

# BAB I

## PENDAHULUAN

### 1.1.Latar Belakang

Indonesia telah diakui secara global dan dijuluki sebagai negara *mega-biodiversity*. Julukan tersebut berasal dari keanekaragaman flora dan fauna yang tersebar di seluruh Indonesia. Keberadaan keanekaragaman suatu tanaman perlu dipertahankan terutama tanaman yang dapat memiliki berbagai manfaat, bahkan harus diperluas agar bahan untuk pembentukan varietas unggul selalu tersedia dan adanya varietas atau jenis baru. Sangat penting untuk memiliki data yang lengkap untuk mendukung pemuliaan dan konservasi berbagai jenis tanaman. Penyebab keanekaragaman atau varietas diketahui ada tiga faktor yaitu perbedaan lingkungan tempat tumbuh, perbedaan genetika dan interaksi antara keduanya (Sudarmono, *et al.*, 2020).

Berbagai flora di Indonesia memiliki manfaat yang beraneka ragam, salah satunya yaitu sebagai tanaman obat yang saat ini belum banyak diteliti (Primiani & Pujiati, 2017). *Orthosiphon* sp. (kumis kucing) merupakan salah satu tanaman obat yang belum banyak diteliti keberagamannya. *Orthosiphon* merupakan salah satu genus dari famili Lamiaceae (menthol) famili mint yang terdiri lebih dari 7000 spesies (Li *et al.*, 2016). Setiap spesies memiliki profil biokimia yang bersifat aromatik dan terapeutik. Plasma nutfah dari tanaman kumis kucing perlu dilindungi di dalam suatu areal tanaman obat di Indonesia sehingga bisa dilestarikan dan dimanfaatkan bagi masyarakat dan dunia pengobatan.

*Orthosiphon aristatus* memiliki 2 warna pada bagian bunganya, yaitu putih dan ungu. Disamping itu, ditemukan pula sampel *Orthosiphon* sp. yang berdaun putih asal Gunung Pancar, Jawa Barat (Sudarmono *et al.*, 2020). *Orthosiphon* daun putih tersebut diketahui belum adanya identifikasi lebih lanjut, sehingga apabila ditelusuri dan diteliti lebih dalam lagi bisa saja tanaman ini masuk ke dalam kategori spesies baru. Perbedaan jenis *Orthosiphon* tersebut baik yang berdaun putih, bunga ungu, dan bunga putih saat ini baru diamati secara morfologi saja, sehingga untuk mendukung data identifikasi diperlukan adanya analisis secara genetik.

Identifikasi spesies yang beraneka ragam berdasarkan karakter morfologis sulit untuk dilakukan dan dapat dikategorikan kurang akurat karena dapat dipengaruhi oleh lingkungan. Menurut (Wäldchen *et al.*, 2018) proses identifikasi spesies yang menggunakan karakterisasi morfologi konvensional memiliki beberapa keterbatasan. Pertama, variasi genetik dan karakteristik fenotipik dapat menyebabkan kesalahan identifikasi. Kedua, banyak taksa masih samar atau tidak jelas, dan ketiga, kunci morfologi hanya berfungsi pada satu tahap perkembangan tanaman, sehingga banyak individu masih belum diidentifikasi. Keempat, karena penggunaan kunci identifikasi sering kali membutuhkan keterampilan khusus, ada kemungkinan kesalahan selama proses identifikasi. Kelima membutuhkan banyak waktu.

Melihat keterbatasan identifikasi secara morfologi tersebut, diperlukan adanya identifikasi secara genetik menggunakan DNA Barcoding. Namun, ini tidak berarti taksonomi konvensional sudah tidak relevan. Sebaliknya, barcoding DNA telah menjadi alat baru bagi ahli taksonomi untuk melengkapi pengetahuan mereka dalam proses identifikasi dengan cepat. Identifikasi dan klasifikasi spesies dapat dipermudah dengan menggabungkan sekuen DNA dengan karakter morfologi yang ada (Kowalska *et al.*, 2019).

