

ABSTRAK

Debora Hani Setiawati. 24020121120027. **Eksplorasi Keanekaragaman Ikan Karang di Desa Sumberkima, Bali Menggunakan Pendekatan eDNA Berbasis *Oxford Nanopore Technology***. Di bawah bimbingan Rully Rahadian dan Ni Kadek Dita Cahyani.

Ekosistem terumbu karang di Desa Sumberkima, Bali merupakan kawasan yang memiliki potensi kekayaan SDA yang tinggi. Namun, ekosistem tersebut beserta keanekaragaman hayatinya kini semakin terancam. Oleh sebab itu, diperlukanlah monitoring, salah satunya monitoring kehati ikan untuk memberi gambaran tentang keadaan lingkungannya. Namun, metode konvensional yang sering digunakan masih memiliki beberapa kekurangan, sehingga diperlukan metode alternatif yang lebih praktis dan efektif, contohnya eDNA. Penelitian ini bertujuan untuk menganalisis keanekaragaman hayati dan peranan ekologis ikan di ekosistem terumbu karang, Desa Sumberkima, Bali menggunakan metode eDNA berbasis *Oxford Nanopore Technology*. Sampling dilakukan di tiga stasiun berbeda pada kawasan tersebut. Sampel air laut diekstraksi menggunakan ZymoResearch Quick-DNA Fecal/Soil Microbe Miniprep Kit. Amplifikasi menarget daerah 12s rRNA dan menggunakan primer MiFish-U. Metode sekuensing yang digunakan yaitu *Third Generation Sequencing* (TGS) berbasis *Oxford Nanopore Technology*. Analisis data dilakukan menggunakan RStudio yang meliputi keanekaragaman spesies ikan, kelimpahan relatif, *alpha diversity*, distribusi, *trophic level*, dan jenis makanan ikan. Sebanyak 45 spesies ikan air laut dari 21 famili telah teridentifikasi dalam penelitian ini. Ketiga stasiun memiliki indeks keanekaragaman dan dominansi yang tinggi dengan pemerataan berkisar antara sedang-tinggi. Terdapat tiga spesies ikan yang distribusinya berada di luar Indonesia berdasarkan FishBase dan penelitian terdahulu. Sebagian besar spesies ikan yang ditemukan berperan sebagai karnivora (78%) dan sisanya adalah herbivora, omnivora, atau detritivora (21,9%). Namun demikian, terlepas dari keberhasilan metode yang digunakan, masih diperlukan penyempurnaan metode bagi penelitian selanjutnya agar data yang diperoleh lebih valid dan akurat.

Kata Kunci: *Keanekaragaman Hayati, Third Generation Sequencing, MiFish-U*