selain itu ikan ini juga memiliki kecenderungan untuk memangsa telur dari spesies ikan lain (Hussan et al., 2025). Keberadaan ikan sapu-sapu di Indonesia, seperti di Danau Tempe juga menyebabkan banyak kerusakan lingkungan seperti gangguan rantai makanan hingga ekonomi seperti kerusakan alat tangkap ikan (Amir et al., 2020). Patoka et al. (2020) melaporkan bahwa di Indonesia telah teridentifikasi tiga jenis ikan sapu-sapu dari famili Loricariidae yaitu *Pterygoplichthys pardalis* (Castelnau, 1855) dan *Pterygoplichthys disjunctivus* (Weber, 1991) serta spesimen *hybrid* yang secara luas telah menginvasi perairan-perairan darat.

Penelitian mengenai identifikasi ikan sapu-sapu dengan karakteristik genetik belum banyak dilakukan di Indonesia, beberapa penelitian mengenai ikan sapu-sapu di Indonesia kebanyakan hanya berdasarkan karakteristik morfologi seperti yang dilakukan oleh Hasrianti (2021) dan Elfidasari et al. (2016). Namun demikian di luar Indonesia telah banyak dilakukan identifikasi karakteristik genetik ikan sapu-sapu seperti yang dilakukan oleh Wu et al. (2011), Jumawan et al. (2011), Vargas et al. (2022), Sahoo et al. (2022), dan Guimarães et al. (2023). Identifikasi molekuler ikan sapu-sapu dapat berguna untuk menentukan identitas taksonomi dan asal-usulnya yang bisa dimanfaatkan sebagai langkah awal dalam mengelola keberadaan spesies invasif ini (Vargas et al., 2022).

Data molekuler dapat dimanfaatkan untuk menentukan identitas taksonomi dan asal-usul suatu spesies, selain itu data variasi morfologis berdasarkan corak

ventral juga dapat membantu dalam identifikasi spesies ataupun hibrida, selanjutnya variasi kondisi fisik dan kimia perairan juga dapat memberikan perbedaan morfologi terhadap ikan sapu-sapu. Penggabungan data genetik, morfologi dan ekologis dapat menghasilkan bukti yang saling mendukung untuk dapat memahami proses masuknya spesies invasif seperti ikan sapu-sapu pada suatu wilayah perairan (Vargas et al., 2022). Sebelumnya telah dilakukan identifikasi ikan sapu-sapu pada berbagai wilayah berdasarkan morfologi (Elfidasari et al., 2016), molekuler (Guimarães et al., 2023), ataupun gabungan dari keduanya (Wu et al., 2011).

Kanal Borong yang terletak di Kecamatan Manggala, Kota Makassar merupakan salah satu badan perairan yang berfungsi sebagai saluran air yang mengalirkan air dari pemukiman masyarakat dari berbagai wilayah seperti Kecamatan Rappocini dan Kecamatan Manggala menuju Sungai Tallo. Ikan sapu-sapu merupakan salah satu spesies ikan asing yang mendominasi perairan ini. Ikan invasif ini di Kanal Borong cenderung tidak dimanfaatkan dan hanya dibuang ke darat oleh masyarakat yang menangkapnya dan ikan ini juga menyebabkan kerusakan alat tangkap jaring nelayan. Dalam rangka menanganinya dibutuhkan suatu langkah identifikasi dan pengumpulan data untuk mewujudkan langkah manajemen yang optimal terhadap spesies invasif (Nasution et al., 2024; Vargas et al., 2022). Studi molekuler merupakan salah satu cara identifikasi dan pengumpulan data untuk memberikan pemahaman yang lebih mendalam sebagai upaya mengurangi dampak yang ditimbulkan oleh suatu spesies invasif (Matheson & McGaughran, 2022)

