

BAB I

PENDAHULUAN

A. Latar Belakang

Indonesia merupakan negara kepulauan terbesar di dunia yang memiliki lebih dari 17.000 pulau dengan panjang garis pantai mencapai 81.000 km, dan membentang antara garis 95 - 145 bujur timur dan 6 lintang utara sampai dengan 11 lintang selatan (Anonim, 2007). Pulau-pulau di Indonesia dipisahkan oleh lautan yang menyebabkan terbentuknya empat puluh tujuh ekosistem yang sangat berbeda antara yang satu dengan yang lainnya (Moeljopawiro, 2001). Karena terletak di daerah beriklim tropis, kepulauan Indonesia memiliki keragaman ekosistem yang tinggi, baik ekosistem daratan, perairan tawar, payau maupun laut. Berdasarkan data Direktorat Jendral Perlindungan Hutan dan Konservasi Alam, keanekaragaman *flora* Indonesia merupakan yang terbesar ketujuh di dunia dan salah satu suku tumbuhan yang terdistribusi secara luas di kepulauan Indonesia adalah suku Euphorbiaceae (Anonim, 2007).

Suku Euphorbiaceae merupakan suku tumbuhan yang besar, terdiri dari 300 marga dan 7500 jenis yang tersebar luas di daerah tropis dan temperata (Sharma, 1993). Jenis-jenis dari suku Euphorbiaceae memiliki peranan penting dalam ekosistem, dalam bidang ekonomi misalnya *Havea sp* yang merupakan bahan baku untuk industri karet, bahan pangan, seperti *Manihot sp*, sebagai tanaman hias misalnya *Euphorbia sp*, dan diketahui memiliki manfaat

farmakologis, contohnya beberapa jenis dari marga *Phyllanthus* (Sharma, 1993). *Phyllanthus* merupakan salah satu marga dari suku Euphorbiaceae yang memiliki distribusi luas di benua Asia, Amerika, Australia, dan Afrika (Subarnas & Sidik, 1993). Di pulau Jawa terdapat 20 jenis *Phyllanthus* (Backer & van den Brink, 1963). Jenis yang cukup dikenal masyarakat Indonesia adalah *Phyllanthus niruri* L. yang umum dikenal sebagai obat tradisional.

Di Indonesia penelitian mengenai *Phyllanthus niruri* L. sudah banyak dilakukan terutama pada aspek farmakologisnya. Radjaram & Widjaya (1993) menyebutkan bahwa ekstrak *Phyllanthus niruri* L. mengandung komponen aktif dengan indikasi khasiat sebagai bahan diuretika, *hepato-protector* dan anti infeksi. Penelitian terakhir menyebutkan bahwa *Phyllanthus niruri* L. mengandung senyawa pemacu kekebalan tubuh (*imunomodulator*) pada manusia (Imam, 2005). Namun demikian, penelitian mengenai keragaman dan hubungan kekerabatan di dalam jenis *Phyllanthus niruri* L., antarjenis dalam marga *Phyllanthus*, dan hubungan kekerabatannya dengan jenis lain dari suku Euphorbiaceae belum banyak dilakukan, padahal analisis kekerabatan penting dilakukan sebagai dasar untuk memahami perjalanan evolusi suatu organisme.

Selama ini analisis keragaman dan pengelompokan individu-individu *Phyllanthus niruri* L. masih terbatas pada karakter morfologi, sementara analisis hubungan kekerabatan di dalam jenis *Phyllanthus niruri* L. berdasarkan data molekuler belum dilakukan. Hadad *et al.* (1993) mengelompokkan individu-individu *Phyllanthus niruri* L. berdasarkan karakter warna batang dan cabang sehingga menghasilkan tiga kelompok *Phyllanthus niruri* L., yaitu meniran

merah, meniran kuning, dan meniran hijau. Tetapi, karakter morfologi cenderung tidak konsisten karena sangat dipengaruhi oleh lingkungan (Adisoemarto, 2005). Variasi dari karakter morfologi menyebabkan banyak kesulitan dalam merekonstruksi hubungan kekerabatan. Hal ini menyebabkan para peneliti melakukan analisis hubungan kekerabatan secara molekuler sebagai alternatif untuk menjelaskan hubungan kekerabatan pada takson yang hubungan kekerabatannya belum terselesaikan karena tingginya keragaman jenis secara morfologi (Hillis *et al.*, 1996; Liston *et al.*, 1998).

Analisis hubungan kekerabatan secara molekuler dapat dilakukan dengan menggunakan analisis terhadap protein, isozim, ataupun asam nukleat. *Deoxyribonucleic Acid* (DNA) banyak digunakan sebagai data untuk merekonstruksi pohon kekerabatan, karena di dalam DNA tersimpan keseluruhan informasi yang mengkode organisme, dan urutan basa nukleotida (sikuen) DNA menyediakan banyak karakter karena perbedaan laju perubahan basa-basa nukleotida di dalam lokus yang berbeda adalah besar (Hillis *et al.*, 1996).

Analisis hubungan kekerabatan berdasarkan data molekuler sangat penting untuk melihat perjalanan evolusi dan filogeni suatu jenis organisme secara spesifik (Liston *et al.*, 1998). Oleh karena itu, analisis hubungan kekerabatan di dalam jenis *Phyllanthus niruri* L. berdasarkan data molekuler penting dilakukan untuk mengetahui hubungan kekerabatan di dalam jenis *Phyllanthus niruri* L. yang berbeda warna batang dan cabang.

B. Rumusan Masalah

Rumusan masalah pada penelitian ini adalah: bagaimanakah hubungan kekerabatan di dalam jenis *Phyllanthus niruri* L. berdasarkan karakter DNA?

Berdasarkan rumusan masalah di atas dapat dibuat menjadi beberapa pertanyaan penelitian, yaitu:

1. Apakah individu-individu *Phyllanthus niruri* L. yang berbeda warna batang dan cabang berkelompok dalam pohon kekerabatan yang direkonstruksi berdasarkan data karakter DNA?
2. Apakah individu-individu *Phyllanthus niruri* L. yang berbeda warna batang dan cabang memiliki hubungan kekerabatan yang dekat berdasarkan data karakter DNA?

C. Batasan Masalah

1. Analisis hubungan kekerabatan di dalam jenis *Phyllanthus niruri* L. dilakukan dengan menggunakan analisis filogenetika.
2. Sumber data yang digunakan untuk merekonstruksi pohon filogenetika adalah sekuens daerah *Internal Transcribed Spacer* (ITS) dari *nuclear ribosomal* DNA (nrDNA).

D. Tujuan

Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui hubungan kekerabatan di dalam jenis *Phyllanthus niruri* L. berdasarkan karakter DNA daerah ITS dari nrDNA.

E. Manfaat

Penelitian ini diharapkan dapat menjadi informasi awal bagi pengembangan sistem klasifikasi molekuler di Indonesia dalam marga *Phyllanthus*, di samping sebagai pelengkap sistem klasifikasi yang telah ada.

F. Asumsi

1. DNA dapat digunakan dalam analisis filogenetika molekuler karena DNA menyimpan keseluruhan informasi genetik organisme, siklus DNA menyediakan banyak karakter karena perbedaan laju perubahan basa-basa nukleotida di dalam lokus yang berbeda adalah besar, dan telah terbukti menghasilkan hubungan kekerabatan yang lebih alami (Hillis *et al.*, 1996).
2. Siklus daerah ITS telah digunakan secara luas dalam analisis filogenetika molekuler untuk menyelesaikan hubungan kekerabatan antara takson yang belum terselesaikan hubungan kekerabatannya (Slotta, 2000).

