

BAB I PENDAHULUAN

1.1 Latar Belakang

Indonesia merupakan negara kepulauan terbesar di dunia yang tertelak di garis khatulistiwa. Secara geografis, letak Indonesia berada pada garis 6° LU- 11° LS dan 95° BT- 141° BT (Sukojo, 2003, hlm. 30). Iklim tropis serta curah hujan yang tinggi sepanjang tahun merupakan akibat dari letak geografis Indonesia. Selain itu, Indonesia pun memiliki topografi berbeda-beda di setiap daerahnya sehingga menyebabkan Indonesia kaya akan sumber daya hayati. Hal ini dikemukakan oleh Herbarium Bogoriense (2005, hlm. 28) yang menyatakan bahwa Indonesia sebagai salah satu negara mega biodiversitas dengan tingkat keanekaragaman yang tinggi di dunia, salah satunya keanekaragaman tumbuhan. Pernyataan tersebut diperkuat oleh hasil penelitian yang dilakukan oleh Webb *et al.* (2010, hlm.7), bahwa hingga tahun 2009, baru teridentifikasi sekitar 51.911 jenis tumbuhan yang terdapat di Indonesia, 25.000 diantaranya merupakan tumbuhan berbiji.

Tumbuhan berbiji terbagi ke dalam dua kelas, yaitu Liliopsida (monokotiledon), dan Magnoliopsida (dikotiledon). Familia-familia yang tergolong ke dalam Liliopsida diantaranya Musaceae dan Zingiberaceae, sedangkan familia-familia yang tergolong ke dalam Magnoliopsida diantaranya Convolvulaceae, Plantaginaceae, Apocynaceae, dan Solanaceae. Penyebaran tumbuhan berbiji di seluruh dunia tergolong tinggi. Tumbuhan-tumbuhan tersebut dapat hidup di berbagai daerah di dunia dengan kondisi yang sesuai bagi pertumbuhannya.

Salah satu familia tumbuhan yang memiliki tingkat penyebaran tinggi di dunia adalah familia Solanaceae, meliputi 85 genus dengan jumlah spesies mencapai 2800 dan paling banyak ditemukan di negara-negara beriklim tropis (Cronquist, 1981, hlm. 895), salah satunya Indonesia. Hal ini disebabkan karena iklim, curah hujan, dan faktor edafik di Indonesia sesuai bagi pertumbuhan tanaman dari familia Solanaceae.

Banyak anggota familia Solanaceae yang merupakan tumbuhan liar (Cronquist, 1981, hlm. 895), tumbuh subur di beberapa daerah Indonesia. Sebagai contoh, *Solanum viarum* (terong hutan berduri) dan *Solanum mauritianum* (takokak hutan). Anggota Solanaceae selain tumbuh sebagai tanaman liar, banyak pula yang dikembangkan di perkebunan dan pertanian. Hal ini dikarenakan manfaat dari tanaman Solanaceae itu sendiri. Berbagai manfaat tersebut antara lain sebagai sumber makanan, seperti pada *Solanum nigrum* (leunca), *Solanum lycopersicum* (tomat), *Solanum melongena* (terong), dan *Solanum tuberosum* (kentang); sebagai tanaman hias seperti *Petunia grandiflora* (petunia), *Solanandra physalodes*, dan *Cestrum* (kembang dayang); sebagai bahan baku pembuatan rokok yaitu *Nicotiana tabacum* (tembakau); dan juga sebagai tanaman obat, seperti *Physalis angulata* (ciplukan).

Beragam manfaat yang dimiliki tumbuhan-tumbuhan anggota Solanaceae dapat dijadikan sebagai dasar pengelompokan tumbuhan. Dasar-dasar pengelompokan seperti ini dikenal sebagai sistem klasifikasi alami (Subagja, 2006, hlm. 102). Pengelompokan tumbuhan ini sangat diperlukan, tujuannya yaitu untuk mempermudah dalam mempelajari tumbuhan tersebut agar diketahui manfaatnya bagi kehidupan manusia. Selain sistem klasifikasi alami, dikenal pula sistem klasifikasi buatan yang dipopulerkan oleh Linnaeus pada zaman pertengahan. Sistem klasifikasi buatan ini mengelompokkan organisme berdasarkan kesamaan ciri morfologi yang dimilikinya (Subagja, 2006, hlm. 102).