Beberapa metode yang telah digunakan dalam penelitian molekuler ikan sapu-sapu meliputi DNA *barcoding* (Jumawan et al., 2011; Sahoo et al., 2022), *Microsatellites* (Pereira et al., 2012; Telles et al., 2010), dan RAPD (Sofia et al., 2008). Ketiga metode ini memiliki kekurangan dan kelebihan masing-masing. dalam penelitian ini akan memakai metode DNA *barcoding* dengan menggunakan gen COX1 dalam menentukan filogenetik ikan sapu-sapu di Kanal Borong dan penjual ikan hias yang didukung dengan identifikasi morfologi untuk mendapatkan hasil secara lebih akurat (Orfinger & Goodding, 2018)

## **1.2 Tujuan dan Manfaat Penelitian**

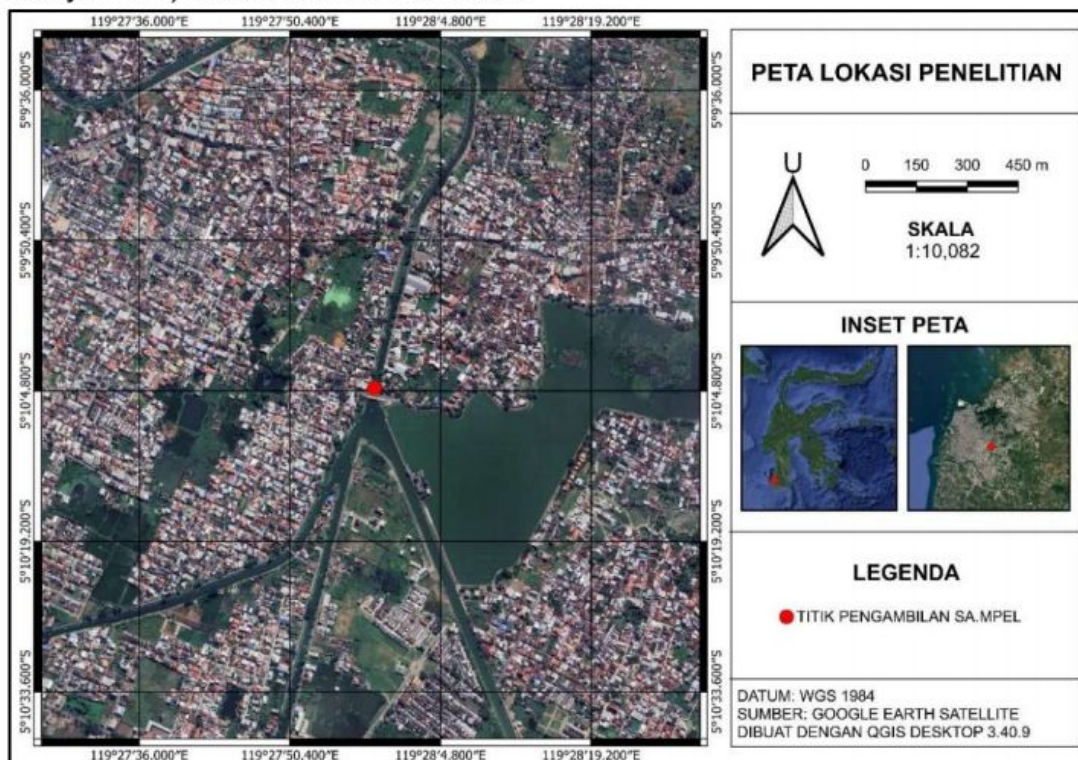
Adapun tujuan dari penelitian ini yaitu untuk mengidentifikasi spesies dan kekerabatan dari ikan sapu-sapu yang terdapat di Kanal Borong dan penjual ikan hias di Kota Makassar menggunakan analisis molekuler dan morfologi.

