

BAB I

PENDAHULUAN

A. Latar Belakang Masalah

Indonesia adalah negara kepulauan terbesar di dunia. Negara yang banyak memiliki keanekaragaman. Keanekaragaman ini pula membuat Indonesia memiliki banyak keanekaragaman hayati termasuk juga keanekaragaman tanaman obat tradisional atau tanaman herbal. Obat tradisional merupakan warisan budaya bangsa perlu terus dilestarikan dan dikembangkan untuk menunjang pembangunan kesehatan sekaligus untuk meningkatkan perekonomian rakyat. Produksi, dan penggunaan obat tradisional di Indonesia memperlihatkan kecenderungan terus meningkat, baik jenis maupun volumenya (Katno & Pramono, 2006).

Pemanfaatan tumbuhan sebagai sumber obat untuk mengobati berbagai penyakit sudah banyak dilakukan di berbagai Negara. Berdasarkan catatan WHO, lebih dari 20.000 jenis tumbuhan digunakan sebagai sumber obat oleh penduduk di seluruh dunia, namun belum ada catatan pasti untuk jumlah jenis tumbuhan yang digunakan sebagai obat di Indonesia (Utami & Asmaliyah, 2010). Senyawa yang terkandung di dalam tanaman, terdiri dari resin, karet, gum, lilin, pewarna, wewangian, protein, asam amino, peptida bioaktif, hormon, fitokimia, gula, flavonoid dan bio pestisida. Berdasarkan penilaian dari *World Health Organization* (WHO), sekitar 80% dari populasi penduduk dunia sangat tergantung dengan tanaman obat untuk kebutuhan penyembuhan kesehatan mereka, dan lebih dari 30% sediaan farmasi didapatkan dari tanaman. Kemampuan suatu tanaman sebagai obat disebabkan adanya kandungan senyawa kimia atau senyawa aktif yang memiliki daya kerja pengobatan (Tjahjoutomo, 2015).

Dari beberapa penelitian mengenai tanaman obat menyatakan bahwa efek farmakologis dari tanaman obat berasal dari *metabolit sekunder* yang dihasilkannya. Menurut Immy, Evy & Suropto (2015), bahwa metabolit sekunder memiliki peran penting dalam aktivitas tanaman obat.

Oleh karena itu, penyaringan (*screening*) fitokimia dari beberapa tanaman obat digunakan dalam penelitian yang dilakukan saat ini. Analisis kualitatif fitokimia dari tanaman-tanaman obat ini memastikan adanya beberapa zat fitokimia yang terkandung dalam tanaman obat seperti sarponin, terpenoid, steroid, anthosianin, kumarin, asam lemak, tannin, leukoantosianin dan emodin. Zat-zat tersebut dinyatakan mampu menyembuhkan berbagai penyakit dan memiliki potensi antioksidan dan mengarah ke isolasi senyawa baru dan belum pernah digunakan.

Perlu dilakukan analisis untuk mencari perbedaan tanaman obat dengan tanaman non obat adalah dengan analisis fenetik. Menurut Gitawidiyastuti (2014), pendekatan fenetik didasarkan pada kesamaan karakter secara fenotip (morfologi, anatomi, embriologi dan fitokimia). Selain itu, digunakan pula studi filogenetik yaitu pendekatan sistematika yang didasari oleh sebuah hubungan kekerabatan dilihat dari evolusinya.

Contohnya pengelompokan pada tanaman obat. Penggunaan tumbuhan sebagai obat dipercaya lebih efektif karena dianggap tidak mengandung racun dan lebih sedikit efek sampingnya dibandingkan dengan obat-obatan kimia (Singh, *et al.*, 2010). Penelitian mengenai tanaman obat dan non obat sudah banyak dilakukan. Tetapi, studi filogenetik mengenai pengelompokan tanaman obat dan non obat dengan teknik *In silico* masih kurang. Studi filogenetik merupakan pendekatan sistematika yang didasari oleh sebuah hubungan pada perjalanan evolusi karakter atau ciri dari setiap anggota suatu kelompok yang sedang dipelajari (Hidayat & 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 (Kurniawan, 2011).

