

**KEANEKARAGAMAN IKAN AIR TAWAR  
DI SUNGAI CODE BAGIAN HILIR  
MENGUNAKAN *ENVIRONMENTAL* DNA (eDNA)  
METABARCODING**

**Ezra Timothy Nugroho  
19/441274/BI/10266**

**Donan Satria Yudha, S.Si., M.Sc.**

**INTISARI**

Penelitian mengenai keanekaragaman jenis ikan air tawar di Sungai Code telah dilakukan sebelumnya dengan menggunakan metode *sampling* konvensional. Akan tetapi, metode tersebut memiliki beberapa keterbatasan, sehingga diperlukan metode alternatif yang dapat meningkatkan keakuratan hasil dengan lebih efektif. Salah satu alternatifnya adalah penggunaan *Environmental* DNA (eDNA). Teknik pengambilan sampel ini mampu mendeteksi materi genetik dari suatu organisme seperti kulit, urin, dan feses yang terkandung dalam air sungai. Pada penelitian ini, dilakukan identifikasi ikan air tawar menggunakan metode eDNA di bagian hilir Sungai Code. Tujuan dari penelitian ini yaitu: (1) mempelajari keanekaragaman spesies ikan air tawar di bagian hilir Sungai Code menggunakan metode eDNA dari sampel air, (2) mengetahui perbedaan keanekaragaman ikan air tawar di bagian hilir Sungai Code pada tahun 2012 dan 2022, serta (3) mengetahui kepresisian metode eDNA dalam mengungkap keanekaragaman ikan air tawar. Sampel air dari sungai diambil untuk kemudian difiltrasi dan preservasi. Dilanjutkan dengan proses pemrosesan dan ekstraksi sampel DNA. Kemudian dilakukan proses amplifikasi DNA dengan PCR, lalu dilanjutkan proses visualisasi dan *sequencing* fragmen DNA. Setelah itu, hasil dianalisis menggunakan *classifier* Kraken2 dengan menggunakan *database* Kraken2 dan *taxonomy database* NCBI. Hasil analisis didapatkan 35 spesies dari total 17 familia, sedangkan pada tahun 2012 hanya didapatkan 24 spesies dari 12 familia. Penggunaan metode eDNA memiliki tingkat kepresisian yang cukup tinggi dalam identifikasi ikan air tawar di sungai, karena dapat mendeteksi 35 spesies ikan air tawar hanya dalam satu kali *sampling* saja.

**Kata Kunci:** *Environmental* DNA, hilir Sungai Code, ikan air tawar, keanekaragaman, kepresisian

**FRESHWATER FISH DIVERSITY  
IN THE DOWNSTREAM PART OF CODE RIVER  
USING ENVIRONMENTAL DNA (eDNA) METABARCODING**

**Ezra Timothy Nugroho**

**19/441274/BI/10266**

**Donan Satria Yudha, S.Si., M.Sc.**

**ABSTRACT**

Research on freshwater fish diversity in Code River has been previously carried out using conventional methods. This method certainly has some limitations, therefore an alternative method is needed to improve the result accuracy. One alternative is the use of Environmental DNA (eDNA). This method is capable of detecting the genetic material of an organism contained in water. In this research, the identification of freshwater fish using the eDNA method was carried out in the downstream part of the Code River. The aim of the research is: (1) to study the diversity of freshwater fish species in the downstream part of the Code River in 2022 using the eDNA, (2) to determine the differences in the diversity of freshwater fish of the Code River in 2012 and 2022, and (3) to determine the precision of the eDNA method in uncovering freshwater fish diversity. Water samples from the river were taken for filtration and preservation. Then proceed with the processing and extraction of DNA samples. Then the DNA amplification process was carried out, followed by the visualization process and sequencing of DNA fragments. After that, the results were analyzed using the Kraken2 classifier with the Kraken2 database and the NCBI taxonomy database. The result shows that in 2022 there were 35 species from 17 families, whereas in 2012 there were only 24 species from 12 families. The eDNA method is fairly precise to determine freshwater fish species in rivers because it can detect 35 species in just one sample.

**Keywords: Code River, diversity, environmental DNA, freshwater fish, precision**