

BAB I

PENDAHULUAN

1.1 Latar Belakang

Lamiaceae merupakan famili tumbuhan dalam kelompok Angiospermae. Famili mint ini terdiri atas lebih dari 7000 spesies yang termasuk ke dalam 236 genus (Ahmed, 2018) sehingga dikategorikan sebagai famili Angiospermae terbesar keenam dan terbesar dalam ordo Lamiales (The Angiosperm Phylogeny Group IV, 2016). Sekitar 1050 spesies digunakan sebagai tumbuhan obat, atau ekuivalen dengan 13% dari Lamiaceae, yang menggambarkan proporsi di atas rata-rata (Allkin, 2017). Hal tersebut disebabkan oleh kandungan metabolit sekunder Lamiaceae yang terapeutik, khususnya minyak esensial. Selama wabah COVID-19, *Salvia*, *Thymus*, dan *Ocimum* dilaporkan berperan penting dalam pengobatan individu yang terinfeksi (Adhikari *et al.*, 2020; Srivastava *et al.*, 2020). Selain itu, spesies lain banyak digunakan dalam industri kosmetik (*Lavandula angustifolia*) dan kuliner (*Origanum vulgare* dan *Thymus vulgaris*) (Zhao *et al.*, 2021). Dengan demikian, Lamiaceae dianggap sebagai famili bernilai ekonomis tinggi.

Saat ini, kegunaan metabolit sekunder dan pengetahuan filogenetik Lamiaceae menjadi dua aspek yang berkorelasi akibat munculnya banyak kasus adulterasi obat herbal Lamiaceae. Fenomena tersebut terjadi karena peningkatan permintaan pasar global terhadap obat herbal (Nazar *et al.*, 2022). Untuk memenuhi permintaan pasar, beberapa spesies disubstitusi dengan spesies lainnya. Thakur *et al.* (2021) melaporkan bahwa minyak *peppermint* dari *Mentha piperita* dipalsukan dengan minyak mentol dari *Mentha arvensis*. Minyak esensial dan bumbu oregano (*Origanum vulgare*) digantikan dengan *Satureja montana* dan *Origanum majorana* (Marieschi *et al.*, 2011). Permintaan pasar yang tinggi pun menyebabkan eksploitasi spesies sehingga mendorongnya ke dalam kategori spesies terancam punah (Nazar *et al.*, 2022).

Situasi yang terjadi pada famili Lamiaceae membutuhkan studi untuk menemukan metode terbaik dalam mencegah adulterasi dan memastikan penggunaan spesies Lamiaceae yang berkelanjutan. Setiap spesies Lamiaceae

memiliki profil biokimia yang unik (Thakur *et al.*, 2021) sehingga adulterasi dapat menurunkan efektivitas dan keamanan obat herbal bagi konsumen. Obat herbal *Scutellaria* menjadi berbahaya karena diadulterasi dengan genus yang berpotensi hepatotoksik, yaitu *Teucrium*, akibat adanya kemiripan morfologi yang tinggi (Upton & DAYu, 2012). Kasus tersebut menunjukkan bahwa metode identifikasi berbasis morfologi saja tidak selalu akurat dalam mencegah adulterasi. Nazar *et al.* (2022) menyebutkan bahwa metode berbasis morfologi, organoleptik, dan profil biokimia yang tersedia saat ini, seperti *high-performance thin layer chromatography* (HPTLC) dan *mass spectrometry* (MS), tidak selalu memberikan hasil yang tepat. Hal ini terjadi terutama ketika tumbuhan dalam bentuk serbuk dan adanya variasi profil biokimia antarspesies yang sama akibat perbedaan letak geografis (Upton *et al.*, 2020).

Akibat kemajuan teknologi, asam deoksiribonukleat (DNA) telah banyak dimanfaatkan dalam studi filogenetik Lamiaceae. Berdasarkan keterbatasan metode yang tersedia, penelitian komprehensif filogenetik Lamiaceae berbasis DNA diperlukan sebagai metode alternatif untuk mencegah adulterasi sebab DNA memberikan informasi kekerabatan pada spesies target adulterasi. Akan tetapi, hubungan filogenetik Lamiaceae masih belum terselesaikan dengan baik (Li *et al.*, 2016), walaupun sudah banyak penelitian terdahulu.