Adapun manfaat dari penelitian ini yaitu untuk memberikan informasi mengenai spesies ikan sapu-sapu yang terdapat di Kanal Borong dan penjual ikan hias di Kota Makassar

## BAB II METODE

### 2.1 Lokasi dan Pengambilan Sampel

Sampel ikan sapu-sapu diperoleh dari perairan Kanal Borong, Kecamatan Manggala ( $5^{\circ}10'04.8''\text{S}$   $119^{\circ}27'58.4''\text{E}$ ) dan salah satu penjual ikan hias di Kota Makassar. Sampling dilakukan pada bulan April hingga Juli 2025 menggunakan alat tangkap gill net. Analisis karakter morfometrik dan meristik 32 sampel ikan sapu-sapu dilakukan di Laboratorium Bioteknologi LPPM (Lembaga Penelitian dan Pengabdian kepada Masyarakat) Universitas Hasanuddin.



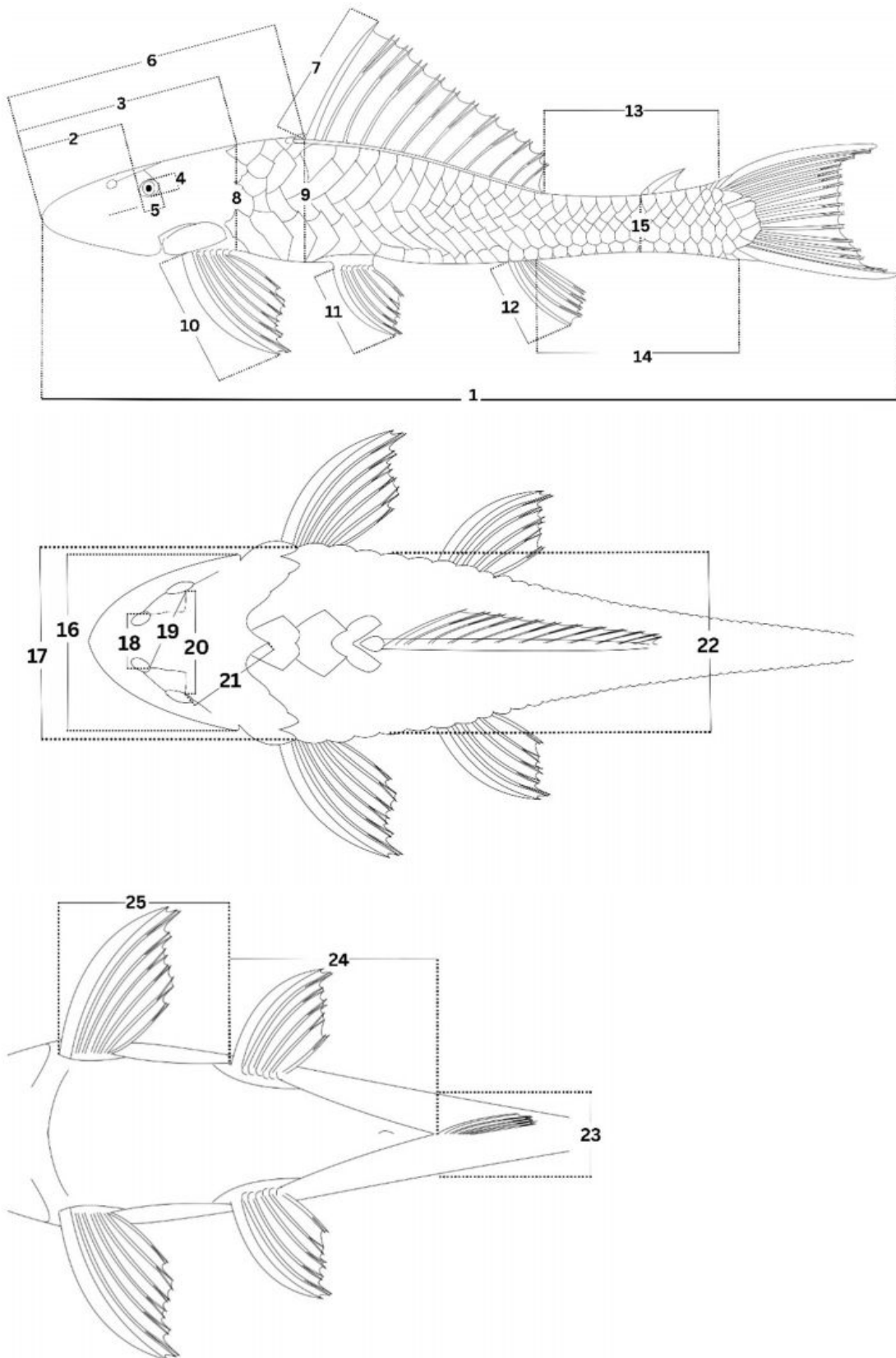
Gambar 1. Peta Lokasi Penelitian

### 2.2 Identifikasi Morfologi Ikan Sapu-sapu

Pengukuran morfometrik dan meristik dilakukan untuk mengkarakterisasi ikan sapu-sapu berdasarkan keragaman morfologinya. Pengambilan foto pada bagian ventral ikan sapu sapu dilakukan, karena terdapat keragaman corak yang khas pada bagian tubuh tersebut, untuk memperoleh informasi penting terkait variasi morfologi ikan ini.

#### 2.2.1 Pengukuran Morfometrik

Analisis morfometrik ikan sapu-sapu dilakukan dengan meletakkan ikan sampel diatas gabus preparat dan kemudian dilakukan pengukuran variabel morfometrik menggunakan kaliper digital dengan tingkat ketelitian 0,01 cm. Hasil pengukuran selanjutnya dimasukkan kedalam perangkat lunak microsoft excel untuk di tabulasi dan dianalisis lebih lanjut. Data hasil analisis disajikan secara deskriptif dalam bentuk tabel.



