

# BAB I

## PENDAHULUAN

### A. Latar Belakang

Pisang merupakan anggota dari Familia Musaceae, yang terdiri dari tiga genus, yaitu *Ensete* Bruce ex. Horan, *Musa* L., dan *Musella* (Franchet) HW Li. Pada umumnya, pisang (*Musa* L.) dikelompokkan kedalam pisang liar berbiji yang terdiri dari 70 species, dan pisang tidak berbiji yang dapat dikonsumsi yang terdiri dari 500 kultivar (Sulistyaningsih *et al.*, 2014). Menurut Simmond (1966) Indonesia merupakan pusat dari asal pisang dan juga keragamannya. Sebanyak 325 kultivar tercatat ditemukan di Indonesia, sementara itu hanya 12 species pisang yang telah didokumentasikan. Kultivar pisang diduga berasal dari hasil domestikasi species pisang liar yaitu *Musa acuminata* dan atau *Musa balbisiana* (Li *et al.*, 2010).

Pisang merupakan salah satu tanaman yang menjadi salah satu komoditas pertanian utama di negara-negara berkembang, dan digemari oleh masyarakat karena buah pisang kaya akan sumber vitamin dan karbohidrat (Kasrina, 2013). Indonesia merupakan salah satu Negara yang menjadikan tanaman pisang sebagai komoditas pertanian utama yang tercatat sebagai negara produsen pisang ranking ke enam di dunia, setelah Belgia, Amerika Serikat, Jerman, dan Perancis (Bayu *et al.*, 2015). Berdasarkan data dari litbang pertanian pada tahun 2003 menyebutkan bahwa terdapat lebih dari 200 jenis pisang yang tersebar di seluruh pulau di Indonesia. Bali adalah salah satu pulau yang memiliki keanekaragaman pisang di Indonesia (Suparja, 2003). Walaupun keanekaragaman pisang di Bali tinggi dan pemanfaatannya yang beragam, namun belum banyak yang mengetahui hubungan kekerabatan pisang yang ada di Bali.

Metode yang sering digunakan untuk membantu mempelajari dan memahami sistematika dalam keanekaragaman makhluk hidup, dalam hal ini adalah tumbuhan yaitu dengan melalui rekonstruksi hubungan kekerabatan filogenetik. Sistem klasifikasi secara filogenetik merupakan suatu sistem yang mengelompokkan makhluk hidup dilihat dari proses perjalanan evolusi. Semakin banyak persamaan ciri yang dimiliki dari setiap kelompok, maka kelompok tersebut dianggap berkerabat dekat dan berasal dari satu nenek moyang yang sama. Mempelajari

hubungan kekerabatan filogenetik merupakan hal yang sangat penting, karena hubungan kekerabatan filogenetik dapat menyediakan informasi penting untuk pemanfaatan sumber daya genetik dan koleksi yang selanjutnya digunakan untuk meningkatkan kualitas suatu tanaman (Li *et al.*, 2010). Kegiatan pemuliaan tanaman akan mudah dilakukan dan diharapkan mampu mendapatkan varietas unggul yang memiliki produktivitas tinggi, mutu baik, umur genjah, tahan terhadap hama penyakit tertentu dan toleran terhadap cekaman lingkungan (Bayu *et al.*, 2015).

Menentukan kekerabatan pada tanaman dapat menggunakan karakteristik morfologi, seperti karakteristik dari buah, bunga, daun, batang, dan akar, namun dengan menggunakan karakteristik morfologi pada saat ini dirasa kurang tepat dan akurat karena karakter morfologi suatu tanaman memiliki variasi yang beragam dan dapat berubah tergantung kondisi dari lingkungan. Bervariasinya karakter morfologi tanaman yang diakibatkan oleh kondisi lingkungan yang berbeda-beda disebut sebagai plastisitas fenotip, hal tersebut merupakan cara dari suatu tanaman untuk beradaptasi dan mengatasi masalah yang ditimbulkan dari dampak kondisi lingkungan yang bervariasi (Gratani, 2014). Menurut Hidayat dan Pancoro (2008) data yang tepat dan akurat yang digunakan untuk studi mengenai filogenetika adalah DNA, karena seiring dengan pesatnya perkembangan biologi molekuler, DNA juga menghasilkan informasi yang lebih akurat. Dengan mengetahui hubungan kekerabatan dari suatu organisme jika dibandingkan dengan menggunakan data morfologi dari suatu tanaman.

Hubungan filogenetik atau kekerabatan filogenetik dari suatu keragaman pada suatu organisme dapat diketahui menggunakan karakter molekuler dari organisme tersebut, karena penanda molekuler sangat berkaitan dengan materi genetik, tingkat akurasi pada penanda molekuler lebih sesuai untuk menghasilkan pola kekerabatan. salah satu penanda molekuler yang sering digunakan adalah variasi urutan basa DNA daerah *Internal Transcribed Spacer* (ITS).

Daerah *Internal Transcribed Spacer* (ITS) yang diselingi oleh gen rRNA telah banyak disekuensing dan diketahui urutan basa nitrogennya secara luas (Tippery dan Les, 2008). Daerah ITS sering digunakan oleh para peneliti untuk membantu memahami keanekaragaman dan memecahkan masalah pada studi

filogenetika. Alasan para peneliti menggunakan daerah ITS adalah karena daerah ITS berukuran kecil (memiliki kurang lebih 700 pasang basa), salinannya banyak terdapat di genom inti (Hidayat *et al.*, 2008) dan penyebarannya tinggi sehingga mudah ditangani. Keunggulan lain yang dimiliki oleh daerah ITS untuk analisis filogenetik, adalah letaknya yang berulang-ulang di sepanjang DNA genom, dan mudah mengalami mutasi sehingga dapat membantu menentukan pola kekerabatan yang terbentuk. Karena daerah ITS mudah mengalami mutasi, maka variasi sekuen dapat terlihat (Baldwin *et al.*, 1995).