Selain untuk memudahkan dalam mempelajari dan mengetahui manfaat dari suatu tumbuhan, sistem klasifikasi pun memiliki tujuan untuk mengetahui kekerabatan antar satu jenis tumbuhan dengan jenis tumbuhan lainnya. Pengelompokan yang biasa digunakan dalam menentukan kekerabatan adalah pengelompokan secara filogenetik.

Sistem klasifikasi tumbuhan secara filogenetik merupakan pengelompokan tumbuhan berdasarkan proses perjalanan evolusi. Kelompok yang memiliki banyak persamaan ciri dianggap berkerabat dekat dan berasal dari satu nenek moyang yang sama. Dalam pengelompokan filogenetik ini

memerlukan *outrgoup* untuk menunjukkan polarisasi karakter (Hidayat & Pancoro, 2006, hlm. 2). Karakter-karakter yang menunjukkan ciri khas dari suatu tumbuhan perlu diketahui secara tepat agar pada akhirnya didapatkan pohon filogenetik yang akurat.

Penggunaan karakteristik morfologi tumbuhan untuk menentukan kekerabatan, meliputi karakteristik akar, batang, daun, buah, dan bunga saat ini dirasakan kurang akurat. Banyak perdebatan mengenai pengelompokan tersebut. Hal ini dikarenakan karakter morfologi tumbuhan sangat bervariasi dan dapat berubah tergantung kondisi lingkungan. Berubahnya morfologi tumbuhan akibat kondisi lingkungan seperti terjadinya plastisitas fenotip pada tumbuhan. Plastisitas fenotip merupakan salah satu cara tumbuhan dalam mengatasi bervariasinya faktor lingkungan (Gratani, 2014, hlm. 1). Selain itu, perbedaan dari sudut pandang orang yang meneliti pun dapat memberikan hasil yang tidak konsisten terhadap karakter morfologi suatu tumbuhan (Hamdan *et al*, 2013, hlm. 30). Karena keterbatasan karakteristik morfologi seperti yang telah disebutkan sebelumnya, mendorong perkembangan penanda lain yang dapat langsung mengakses ke bagian material yang mengendalikan karakter suatu individu yang dikenal dengan penanda molekuler (Zulfahmi, 2013, hlm. 41).

Penanda molekuler merupakan segmen DNA tertentu yang mewakili perbedaan pada tingkat genom. Karena berkaitan dengan materi genetik, tingkat akurasi penanda molekuler lebih sesuai dalam menghasilkan pola kekerabatan. Penanda molekuler digolongkan ke dalam dua jenis, yaitu penanda molekuler tanpa PCR dan penanda molekuler berdasarkan PCR. Salah satu penanda molekuler berdasarkan PCR adalah *Internal Transcribed Spacer* (ITS) (Zulfahmi, 2013, hlm. 46).

Penanda *Internal Transcribed Spacer* merupakan salah satu penanda molekuler DNA yang sering digunakan oleh para ahli untuk menganalisis kekerabatan pada tumbuhan, baik tumbuhan tingkat tinggi maupun tumbuhan rendah (Schoch *et al.*, 2012, hlm. 6244). Menurut Baldwin *et al.* (1995, hlm. 249), ITS memiliki beberapa keunggulan untuk analisis filogenetik angiospermae, diantaranya yaitu letaknya yang berulang-ulang di sepanjang

DNA genom, mudah mengalami mutasi sehingga dapat menunjukkan variasi sikuen yang dapat membantu menentukan pola kekerabatan, dan berukuran kecil yaitu kurang dari 700 pasang basa.