Untuk mendapatkan sekuens DNA tentu memerlukan penanda DNA yang spesifik. DNA suatu tumbuhan dapat diisolasi dari genom inti, kloroplas, dan mitokondria. Menurut Hartana (2010), genom kloroplas dianggap cocok untuk penelitian filogenetik karena memiliki karakteristik yang stabil, haploid, dan diwariskan secara maternal (Hartana, 2010). Filogenetik tanaman dapat diidentifikasi dengan menggunakan genom kloroplas (cpDNA) pada tingkat taksonomi genus, spesies, dan varietas (Shaw *et al.*, 2005). Jika dibandingkan dengan daerah *coding*, daerah *non-coding* cpDNA menunjukkan situs informatif filogeni yang lebih banyak. Oleh karena itu, daerah *non-coding* ini tepat digunakan untuk melakukan analisis filogeni tanaman pada tingkat takson spesies atau varietas (Zhang *et al.*, 2003).

Penanda DNA kloroplas adalah alat yang sangat populer untuk mengakses variasi genetik populasi tanaman, membuat pohon filogenetik, dan memprediksi kekerabatan genetik populasi tanaman (Abbas, 2006). DNA kloroplas adalah DNA

yang memiliki tingkat rekombinasi genetik yang rendah dan berasal dari garis keturunan maternal (Wang *et al.*, 2013). Gen kloroplas terdiri dari berbagai gen dan marka seperti *intergenic spacer trnL-trnF*, *matK*, dan *rbcL* (Roslim & Fitriani, 2021). Sekuen *trnL-F intergenic spacer* memiliki laju evolusi dan mutasi tertinggi daripada sekuen lain seperti *matK* dan *rbcL*. Penanda molekuler dengan laju evolusi tinggi sangat cocok untuk memeriksa filogeni pada taksa rendah (Wan *et al.*, 2004), dan ini sangat cocok untuk memeriksa filogeni *Orthosiphon* spp., yang subjek penelitian adalah varietasnya.

Berdasarkan latar belakang tersebut, penelitian ini dilakukan untuk menganalisis hubungan filogenetik dari *Orthosiphon* spp.

### **1.2.Rumusan Masalah**

Berdasarkan latar belakang penelitian yang telah disampaikan, maka rumusan masalah untuk penelitian ini yaitu “Bagaimana hubungan filogenetik *Orthosiphon* spp. (Lamiaceae) berdasarkan sekuen *trnL-F intergenic spacer*?”

### **1.3.Tujuan Penelitian**

Tujuan penelitian ini adalah untuk mendapatkan informasi hubungan filogenetik pada tanaman kumis kucing (*Orthosiphon* spp) dengan menggunakan marka DNA *barcoding trnL-F intergenic spacer*.

### **1.4.Manfaat Penelitian**

Manfaat dari penelitian ini adalah:

- 1) Menemukan hubungan filogenetik dari *Orthosiphon* spp. yang berasal dari berbagai wilayah di Jawa Barat dan Kalimantan Timur sebagai upaya untuk mengetahui identitas molekuler dan pemuliaan tanaman obat sehingga dapat memberikan petunjuk tentang kemungkinan keberlanjutan atau sifat obat di antara tanaman sejenis.
- 2) Sebagai sumber informasi data molekuler yang bermanfaat bagi pengembangan plasma nutfah, mendukung konservasi, pelestarian dan koleksi data.
- 3) Sebagai tambahan sumber informasi ilmu bidang biologi mengenai biosistematika molekuler tumbuhan utamanya menggunakan analisis DNA Barcoding *trnL-F intergenic spacer*

- 4) Sebagai sumber pengetahuan untuk mendukung penelitian selanjutnya menggunakan analisis penanda molekuler *trnL-F intergenic spacer*

### 1.5. Struktur Organisasi Skripsi

Isi utama dalam penyusunan skripsi ini mengikuti aturan penulisan dari Pedoman Penulisan Karya Tulis Ilmiah UPI Tahun 2021 yang terdiri dari lima bab utama. Dimulai dari pendahuluan, tinjauan pustaka, metode penelitian, temuan dan pembahasan, serta diakhiri dengan simpulan, implikasi dan rekomendasi. Adapun struktur organisasi dari penulisan skripsi ini adalah sebagai berikut:

