

BAB I

PENDAHULUAN

A. Latar Belakang

Euphorbiaceae merupakan salah satu famili tumbuhan yang terdistribusi secara luas. Selain memiliki peran yang sangat penting dalam bidang ekologi, Euphorbiaceae pun memiliki peranan dalam bidang ekonomi (kayu dan getahnya), bahan pangan, tanaman hias, dan memiliki manfaat farmakologis. Salah satu anggota dari famili Euphorbiaceae adalah genus *Phyllanthus*. Genus *Phyllanthus* terdistribusi secara luas di beberapa negara yang berada di daerah tropis dan subtropis, Kepulauan Indonesia termasuk didalamnya. *Phyllanthus* adalah genus yang memiliki jumlah anggota yang besar, yaitu kira-kira 800 jenis (Govaerts *et al.*, 2000)..

Beberapa penelitian mengenai beberapa jenis dari genus *Phyllanthus* menyatakan bahwa beberapa jenis tersebut memiliki kemampuan farmakologis. Radjam & Widjaja (1993) menyebutkan bahwa ekstrak *P. niruri* mengandung komponen aktif dengan indikasi khasiat sebagai diuretika, hepatoprotektor, dan anti infeksi. Pramyothin *et al.* (2006) menyatakan bahwa *P. emblica* mengandung zat anti oksidan dan hepatoprotektor yang sangat baik.

Penelitian mengenai aspek farmakologis pada *Phyllanthus* sudah banyak dilakukan. Namun penelitian mengenai keragaman dan hubungan kekerabatan antar jenis dalam genus *Phyllanthus* dan hubungan

kekerabatannya dengan genus lain dalam famili Euphorbiaceae belum banyak dilakukan.

Selama ini analisis kekerabatan antar jenis dari genus *Phyllanthus* masih terbatas pada karakter morfologi saja, sementara analisis hubungan kekerabatan secara molekuler masih sangat kurang. Oleh karena itu, studi hubungan kekerabatan secara molekuler perlu dilakukan sebagai alternatif untuk menjelaskan hubungan kekerabatan pada taksa yang hubungan kekerabatannya belum lengkap. Analisis hubungan kekerabatan secara molekuler pun dapat digunakan sebagai pembanding dan penunjang sistem klasifikasi yang sebelumnya dilakukan berdasarkan karakter morfologi. Selain itu, analisis hubungan kekerabatan pada genus *Phyllanthus* penting dilakukan sebagai dasar pencarian gen-gen yang berpotensi pada tumbuhan lain yang berkerabat dekat dengan genus *Phyllanthus*.

Studi filogenetik merupakan pendekatan sistematika yang didasari oleh sebuah hubungan pada perjalanan evolusi karakter atau ciri dari setiap anggota suatu kelompok yang sedang dipelajari (Topik & Pancoro, 2006). Pada beberapa karya ilmiah studi filogenetik disebut juga sebagai studi kladistik. Ada beberapa cara menyimpulkan hubungan kekerabatan dalam studi filogenetik, diantaranya berdasarkan data karakter morfologi dan data karakter molekuler.

Karakter morfologi sangat mudah dipengaruhi oleh faktor lingkungan, sehingga rentan terhadap subjektivitas peneliti. Hal ini dapat menyebabkan hasil analisis yang berbeda pada beberapa peneliti. Selain lebih objektif, studi

filogenetik berdasarkan karakter molekuler memiliki beberapa kelebihan, terutama dalam menyediakan karakter dalam jumlah besar. Data molekuler juga cenderung banyak digunakan karena lebih efisien, praktis dan ekonomis (Taufik, 2003). Beberapa data molekuler yang dapat digunakan dalam studi filogenetik diantaranya DNA, RNA, ataupun protein.

Pada genom suatu organisme terdapat gen yang ditemukan secara berulang-ulang, yaitu *Nuclear ribosomal dioxyribonuclei acid* (nrDNA). Salah satu unit pengulangan pada nrDNA yaitu daerah *Internal transcribed spacer* (ITS). Menurut Baldwin *et al.* (1995), variasi pada daerah ITS merupakan salah satu daerah yang cocok untuk digunakan pada analisis filogenetik dari berbagai tingkatan taksonomi di dalam suatu famili.

Saat ini penelitian dalam bidang sains, terutama biologi dan biokimia tidak hanya dapat dilakukan secara *in vitro* dan *in vivo*. Pendekatan secara teoritis dalam menangani permasalahan sistem biologis telah dilakukan beberapa tahun silam. Pendekatan tersebut termasuk pembuatan model dan sistem simulasi dengan menggunakan rumus-rumus atau prinsip-prinsip dasar matematika dan fisika. Kerumitan dan kompleksnya sistem biologis coba dipermudah oleh ilmuwan dengan menggunakan pendekatan tersebut. Perkembangan metode teoritis tersebut kian meningkat seiring dengan perkembangan dunia Komputer, baik berhubungan dengan perangkat keras maupun perangkat lunaknya. Sejumlah mesin telah dikembangkan untuk memudahkan pencarian metode teoritis dalam aplikasi sistem biologis dengan arsitektur *chip* pemroses (prosesor) yang semakin efisien dan bekerja dengan

lebih cepat. Dengan adanya mesin-mesin tersebut kini proses komputasi dalam pencarian dan pemodelan sistem biologis jauh lebih efektif dan efisien. Berbagai program juga telah dikembangkan untuk mendukung pembuatan dan analisis berbagai sistem biologis seperti DNA, RNA, Protein. (<http://andrykidd.wordpress.com>). Pendekatan tersebut disebut dengan istilah *in silico*.