Penelitian mengenai studi filogenetik pada tanaman obat sudah dilakukan oleh Hidayat & Pancoro (2008), dengan menganalisis filogenetik molekuler pada *Phyllanthus niruri* dengan menggunakan urutan basa DNA daerah Internal Transcribed Spacer (ITS). Analisis hubungan pengelompokan yang

dilakukan didasarkan pada data molekuler DNA, yaitu pada daerah ITS (*Internal Transcribed Spacer*) karena daerah ini memiliki tingkat proses konvergensi evolusi (Baldwin *et al.*, 1995). Penggunaan karakter DNA dalam analisis hubungan pengelompokan dianggap lebih unggul dibandingkan dengan karakter morfologi karena tidak mudah berubah akibat pengaruh lingkungan (Campbell *et al.*, 2002). Salah satu karakter molekuler yang dapat digunakan sebagai karakter pengenal adalah daerah Internal Transcribed Spacer (ITS) DNA ribosom. Pemilihan DNA ribosom untuk tujuan identifikasi suatu organisme didasarkan pada: (1) sifat homolog pada berbagai organisme yang berbeda, (2) terdapat banyak di dalam sel, (3) sekuennya cukup panjang sehingga memungkinkan dilakukannya uji statistik untuk melihat perbedaannya satu sama lain (Hikmah, 2013).

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 dioxynuclei 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 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 biologi 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 (Kidd, 2009). Pendekatan tersebut disebut dengan istilah *in silico*.

Penelitian secara *In silico* telah dilakukan sejak akhir dekade 80-an. Kegunaan analisis *In silico* adalah memprediksi, memberi hipotesis, memberi penemuan baru atau kemajuan baru dalam pengobatan. (Johan & Katherin, 2016) Semakin pesatnya kemajuan bidang informatika, penelitian secara *In silico* pun semakin banyak dilakukan. *In silico* bisa digunakan sebagai studi awal untuk mendapatkan informasi penting, seperti Tambunan *et al.* (2007) mendesain vaksin cVLP HPV dan mengkaji dampak modifikasi post translasi protein cVLP HPV L1 secara *In silico* dari sekuen vaksin tersebut. Kemudian Singh & Pardasani (2009) juga menganalisis kekerabatan struktural RENase secara *In silico*.

Analisis kekerabatan pada tanaman obat yang sudah dilakukan oleh nenek moyang Indonesia, juga sudah mulai dilakukan dengan penanda molekuler seperti *matK*, *rbcL*, *ndhF* (Natascha, *et al.*, 2014) dan ITS (Wei *et al.*, 2015). Hingga saat ini penggunaan secara teknik *in silico* pada umumnya sudah ada yang melakukan penelitian teknik *in silico* berdasarkan "Analisis Filogenetik *In Silico* pada Genus *Phyllanthus* (Euphorbiaceae Sensus Lato) Berdasarkan Daerah Internal Transcribed Spacer" (Kurniawan, 2011), tetapi belum ada yang melakukan analisis kekerabatan untuk membedakan tanaman obat dengan tanaman non obat berdasarkan penanda ITS. Hal ini perlu dilakukan karena dapat memperkaya informasi, dapat mengembangkan sebagai DNA barcode, dan memberikan rujukan mengenai jenis-jenis tanaman obat-obatan.

B. Rumusan Masalah

Berdasarkan latar belakang yang telah dipaparkan sebelumnya, rumusan masalah dalam penelitian ini adalah “Bagaimana hubungan kekerabatan antara tanaman obat dengan tanaman non obat menggunakan penanda DNA daerah ITS secara *in silico* ?”.

