

## BAB I PENDAHULUAN

### A. Latar Belakang

Pisang (*Musa* spp.) merupakan tanaman yang termasuk ke dalam anggota Familia Musaceae, yang di dalamnya terdiri dari tiga genus yaitu *Musa*, *Ensete*, dan *Musella* (Constantine dan Rossel, 2001). Pisang ini merupakan tanaman buah yang populer digunakan di negara – negara berkembang dan berperan penting pada dalam bidang ketahanan pangan. Pada umumnya, pisang dikelompokkan ke dalam kelompok pisang liar berbiji dan tidak berbiji yang dapat dikonsumsi (Sulistyaningsih *et al.*, 2014). Mayoritas pisang yang dapat dikonsumsi diketahui berasal dari kelompok *Eumusa* dan kultivar – kultivar yang ada diduga berasal dari hasil domestikasi dua species pisang liar yaitu *Musa acuminata* dan *Musa balbisiana* (Li *et al.*, 2010).

Pisang menjadi salah satu tanaman komoditas hortikultura dari kelompok buah – buahan yang saat ini cukup diperhitungkan. Pisang populer digunakan oleh masyarakat karena hampir seluruh bagian tanamannya yang dapat dimanfaatkan, terutama buahnya yang bergizi tinggi dengan harga yang relatif murah (Komaryati dan Adi, 2012). Pisang diketahui dapat tumbuh baik di daerah tropis maupun di beberapa daerah subtropis. Indonesia menjadi salah satu negara beriklim tropis dan diketahui sebagai negara produsen pisang peringkat keenam di dunia (FAO, 2012). Indonesia telah memproduksi sebanyak 6,20 % dari total produksi dunia dan 50 % produksi pisang Asia berasal dari Indonesia (Supriyadi dan Satu, 2008). Menurut Simmond (1962), Indonesia merupakan pusat asal kemunculan dan keragaman pisang. Wilayah Indonesia menjadi salah satu pusat penyebaran pisang dengan tingkat keragaman yang tinggi, namun tingkat keragamannya belumlah terungkap seluruhnya (Siddiqah, 2002). Di Indonesia, diketahui terdapat lebih dari 230 varietas dari pisang yang pusat produksinya terdapat di daerah Sumatera, Jawa, dan Bali (Gold, 1998).

Metode yang populer digunakan untuk memahami dan mempelajari sistematika dalam keanekaragaman tumbuhan salah satunya yaitu dengan melakukan rekonstruksi hubungan kekerabatan filogenetik. Menurut Hidayat dan Pancoro (2008), analisis filogenetik merupakan salah satu metode analisis yang

paling sering digunakan dalam memahami keanekaragaman makhluk hidup melalui rekonstruksi atau pengurutan hubungan kekerabatan (*phylogenetic relationship*). Analisis filogenetik merupakan analisis yang dapat melacak dan menentukan hubungan kekerabatan berdasarkan urutan evolusionernya (Campbell *et al.*, 2002). Semakin banyak persamaan yang dimiliki oleh setiap kelompok, maka semakin dekat hubungan kekerabatan yang dimiliki oleh kelompok – kelompok tersebut dan dianggap berasal dari nenek moyang yang sama. Mempelajari dan memahami hubungan kekerabatan filogenetik merupakan hal yang penting, karena dapat menyediakan informasi yang dapat memperkaya pemahaman tentang bagaimana organisme berevolusi dengan memanfaatkan sumber daya genetik. Melalui analisis filogenetik memudahkan kegiatan pemuliaan tanaman untuk dilakukan yang diharapkan mampu menghasilkan varietas unggul dengan tingkat produktivitas yang tinggi, mutu yang baik, toleran terhadap cekaman lingkungan maupun tahan terhadap hama penyakit (Bayu *et al.*, 2015).