Penelitian secara *in silico* telah dilakukan sejak akhir dekade 80-an. Semakin pesatnya kemajuan bidang informatika, penelitian secara *in silico* pun semakin banyak dilakukan. Misal Tambunan *et al.* (2007) mendesain vaksin cVLP HPV dan mengkaji dampak modifikasi post translasi protein cVLP HPV L1 secara *in silico* dari sekuens vaksin tersebut. Pereyra (2009) melakukan analisis motif pada gen promotor secara *In silico*. Singh dan Pardasani (2009) menganalisis *Evolutionary Patterns* pada *Restriction Endonucleases* secara *in silico*. Giaretta *et al.* (2010) melakukan analisis filogeni *Colletotrichum* spp. berdasarkan ITS-rDNA secara *in silico*.

Pada penelitian sebelumnya mengenai hubungan kekerabatan dari Genus *Phyllanthus* yang dilakukan oleh Topik *et al.* (2008) menyatakan bahwa Genus *Phyllanthus* merupakan kelompok *non-monofiletik*, yaitu asal-usul anggotanya berasal dari nenek moyang yang berbeda, setiap anggotanya tidak berdiri sendiri dan terkait dengan spesies dari genus lain. Begitu pula dengan penelitian yang dilakukan oleh Rusmana (2009) mengenai hubungan kekerabatan *P. emblica* dengan anggota *Phyllanthus* lainnya berdasarkan

anatomi stomata, menyatakan bahwa genus *Phyllanthus* termasuk kedalam kelompok non-monofiletik.

Status *non-monofiletik* pada genus *Phyllanthus* kemungkinan terjadi karena jumlah spesies yang digunakan terlalu sedikit. Maka dengan dilakukannya penambahan jumlah spesies yang dikutsertakan dalam studi ini diharapkan dapat menghasilkan sistem klasifikasi yang lebih baik. Untuk melengkapi klasifikasi yang diajukan oleh Topik dan Pancoro (2006). Pada studi ini dilakukan penambahan sebanyak 72 spesies dari genus *Phyllanthus* dan lima spesies sebagai *outgroup* yang masih termasuk kedalam familia Euphorbiaceae yang data sikuen DNA-nya diambil dari *Genbank*. Dengan penambahan ini diharapkan studi ini dapat melengkapi sistem klasifikasi dan menghasilkan hubungan kekerabatan genus *Phyllanthus* yang lebih baik.

B. Rumusan masalah

Rumusan masalah yang diangkat pada penelitian ini adalah “Bagaimanakah hubungan kekerabatan genus *Phyllanthus* berdasarkan analisis *in silico* dari urutan DNA daerah *Internal Transcribed Spacer* (ITS)?”

C. Pertanyaan Penelitian

Dari rumusan masalah di atas, dapat diuraikan lagi menjadi beberapa pertanyaan sebagai berikut:

1. Bagaimanakah variasi urutan DNA daerah *Internal Transcribed Spacer* (ITS) pada genus *Phyllanthus*?
2. Bagaimanakah status filogeni genus *Phyllanthus* berdasarkan urutan DNA daerah *Internal Transcribed Spacer* (ITS)?

D. Batasan Masalah

Agar penelitian ini tidak meluas, maka penelitian ini dibatasi dengan batas sebagai berikut:

1. Pengujian status filogenetik genus *Phyllanthus* dilakukan dengan analisis filogenetik molekuler secara *In silico*.
2. Sumber data yang digunakan untuk merekonstruksi pohon filogenetika adalah sikuen daerah *Internal Transcribed Spacer* (ITS) dari *nuclear ribosomal DNA* (nrDNA) yang di peroleh dari *GenBank* (www.ncbi.nlm.nih.gov).

E. Tujuan

Penelitian ini bertujuan untuk:

1. Mengetahui variasi urutan DNA daerah *Internal Transcribed Spacer* (ITS) pada genus *Phyllanthus*.
2. Mengetahui hubungan kekerabatan genus *Phyllanthus* berdasarkan urutan DNA daerah *Internal Transcribed Spacer* (ITS).
3. Mengetahui status filogeni genus *Phyllanthus* berdasarkan urutan DNA daerah *Internal Transcribed Spacer* (ITS).

F. Manfaat

1. Penelitian ini diharapkan dapat melengkapi sistem klasifikasi molekuler khususnya untuk genus *Phyllanthus*.
2. Menyediakan *database* mengenai variasi urutan basa DNA daerah ITS dari species-species yang termasuk kedalam genus *Phyllanthus*.