Penanda molekuler DNA pada daerah ITS ini dapat digunakan dalam meneliti hubungan kekerabatan pisang (*Musa spp.*). Hal ini disebabkan karena penelitian mengenai kekerabatan pisang (*Musa spp.*), khususnya di Bali menggunakan penanda molekuler ITS masih belum banyak dilakukan, padahal penyebaran dan manfaatnya yang beragam di Bali cukup tinggi. Berdasarkan hal-hal tersebut, maka dalam penelitian ini telah dilakukan analisis kekerabatan pisang (*Musa spp.*) di Bali menggunakan penanda molekuler DNA daerah ITS.

## **B. Rumusan Masalah**

Berdasarkan latar belakang penelitian, maka rumusan masalah pada penelitian ini adalah bagaimana kekerabatan filogenetik kultivar pisang (*Musa spp.*) di Bali menggunakan sikuens DNA daerah ITS-1, 5.8S rRNA, serta gabungan dari ITS-1 dan 5.8S rRNA?

## **C. Batasan Masalah**

Batasan masalah pada penelitian ini adalah:

1. Sampel yang digunakan dalam penelitian ini sebanyak 27 sampel *Musa spp.* dari 21 kultivar dari Bali sebagai *ingroup* dan dua sampel dari genus *Ensete* sebagai *outgroup*. Sampel berasal dari daerah Gianyar, Denpasar, dan Karangasem, Klungkung, Buleleng, dan Jembrana
2. Metode analisis filogenetik yang digunakan untuk analisis kekerabatan berdasarkan sikuens DNA daerah *Internal Transcribed Spacer* (ITS)

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

#### **D. Tujuan Penelitian**

Tujuan dari penelitian ini adalah:

1. Mengetahui variasi urutan DNA daerah ITS pada kultivar pisang (*Musa spp.*) menggunakan analisis bioinformatika dengan memanfaatkan data sikuens gen RNA ribosom daerah ITS
2. Menganalisis hubungan kekerabatan kultivar pisang di Bali berdasarkan sikuens daerah ITS-1, 5.8S rRNA, dan gabungan dari ITS-1 dan 5.8S rRNA

#### **E. Manfaat Penelitian**

Manfaat dari penelitian ini adalah :

1. Sebagai informasi awal mengenai sistem klasifikasi berbasis DNA bagi kekerabatan pisang (*Musa spp.*) di Bali
2. Sebagai penelitian awal bagi penelitian lanjutan yang bertujuan untuk mencari bibit unggul tanaman pisang (*Musa spp.*) berdasarkan hubungan kekerabatan yang paling dekat
3. Mengetahui kekerabatan species pisang yang ada di Bali guna menciptakan kultivar baru tanaman pisang

#### **F. Struktur Organisasi**

Untuk dapat mengetahui gambaran tentang isi dari skripsi ini, secara umum dapat dilihat dalam struktur organisasi penulisan skripsi berikut ini. Sistematika penulisan yang digunakan dalam penulisan skripsi ini mengacu pada pedoman karya tulis ilmiah Universitas Pendidikan Indonesia (UPI) tahun 2017. Struktur organisasi penulisan skripsi yang digunakan adalah sebagai berikut :

1. Bab I Pendahuluan

Bab I menjelaskan apa yang menjadi latar belakang dilakukannya penelitian ini, selain itu rumusan masalah dan batasan masalah juga dicantumkan pada bab ini. Tujuan dan manfaat dari penelitian ini juga dijelaskan pada bab ini.

2. Bab II Kajian teori

Bab II berisi mengenai teori-teori yang sesuai dan digunakan dalam penelitian yang dilakukan. Diawali dengan penjelasan mengenai sistem klasifikasi dan biosistemika, dilanjutkan dengan penjelasan mengenai studi filogenetika molekuler kemudian penjelasan mengenai Daerah *Internal Transcribed Spacer* dan diakhiri dengan penjelasan mengenai Botani Pisang (*Musa spp.*).

### 3. Bab III Metode Penelitian

Bab III berisi tentang penjabaran secara rinci mengenai metode yang digunakan dalam penelitian. Adapun sub bab yang dijelaskan mengenai desain penelitian, populasi dan sampel penelitian, instrument penelitian, waktu dan lokasi penelitian, prosedur penelitian dan alur penelitian.

### 4. Bab IV Temuan dan Pembahasan

Bab IV dijelaskan mengenai temuan penelitian dan pembahasan yang dikembangkan berdasarkan temuan dari penelitian yang diperoleh. Perolehan data didapat melalui desain penelitian yang terdapat dalam bab III. Kemudian data tersebut dianalisis dan dikaitkan dengan teori-teori yang dijabarkan pada bab II.

### 5. Bab V Simpulan, Implikasi dan Rekomendasi

Bab V memaparkan kesimpulan dari hasil analisis penelitian, implikasi dan rekomendasi dari penulis sebagai bentuk dari pemaknaan terhadap hasil analisis penelitian. Rekomendasi didasarkan dari kesalahan-kesalahan yang didapat dan upaya untuk perbaikan penelitian selanjutnya.