Menaksir hubungan kekerabatan pada tanaman sering kali dilakukan dengan menggunakan karakteristik morfologi maupun karakter anatomi yang dimiliki organisme tanaman. Dalam hal ini, karakterisasi berdasarkan penanda morfologi atau penanda anatomi biasanya dipengaruhi oleh lingkungan makro dan mikro, serta dipengaruhi juga oleh umur tanaman (Dwiatmini *et al.*, 2003). Hal ini mengakibatkan karakter yang dimiliki menjadi sangat bervariasi. Berdasarkan kelemahan karakter morfologi maupun karakter anatomi inilah menjadi alasan karakter molekuler (DNA, RNA, dan protein) dipilih dapat memberikan gambaran hubungan kekerabatan yang lebih akurat dan relatif lebih konsisten (Moritz dan Hillis, 1996) karena DNA sebagai materi genetik tidak dipengaruhi oleh kondisi lingkungan. Menurut Hidayat dan Pancoro (2008), perubahan basa nukleotida pada proses evolusi terus terjadi seiring berjalannya waktu, sehingga akan dapat diperkirakan kecepatan evolusi yang terjadi dan hubungan evolusi yang dimiliki oleh satu kelompok organisme dengan kelompok lainnya dapat direkonstruksi. Pesatnya perkembangan bidang biologi molekuler juga mendukung peneliti dalam memanfaatkan DNA untuk menghasilkan informasi yang lebih akurat dibandingkan dengan menggunakan karakter morfologi atau karakter anatomi dari suatu tanaman.

Dwi Surya Atie, 2018

**ANALISIS FILOGENETIK MOLEKULER KULTIVAR PISANG (*Musa spp.*) DI BALI MENGGUNAKAN SEKUEN DNA DAERAH INTERNAL TRANSCRIBED SPACER (ITS) 2**

Universitas Pendidikan Indonesia | repository.upi.edu | perpustakaan.upi.edu

Hubungan kekerabatan filogenetik dari suatu kelompok organisme tanaman dapat diketahui dengan menggunakan karakter molekuler yang dimiliki. DNA sebagai materi genetik, merupakan karakter molekuler yang mengkode karakter organisme. DNA menyediakan informasi yang banyak dan beragam serta memiliki tingkat akurasi yang tinggi. Beberapa sifat dari DNA itulah yang menyebabkan DNA lebih sesuai digunakan untuk menghasilkan pola hubungan kekerabatan. Salah satu diantaranya penanda molekuler yang populer digunakan adalah variasi sekuen DNA daerah *Internal Transcribed Spacer* (ITS).

Beberapa tahun ke belakang, daerah ITS populer dan sering digunakan oleh para ahli untuk melakukan analisis filogenetik molekuler pada tumbuhan (Hidayat *et al.*, 2008). Hal ini dikarenakan daerah ITS memiliki ukuran yang kecil (kurang lebih berukuran 700 pasang basa), letaknya yang berulang – ulang di sepanjang DNA genom, dan memiliki salinan yang banyak di dalam genom inti. Hal ini menyebabkan daerah ITS menjadi mudah untuk diisolasi, diamplifikasi dan dianalisis sebagai data penelitian. Sekuen DNA daerah ITS juga mudah mengalami mutasi sehingga dapat digunakan dalam membantu menentukan pola hubungan kekerabatan yang terbentuk berdasarkan variasi sekuen (Baldwin *et al.*, 1995).

Variasi sekuen DNA daerah ITS ini dapat digunakan dalam meneliti hubungan kekerabatan pisang yang ada di Indonesia, khususnya di Bali sebagai salah satu wilayah pusat produksi tanaman pisang. Penelitian hubungan kekerabatan pisang berdasarkan penanda DNA relatif masih belum banyak dilakukan, padahal pulau Bali memiliki tingkat keragaman pisang yang tinggi dengan pemanfaatannya yang luas dan beragam (Firdausi *et al.*, 2015). Oleh karena itu, telah dilakukan analisis kekerabatan pisang (*Musa spp.*) di Bali menggunakan sekuen DNA daerah ITS.

## **B. Rumusan Masalah**

Berdasarkan latar belakang yang telah dipaparkan sebelumnya, rumusan masalah dalam penelitian ini adalah bagaimana hubungan filogenetik antar kultivar pisang (*Musa spp.*) di Bali menggunakan sekuen DNA daerah 5.8S, daerah ITS-2, dan gabungan daerah 5.8S dan ITS 2?