Penanda molekuler DNA daerah ITS ini dapat digunakan dalam meneliti hubungan kekerabatan antar anggota familia Solanaceae. Hal ini disebabkan karena belum banyak penelitian mengenai kekerabatan anggota familia Solanaceae menggunakan penanda molekuler, khususnya di Indonesia, padahal penyebaran tumbuhan anggota familia Solanaceae di Indonesia cukup tinggi dengan berbagai manfaat yang dimilikinya. Penanda DNA daerah ITS pun memiliki kemampuan-kemampuan yang membuatnya mudah untuk ditangani. Berdasarkan hal-hal tersebut, maka dalam penelitian ini dilakukan analisis kekerabatan anggota familia Solanaceae berdasarkan penanda DNA daerah ITS.

1.2 Rumusan Masalah

Berdasarkan latar belakang yang telah dikemukakan sebelumnya, maka rumusan masalah pada penelitian ini adalah bagaimana kekerabatan anggota familia Solanaceae berdasarkan Sikuen DNA daerah ITS?

1.3 Pertanyaan Penelitian

Berdasarkan rumusan masalah yang telah diungkapkan, maka terdapat beberapa pertanyaan penelitian sebagai berikut:

- 1.3.1 Bagaimana pola kekerabatan anggota familia Solanaceae jika menggunakan sikuen DNA ITS-1; 5,8S; dan ITS-2 secara terpisah; serta gabungan dari ketiga sikuen tersebut?
- 1.3.2 Apakah sikuen DNA daerah ITS mendukung pengelompokan anggota familia Solanaceae yang telah ada sebelumnya?

1.4 Batasan Masalah

Batasan masalah pada penelitian ini adalah:

- 1.4.1 Sampel tumbuhan yang digunakan dalam penelitian ini adalah dua puluh spesies dari sebelas genus anggota familia Solanaceae, yaitu

Physalis, *Solanum*, *Brugmansia*, *Capsicum*, *Nicotiana*, *Withania*, *Cestrum*, *Petunia*, *Datura*, *Nicandra*, dan *Brunfelsia*. Tiga *outgroup* digunakan dalam penelitian ini, yaitu familia Convolvulaceae diwakili oleh *Ipomoea*, Plantaginaceae menggunakan genus *Plantago*, dan *Allamanda* yang merupakan genus dari familia Apocynaceae.

1.4.2 Metode analisis kekerabatan yang digunakan adalah metode filogenetik.

1.4.3 Primer yang digunakan adalah primer ITS-4 (5'-CCCGCCTGACCTGGGGTCGC-3') sebagai *reverse primer* dan ITS-5 (5'-TAGAGGAAGGAGAAGTCGTAACAA-3') sebagai *forward primer*.

1.5 Tujuan Penelitian

Tujuan yang ingin dicapai dari penelitian ini adalah:

1.5.1 Mengetahui hubungan kekerabatan anggota familia Solanaceae berdasarkan sikuen DNA daerah ITS-1; 5,8S; dan ITS-2 secara terpisah, serta gabungan dari ketiganya.

1.5.2 Mengetahui konsistensi pengelompokan kekerabatan anggota familia Solanaceae berdasarkan DNA daerah ITS dengan pengelompokan yang telah ada sebelumnya.

1.6 Asumsi

1.6.1 Analisis filogenetik berdasarkan sikuen DNA daerah ITS pada berbagai spesies tumbuhan Solanaceae dalam satu genus menunjukkan adanya kesamaan baik dalam analisis secara morfologi maupun menggunakan penanda molekuler lainnya (Marshall *et al.*, 2001, hlm. 1216).

1.6.2 Unit berulang DNA daerah ITS tidak berevolusi secara independen, tetapi relatif homogen dalam suatu spesies (Fritz *et al.*, 1994, hlm. 406).

1.7 Manfaat Penelitian

Manfaat dari penelitian ini adalah:

1.7.1 Sebagai informasi awal mengenai sistem klasifikasi berbasis DNA bagi familia Solanaceae.

- 1.7.2 Sebagai penelitian awal bagi penelitian lanjutan yang bertujuan untuk mencari alternatif tumbuhan lain dengan kandungan senyawa kimia yang sama berdasarkan hubungan kekerabatan yang paling dekat.
- 1.7.3 Mengetahui spesies-spesies yang berkerabat dekat dalam rangka menciptakan kultivar baru tumbuhan Solanaceae.