Gambar 2. Karakter morfometrik ikan sapu-sapu yang menjadi variabel karakterisasi ikan sapu-sapu.

Tabel 1. Keterangan gambar karakter morfometrik ikan sapu-sapu (Loricariidae) dari Thomas et al. (2010) yang dimodifikasi

No.	Pengukuran
1	Panjang total
2	Panjang moncong
3	Panjang kepala
4	Diameter orbit mata minimum
5	Diameter orbit mata maksimal
6	Panjang tubuh dari ujung moncong sampai sebelum sirip punggung
7	Panjang sirip dorsal pertama
8	Kedalaman kepala
9	Kedalaman badan
10	Panjang sirip dada
11	Panjang sirip perut
12	Panjang sirip anal
13	Panjang setelah sirip dorsal hingga awal sirip ekor
14	Panjang setelah sirip anal hingga awal sirip ekor
15	Kedalaman tangkai ekor
16	Lebar kepala
17	Lebar tubuh pada ujung post-cleithral
18	Lebar di antara ujung lubang hidung
19	Lubang hidung ke orbit mata secara diagonal
20	Lebar antara lubang mata
21	Lubang mata pada persimpangan frontal sphenotic ke ujung supraoccipital
22	Lebar tubuh pada asal sirip keras punggung
23	Lebar tubuh pada asal sirip keras anal
24	Panjang perut
25	Panjang punggung

### 2.2.2 Penghitungan Meristik

Analisis meristik ikan sapu-sapu dilakukan dengan menghitung jumlah anggota tubuh ikan sapu-sapu yang terdiri dari sirip punggung (dorsal fin), sirip dada (pectoral fin), sirip perut (pelvic fin), sirip dubur (anal fin), sirip ekor (caudal fin) dan plat linea lateralis. Hasil penghitungan selanjutnya dimasukkan kedalam perangkat lunak microsoft excel untuk analisis dan penyajian data ditampilkan dalam bentuk tabel.