C. Pertanyaan Penelitian

Rumusan masalah tersebut dijabarkan ke dalam beberapa pertanyaan penelitian sebagai berikut:

1. Bagaimana analisis beberapa penanda DNA (ITS1, 5,8S, ITS2 dan gabungan) dari genom inti dapat mendukung pengelompokkan tanaman obat dan tanaman non obat?
2. Penanda genom inti manakah yang menunjukkan daya diskriminasi yang tinggi?

D. Batasan Masalah

Batasan masalah pada penelitian ini adalah :

1. Penanda dari genom inti yang digunakan adalah daerah ITS yang meliputi ITS 1, 5,8 S, ITS 2 dan daerah ITS keseluruhan.
2. Panjang basa daerah ITS adalah complete atau full sekuen.
3. Sumber data yang digunakan untuk merekonstruksi pohon filogenetik adalah sekuen daerah *Internal Transcribed Spacer* (ITS) dari *nuclear ribosomal DNA* (nrDNA) yang di peroleh dari *GenBank* (www.ncbi.nlm.nih.gov).

E. Tujuan Penelitian

Penelitian ini bertujuan untuk :

1. Menganalisis hubungan kekerabatan antara tanaman obat dengan tanaman non obat menggunakan beberapa penanda dari DNA inti.
2. Menentukan penanda genom inti kloroplas yang menunjukkan daya diskriminasi yang tinggi.

F. Manfaat Penelitian

Adapun manfaat pada penelitian ini adalah sebagai berikut :

1. Memberikan Informasi dalam upaya mencari dan memperoleh perbedaan letak penanda pada tumbuhan obat dan non obat.
2. Memberikan pengetahuan mengetahui klasifikasi tanaman obat dan non obat berdasarkan genom inti.
3. Memberikan rujukan mengenai jenis-jenis tanaman obat-obatan dari hasil investarisasi yang didapat dari penelitian.
4. Memberikan kontribusi untuk perkembangan sistem klasifikasi tanaman di Indonesia berdasarkan DNA dari genom inti (ITS 1, 5,8 S, ITS 2 dan keseluruhan daerah ITS).

F. Struktur Organisasi Skripsi

Secara umum, gambaran tentang isi dari keseluruhan skripsi ini dapat dilihat dari struktur organisasi penulisan skripsi berikut ini. Adapun sistematikanya yang digunakan dalam penulisan skripsi ini berdasarkan pedoman karya tulis ilmiah Universitas Pendidikan Indonesia (UPI) 2016. Struktur organisasi penulisan skripsi tersebut adalah sebagai berikut :

1. Bab I Pendahuluan

Pada bab I, terdapat uraian mengenai latar belakang dilakukannya penelitian ini. Kemudian, terdapat pula rumusan masalah yang diteliti serta batasannya. Selain itu, terdapat uraian mengenai tujuan dan manfaat dari penelitian ini.

2. Bab II Kajian Pustaka

Pada bab II, teori-teori yang digunakan dalam penelitian ini, diantaranya penanda DNA, tumbuhan obat dan fungsinya, teknik *in silico*, dan genom inti.

3. Bab III Metodologi Penelitian

Bab III, terdapat metode penelitian, jenis penelitian, metode pengambilan sampel, lokasi penelitian, alat dan bahan dan alur penelitian.

4. Bab IV Hasil Penelitian dan Pembahasan

Pada bab IV, hasil penelitian dan pembahasan dijabarkan sesuai dengan penelitian yang diperoleh melalui metode penelitian yang terdapat pada bab III dengan dukungan teori-teori dalam bab II.

5. Bab V Simpulan, Implikasi dan Rekomendasi

Pada bab V, terdapat simpulan, implikasi dan rekomendasi penulis sebagai bentuk pemaknaan terhadap hasil analisis penelitian. Rekomendasi berdasarkan kesalahan yang ditemukan serta upaya untuk perbaikan penelitian selanjutnya.