Morfologi menjadi salah satu faktor yang menyulitkan penentuan filogenetik Lamiaceae. Anggota genus *Thymus* memiliki kesamaan morfologi yang tinggi dengan spesies *Thymus* lainnya sehingga penentuan batas spesies sulit dilakukan secara objektif (Aneva *et al.*, 2022). Studi dengan data DNA cenderung menggunakan DNA kloroplas sehingga informasi genetik untuk analisis filogenetik tidak menyeluruh. Tidak adanya sekuens DNA inti sebagai perbandingan atau pelengkap data dapat mengurangi akurasi pohon filogenetik. Penelitian demikian telah dilakukan oleh Li *et al.* (2016) sebagai studi filogenetik Lamiaceae dengan sampel paling komprehensif. Studi yang menggunakan DNA inti dan kloroplas mayoritas berfokus kepada genus atau *tribe* tertentu, seperti pada *Salvia* (Drew *et al.*, 2017) dan *tribe* Mentheae (Drew & Sytsma, 2012). Maka dari itu, studi filogenetik komprehensif yang menggabungkan DNA inti dan kloroplas serta beberapa genus Lamiaceae perlu dilakukan.

Analisis filogenetik tumbuhan dapat menggunakan beberapa karakter organisme, umumnya morfologi, biokimia, dan molekuler. Meskipun begitu, penggunaan karakter konvensional berupa morfologi dan biokimia tidak selalu menggambarkan kekerabatan yang sebenarnya karena rentan terhadap variasi lingkungan. Tumbuhan sebagai organisme sesil dapat mengubah fenotipnya untuk beradaptasi dengan kondisi lingkungan yang berubah melalui mekanisme plastisitas (Laitinen & Nikoloski, 2018). Adapun kemajuan dari teknologi sekuensing dan komputasi memudahkan penggunaan data molekuler dalam studi filogenetik.

DNA menjadi sumber informasi utama untuk meningkatkan pemahaman filogenetik organisme yang dikenal dengan bidang filogenetik molekuler (Hajibabaei *et al.*, 2007). Sekuens DNA yang digunakan dapat berupa barkode DNA, yaitu sekuens singkat pada daerah genom yang telah terstandarisasi, baik daerah *coding* maupun *non-coding*. Penggunaan barkode DNA dalam filogenetik molekuler terbukti mampu mengestimasi kekerabatan antarpesies dan memberikan kerangka kerja untuk menguji hipotesis terkait evolusi karakter pada organisme (Erickson & Driskell, 2012). Teknik molekuler memiliki keunggulan karena tidak terpengaruhi oleh faktor eksternal atau tahapan perkembangan dan materi DNA dapat dengan mudah diisolasi dari semua jaringan tumbuhan (Mishra *et al.*, 2016).

Jumlah barkode DNA mempengaruhi akurasi filogenetik. Menurut *The Consortium for the Barcode of Life (CBOL) Plant Working Group* (2009), penggunaan kombinasi sekuens meningkatkan kredibilitas analisis karena kelebihan barkode DNA tertentu menutupi kekurangan barkode lainnya. Penelitian yang sama mengusulkan daerah *coding* genom kloroplas, *maturase K (matK)* dan *ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase (rbcL)*, sebagai lokus barkode standar tumbuhan yang dapat dilengkapi dengan barkode tambahan sesuai kebutuhan. Barkode tambahan yang dimaksud adalah daerah *internal transcribed spacer (ITS)* dari inti sel (Nazaar *et al.*, 2022; Mishra *et al.*, 2016). Penelitian ini menggunakan barkode DNA multilokus *ITS*, *matK*, dan *rbcL* untuk menganalisis filogenetik Lamiaceae secara *in silico*. Sampel tidak terbatas pada spesies di Indonesia dengan memanfaatkan sekuens DNA Lamiaceae di *GenBank*. Dengan demikian, penelitian filogenetik ini diharapkan memberikan solusi terhadap fenomena adulterasi pada Lamiaceae dan mendukung konservasinya.

1.2 Rumusan Masalah

Berdasarkan latar belakang di atas, rumusan masalah dalam penelitian ini adalah “Bagaimana filogenetik Lamiaceae berdasarkan barkode *ITS*, *matK*, dan *rbcL* parsial dapat digunakan untuk mencegah adulterasi dan mendukung konservasi spesies Lamiaceae?”

1.3 Tujuan Penelitian

Tujuan dari penelitian adalah untuk mendapatkan informasi mengenai filogenetik Lamiaceae berdasarkan barkode *ITS*, *matK*, dan *rbcL* parsial untuk mencegah adulterasi dan mendukung konservasi spesies Lamiaceae.