#### 1) BAB I Pendahuluan

Pendahuluan tersusun atas latar belakang, rumusan masalah, batasan masalah, pertanyaan penelitian, tujuan dilakukannya penelitian, hipotesis dan pemaparan manfaat dari penelitian yang dihasilkan. Latar belakang penelitian ini membahas mengenai keanekaragaman hayati di Indonesia yang melimpah dan tersebar di beberapa wilayah. Masyarakat banyak memanfaatkan kekayaan tanaman Indonesia untuk pengembangan obat-obatan herbal (*herbal medicine*). Salah satu tanaman obat yang sering digunakan adalah seperti kumis kucing (*Orthosiphon* spp.). Tanaman kumis kucing ini masih sangat sedikit penelitian yang menganalisis kekerabatannya dan keanekaragamannya di Indonesia. Disamping itu pula, telah ditemukan adanya spesies kumis kucing yang memiliki morfologi daun berwarna putih (*Orthosiphon* sp. nov.), berbeda dengan daun pada umumnya. Sehingga penelitian ini dilakukan juga untuk mengungkap dan mengidentifikasi *Orthosiphon* sp. nov. serta menganalisis hubungan filogenetik dengan *Orthosiphon aristatus* yang tersebar di wilayah Jawa Barat dan Kalimantan Timur.

#### 2) BAB II Kajian Pustaka

Pada bagian Kajian pustaka berisikan hasil dari kajian literatur yang memuat sumber sumber penelitian terdahulu yang relevan dengan penelitian yang dilakukan. Hal tersebut disajikan dalam skripsi ini untuk mendukung penelitian ini agar lebih terarah dan terstruktur. Kajian pustaka pada penelitian ini meliputi kajian teori, kajian penelitian relevan, dan kerangka berpikir. Kajian teori memaparkan mengenai konsep keanekaragaman genetik yang berkaitan dengan hubungan kekerabatan yang tergambarkan dalam pohon

filogenetika untuk memaparkan asal-usul terjadinya hubungan kekerabatan antarspesies *Orthosiphon* spp., Famili Lamiaceae, Spesies *Orthosiphon* spp., marka *intergenic spacer trnL-F*, dan konsep analisis molekuler seperti isolasi DNA, amplifikasi DNA, Elektroforesis, dan sekuensing. Pada bagian kajian penelitian relevan memaparkan berbagai penelitian terdahulu yang relevan dengan bidang yang diteliti, termasuk prosedur, subjek, dan temuannya.

### 3) BAB III Metode Penelitian

Pada bagian metode penelitian ini berisikan tentang pemaparan jenis penelitian, prosedur penelitian, serta pada tahap analisis data yang dilakukan pada penelitian ini. Metode penelitian memuat jenis penelitian, sampel penelitian, waktu dan lokasi penelitian, pemaparan alat dan bahan penelitian, prosedur penelitian, serta analisis data penelitian secara *in silico*. Prosedur penelitian diawali dengan penggunaan sampel daun sebanyak 14 sampel dengan nomor koleksi yang telah tersedia. Kemudian dilanjutkan dengan ekstraksi DNA, uji kualitatif dan kuantitatif DNA genom, amplifikasi DNA, uji kuantifikasi DNA, hingga dilanjutkan pada tahap analisis data secara *in silico* menggunakan *software* MEGA11.

### 4) BAB IV Temuan dan Pembahasan

Pada bagian temuan dan pembahasan memaparkan hasil dari penelitian yang telah dilakukan dan diinterpretasikan dalam bentuk tulisan yang dapat dikaitkan dengan temuan atau penelitian sebelumnya yang relevan dengan penelitian yang dilakukan. selanjutnya disusun pembahasan untuk menginterpretasikan hasil tersebut. Temuan yang didapat pada penelitian ini adalah informasi variasi genetik berdasarkan urutan nukleotida dan hubungan kekerabatannya menggunakan DNA *barcoding* pada marka *Intergenic Spacer trnL-F* sebagai upaya untuk mengetahui identitas molekuler dari *Orthosiphon* sp nov. dan kekerabatannya dengan tanaman kumis kucing lainnya dari berbagai wilayah di Jawa Barat dan Kalimantan Timur.

### 5) BAB V Simpulan, Implikasi dan Rekomendasi

Pada ini menjelaskan secara keseluruhan simpulan dan implikasi penelitian berdasarkan hasil dan temuan yang telah didapatkan serta memaparkan rekomendasi untuk penelitian selanjutnya. Harapannya dengan

adanya simpulan, implikasi dan saran dalam penelitian ini dapat menjadi referensi tambahan untuk penelitian selanjutnya.