### C. Batasan Masalah

Batasan masalah yang ditentukan dalam penelitian yang akan dilaksanakan adalah sebagai berikut :

1. Sampel yang diambil adalah berbagai kultivar pisang yang ada di beberapa daerah di Bali (Gianyar, Denpasar, dan Karangasem, Klungkung, Buleleng, dan Jembrana). Sampel tanaman pisang Bali yang digunakan sebanyak 27 sekuen sampel sebagai *ingroup* dan 2 individu sekuen sampel *Ensete spp.* sebagai *outgroup*.
2. Metode analisis filogenetik yang digunakan menggunakan data gabungan sekuens DNA daerah 5.8S dan *Internal Transcribed Spacer (ITS) 2*.
3. Primer ITS - 5 dan ITS - 4 digunakan sebagai primer *forward* dan primer *reversed* dalam mengamplifikasi sekuens DNA daerah *Internal Transcribed Spacer (ITS)*.

### D. Tujuan Penelitian

Tujuan dari penelitian ini adalah :

1. Mengetahui variasi urutan sekuen DNA daerah ITS pada pisang khususnya yang ada di Bali menggunakan analisis bioinformatika.
2. Mengetahui hubungan kekerabatan pisang khususnya yang ada di Bali menggunakan sekuens DNA daerah *Internal Transcribed Spacer (ITS) 2*.

### E. Manfaat Penelitian

Hasil dari penelitian ini diharapkan memiliki beberapa manfaat dalam bidang keilmuan adalah :

1. Memberikan kontribusi dalam perkembangan sistem klasifikasi tanaman pisang menggunakan sekuens DNA daerah 5.8S dan daerah ITS – 2, khususnya yang ada di daerah Bali.
2. Menjadi informasi dasar yang mendukung dalam upaya pemuliaan tanaman pisang berdasarkan hubungan kekerabatan yang paling dekat.

### F. Struktur Organisasi

Secara umum, gambaran tentang isi dari skripsi ini dapat dilihat dalam struktur organisasi penulisan skripsi berikut ini.

Dwi Surya Atie, 2018

**ANALISIS FILOGENETIK MOLEKULER KULTIVAR PISANG (*Musa spp.*) DI BALI MENGGUNAKAN SEKUEN DNA DAERAH INTERNAL TRANSCRIBED SPACER (ITS) 2**

Universitas Pendidikan Indonesia | repository.upi.edu | perpustakaan.upi.edu

## 1. Bab I Pendahuluan

Pada Bab I, dijelaskan mengenai apa masalah yang menjadi latar belakang dilakukannya penelitian ini, kemudian dijelaskan pula rumusan masalah serta batasannya. Selain itu dijelaskan pula tujuan dan manfaat dari penelitian ini.

## 2. Bab II Kajian Pustaka

Pada Bab II, dipaparkan teori – teori yang relevan dan digunakan dalam penelitian ini. Pertama penjelasan mengenai taksonomi dan biosistematika. Kedua, penjelasan mengenai analisis filogenetik molekuler. Ketiga, dijelaskan mengenai DNA *Barcoding*. Keempat, dijelaskan mengenai botani tanaman pisang yang berisi penjelasan mengenai klasifikasi, morfologi, penyebaran, kandungan gizi dan pemanfaatan tanaman pisang.

## 3. Bab III Metode Penelitian

Pada Bab III, dijelaskan metode penelitian yang digunakan secara terperinci. Adapun sub – bab yang dijelaskan mengenai jenis penelitian, populasi dan sampel, waktu dan lokasi penelitian, alat dan bahan, prosedur penelitian, teknik analisis data dan alur penelitian yang dilakukan

## 4. Bab IV Temuan dan Pembahasan

Pada Bab IV, dikemukakan tentang temuan penelitian dan pembahasan yang dikembangkan dari temuan penelitian. Perolehan data didapatkan melalui prosedur penelitian yang terdapat pada Bab III. Data tersebut kemudian dianalisis dan dikaitkan dengan teori – teori yang ada pada Bab II.

## 5. Bab V Simpulan, Implikasi dan Rekomendasi

Pada Bab V, dipaparkan kesimpulan dari hasil analisis penelitianm implikasi, serta rekomendasi penulis sebagai bentuk pemaknaan terhadap temuan penelitian. Rekomendasi didasarkan pada kekurangan – kekurangan yang ditemukan pada penelitian serta upaya untuk perbaikan pada penelitian selanjutnya.