1.4 Batasan Penelitian

Penelitian ini mempunyai beberapa batasan sebagai berikut:

1. Sampel sekuens DNA *ITS*, *matK*, dan *rbcL* parsial diperoleh dari *GenBank National Center for Biotechnology Information* (NCBI).
2. Sekuens DNA meliputi 52 spesies yang berasal dari 11 genus Lamiaceae, yaitu *Orthosiphon*, *Thymus*, *Ocimum*, *Mentha*, *Salvia*, *Clerodendrum*, *Callicarpa*, *Lamium*, *Origanum*, *Stachys*, dan *Scutellaria* serta 1 *outgroup* dari famili Bignoniaceae (*Spathodea campanulata*).
3. Pohon filogenetik direkonstruksi dengan model *maximum parsimony*.

1.5 Manfaat Penelitian

Manfaat dilakukannya penelitian adalah:

1. Menemukan hubungan filogenetik Lamiaceae menggunakan barkode DNA inti dan kloroplas.
2. Menyumbangkan ilmu pengetahuan terhadap bidang Biologi Molekuler, Evolusi, dan Bioinformatika terkait metode rekonstruksi hubungan filogenetik tumbuhan berbasis data DNA.
3. Memberikan informasi untuk upaya pencegahan adulterasi obat herbal berbahan dasar spesies Lamiaceae.
4. Menggunakan hasil penelitian dalam upaya konservasi biodiversitas Lamiaceae sebagai sumber senyawa terapeutik bagi manusia.

1.6 Struktur Organisasi Skripsi

Skripsi ini disusun secara sistematis dalam lima bab yang membentuk kerangka utuh untuk menguraikan permasalahan yang dikaji. Penulisan skripsi dimulai dari bab pendahuluan, kajian pustaka, metode penelitian, temuan dan pembahasan, serta simpulan, implikasi, dan rekomendasi. Struktur organisasi skripsi ini adalah sebagai berikut:

1. BAB I Pendahuluan

BAB I berisi latar belakang penelitian, rumusan masalah, tujuan penelitian, dan batasan serta manfaat penelitian. Pelaksanaan penelitian ini dilatarbelakangi oleh permasalahan adulterasi obat herbal berbahan dasar Lamiaceae yang menurunkan keamanan obat dan menyebabkan eksploitasi spesies. Metode pencegahan adulterasi berbasis morfologi dan biokimia tidak selalu akurat karena Lamiaceae mempunyai keragaman morfologi dan minyak esensial yang tinggi. Dengan demikian, penelitian ini menggunakan pendekatan filogenetik berbasis barcode DNA multilokus sebagai langkah awal dalam mencegah adulterasi dan mendukung konservasi spesies Lamiaceae.

2. BAB II Kajian Pustaka

BAB II meliputi kajian literatur mengenai teori dan hasil studi terdahulu yang relevan untuk memberikan konteks terhadap permasalahan yang diangkat. Teori yang dikaji berkaitan dengan aspek filogenetik, botani, dan farmakologis famili Lamiaceae. Selain itu, teori mengenai filogenetik molekuler, barcode DNA multilokus, dan analisis bioinformatika secara *in silico* pun dibahas. Sejumlah hasil studi terdahulu disampaikan untuk membandingkan dan memosisikan penelitian yang dilakukan sebagai landasan dasar.

3. BAB III Metode Penelitian

Metode penelitian ditulis sebagai rancangan untuk memperoleh data yang diharapkan. Bab ini memaparkan desain, lokasi dan waktu, alat, prosedur, serta alur penelitian dengan detail. Prosedur penelitian mencakup pengumpulan sampel barcode DNA inti dan kloroplas parsial dari *GenBank* NCBI, pengolahan sampel untuk merekonstruksi pohon filogenetik di perangkat lunak MEGA 11, dan analisis pohon.

4. BAB IV Temuan dan Pembahasan

BAB IV menyampaikan temuan penelitian berdasarkan hasil pengolahan sekuens barkode DNA dan analisis pohon filogenetik yang direkonstruksi. Temuan tersebut dibahas dengan mengacu kepada teori dan hasil studi terdahulu sebagai pendukung serta pembanding. Pembahasan mengevaluasi apakah temuan menjawab rumusan masalah yang diajukan. Temuan pokok penelitian ini mencakup karakteristik barkode DNA yang digunakan, pohon filogenetik Lamiaceae yang direkonstruksi, dan penggunaan informasi kekerabatan yang diperoleh dalam mencegah adulterasi dan mendorong konservasi spesies Lamiaceae.

5. BAB V Simpulan, Implikasi, dan Rekomendasi

BAB V berisi simpulan penelitian berdasarkan pemaknaan hasil analisis temuan untuk menjawab rumusan masalah. Implikasi ditujukan kepada pembuat kebijakan dan peneliti lain yang berkaitan. Rekomendasi diberikan untuk menyempurnakan penelitian lanjutan yang serupa di masa mendatang.