### 2.3 Identifikasi secara Molekuler

Identifikasi ikan sapu-sapu secara molekuler dilakukan dengan menggunakan parsial sekuen gen *cytochrome c oxidase subunit 1* (COX1) (Hebert et al., 2003). Identifikasi diawali dengan mengisolasi DNA genom, kemudian dilanjutkan dengan mengamplifikasi parsial sekuen gen COX1 pada mesin MiniAmp™ Plus Thermal Cycler secara *polymerase chain reaction* (PCR) menggunakan pasangan primer universal Fish2F dan Fish2R (Irmawati et al., 2022).

DNA Genom ikan sapu sapu diisolasi dari bagian otot menggunakan KIT ekstraksi CTAB-DTAB (GeneReach Biotechnology Corp.) mengikuti instruksi penggunaannya. Hasil ekstraksi DNA selanjutnya digunakan sebagai template pada PCR (*polymerase chain reaction*). Volume reaksi PCR sebanyak 50  $\mu$ L yang terdiri dari 25  $\mu$ L MyTaq HS red-mix enzyme (Bioline, UK), 20  $\mu$ L water-free nuclease, 2 $\mu$ L masing-masing primer dan 1  $\mu$ L template DNA sampel. Siklus reaksi PCR terdiri dari *denaturation* pada suhu 95°C selama 3 menit, diikuti oleh 35 siklus *denaturation* pada suhu 95° C selama 20 detik, *annealing* pada suhu 55° C selama 20 detik, dan *elongation* pada suhu 72 ° C selama 20 detik. Setelah 35 siklus selesai, tahap akhir *elongation* pada suhu 72 ° C selama satu menit, setelah itu produk amplifikasi disimpan pada suhu 4°C sampai operator menghentikan siklus. Produk amplifikasi kemudian diverifikasi melalui elektroforesis pada gel *agarose* 1% untuk melihat hasilnya.

#### **2.4 Sequencing dan Analisis Data**

*Sequencing* hasil amplifikasi dilakukan di Apical Scientific Sdn Bhd, Selangor, Malaysia menggunakan mesin ABI 3500/3500xL Genetic Analyzer (*Applied Biosystems by Thermo Fisher*) (Sanger et al., 1977). *Sequence* hasil amplifikasi diedit menggunakan GeneStudio untuk menghilangkan *stop codon*, kemudian disimpan dalam format .fasta. Selanjutnya dilakukan *blasting* secara *online* pada situs NCBI (*National Center for Biotechnology Information*) menggunakan BLASTn untuk menentukan nama spesies. Untuk mengetahui kekerabatan sampel ikan sapu sapu asal kanal Borong dengan ikan sapu sapu di lokasi lain dan kekerabatannya dengan outgroup, dilakukan rekonstruksi filogenetik menggunakan metode *maximum likelihood* (ML) dengan perangkat lunak MEGA12 dan metode *neighbor joining* (NJ) menggunakan iTOL ver. 7 (Letunic & Bork, 2021). Sekuens ikan sapu sapu di lokasi lainnya diperoleh dari NCBI *genbank* dengan nomor akses AB773426.1, HM376401, HM404959, HQ682719.1, JF769258.1, MK355390.1, MK959880.1, OP269653.1, PV012483.1 dan PV789632.1. Untuk mendeteksi spesies kriptik (spesies yang tampak mirip secara morfologi tapi berbeda secara genetik) dan menentukan batas antara spesies berdasarkan variasi genetik, dilakukan analisis jarak genetik menggunakan metode *Kimura 2-parameter* (K2P) pada perangkat lunak *Molecular Evolutionary Genetics Analysis*, MEGA ver. 12 (Kumar et al., 2024). Analisis haplotipe dilakukan dengan menggunakan DNAsp ver. 6 (Rozas et al., 2017). Analisis *haplotype* yang dilakukan berguna dalam memetakan variasi genetik dan mengidentifikasi hubungan genetik antara individu (Guimarães et al., 2023).