

BAB I

PENDAHULUAN

1.1. Latar Belakang Penelitian

Indonesia merupakan negara kepulauan yang beriklim tropis. Dilihat dari segi geografis, negara Indonesia berada diposisi silang antara dua benua (Benua Asia dan Benua Australia) dan dua samudera (Samudera Hindia dan Samudera Pasifik) yang terdiri dari ±17.500 pulau. Luas wilayah Indonesia sekitar 9 juta km² (2 juta km² daratan, dan 7 juta km² lautan). Jumlah luas wilayah Indonesia tersebut sekitar 1,3% dari luas bumi dan diperkirakan memiliki 25% dari tumbuhan berbunga di dunia dengan jumlah mencapai 25.000 species, dimana 40% diantaranya merupakan tumbuhan asli Indonesia (Kusmana dan Hikmat, 2015). Indonesia dengan ribuan pulauanya menyimpan kekayaan sumber daya hayati yang sangat tinggi termasuk juga keanekaragaman jenis buah-buahan tropisnya.

Telah diketahui bahwa di Asia Tenggara terdapat 400 species buah-buahan dan 75% dari jumlah tersebut terdapat di Indonesia (329 species terdiri dari 61 familia dan 148 genus) dengan jumlah buah-buahan asli Indonesia yaitu 226 species sedangkan 103 species lainnya merupakan buah-buahan introduksi (Uji, 2007). Familia Cucurbitaceae merupakan salah satu anggota tumbuhan menjalar yang telah banyak dibudidayakan di Indonesia. Cucurbitaceae terdiri dari sekitar 98 genus dan 975 species yang sebagian besar terdistribusi pada wilayah tropis dan sub tropis. Buah pada kelompok familia Cucurbitaceae termasuk ke dalam buah pepo dengan jumlah biji yang banyak (Zhejiang, dkk. 2017). *Cucumis* merupakan salah satu genus yang *popular* dari familia ini, banyak disukai karena memiliki manfaat seperti sumber vitamin dan kaya akan mineral. Timun apel merupakan salah satu buah-buahan yang termasuk ke dalam familia Cucurbitaceae dengan genus *Cucumis* yang menjadi komoditas lokal hortikultura di Karawang, Aceh dan Jember. Berdasarkan karakter morfologi, buah tanaman timun apel memiliki bentuk seperti apel namun tekstur dan rasa daging buah mirip dengan buah melon. Menurut Sebastian dkk. (2010) tanaman timun apel diduga merupakan hasil persilangan antara mentimun dan melon secara natural di alam. Informasi ilmiah tanaman timun apel masih sangat terbatas, terutama mengenai taksonomi tanaman tersebut. Pada

penelitian sebelumnya yang dilakukan oleh Hidayat dkk. (*Accepted manuscript*) mengenai hasil analisis filogenetika timun apel menggunakan sekuen DNA daerah ITS (*Internal Transcribed Spacer*) dengan metode maksimum parsimoni, melaporkan bahwa timun apel berada pada klade yang sama dengan melon dan didukung oleh nilai bootstrap yang tinggi, hasil tersebut menunjukkan timun apel berkerabat dekat dengan melon. Namun demikian, data hasil analisis sekuen DNA daerah ITS (*Internal Transcribed Spacer*) dari timun apel tersebut dianggap masih belum cukup karena baru dianalisis menggunakan satu penanda molekuler sehingga perlu dilakukan analisis lanjutan menggunakan penanda molekuler yang lain dengan tujuan untuk menambah informasi mengenai hubungan filogenetika tanaman timun apel dengan jenis-jenis lainnya dalam familia Cucurbitaceae.

Menurut Dharmayanti (2011) filogenetika digambarkan sebagai sistem klasifikasi dari suatu organisme berdasarkan pada sejarah evolusi yang bertujuan menentukan kekerabatan suatu organisme dengan yang lain berdasarkan pada karakteristik yang dimilikinya. Analisis filogenetika pada tanaman dapat dilakukan dengan menggunakan penanda morfologi dan penanda molekuler. Menurut Suparman (2012) penggunaan penanda morfologi berdasarkan prinsip fenotip suatu individu dapat digunakan sebagai indikator untuk gen yang spesifik karena sifat-sifat yang mempengaruhi karakter morfologi dapat diturunkan. Namun demikian, penanda morfologi ini memiliki kekurangan yaitu fenotip yang muncul pada individu dapat dipengaruhi oleh lingkungan (tidak stabil). Hal ini selaras dengan penelitian sebelumnya yang dilakukan oleh Hidayat dkk. (2008) melaporkan bahwa karakter warna tumbuhan *Phyllanthus niruri* L. sangat dipengaruhi oleh lingkungan sekitar. Protein merupakan alternatif untuk digunakan sebagai penanda genetik karena protein adalah produk dari ekspresi gen. Prinsip penanda protein yaitu perbedaan alel pada gen akan menghasilkan produk yang berbeda dalam hal komposisi asam amino, contoh protein yang umum digunakan sebagai penanda genetik yaitu isozyme. Meskipun demikian, menurut Kumar (2018) penanda protein memiliki kekurangan yaitu jumlahnya sangat sedikit, seringkali produk tersebut diekspresikan pada waktu dan organ tertentu saja. Berdasarkan kekurangan penanda morfologi dan penanda protein inilah yang menjadi dasar perkembangan penanda lain yang dapat langsung mengakses ke bagian material yang

mengendalikan karakter atau ciri suatu individu (genom) dan bersifat stabil yaitu DNA. Perkembangan teknik-teknik biologi molekuler seperti amplifikasi menggunakan PCR dan sekuensing DNA menyebabkan penggunaan DNA untuk keperluan analisis filogenetika molekuler telah meningkat dengan pesat. Menurut Hidayat dan Pancoro (2008) penggunaan DNA dalam analisis filogenetika memiliki beberapa kelebihan yaitu DNA merupakan unit dasar pengkode organisme yang dapat diwariskan ke keturunannya, DNA mudah diekstraksi sehingga mudah untuk dianalisis, DNA tidak mudah terdegradasi, dan dapat menghasilkan banyak informasi yang beragam sehingga menghasilkan banyak bukti mengenai kebenaran dalam suatu hubungan filogenetika. Sumber karakter DNA dapat diperoleh dari inti (nDNA), kloroplas (cpDNA) pada tumbuhan, dan mitokondria (mtDNA).

Berbagai penanda molekuler yang telah dikembangkan untuk menganalisis filogenetika pada tumbuhan antara lain adalah *Restriction Fragment Length Polymorphism* (RFLP), *Random Amplified Polymorphic DNA* (RAPD), *Amplification Fragment Length Polymorphism* (AFLP), *Internal Transcribed Spacer* (ITS) dan *Sequence Tagged Microsatellites* (STMS) yang masing-masing mempunyai kelebihan dan kekurangan (Selvakumari, 2017). Diantara beberapa penanda molekuler tersebut, penanda *Random Amplified Polymorphic DNA* (RAPD) memiliki kelebihan yaitu efektif (cepat dalam waktu pengerjaan), efisien (*low cost*), tidak memerlukan informasi sekuen organisme yang akan dianalisis, konsentrasi DNA yang diperlukan lebih rendah daripada menggunakan penanda molekuler lain, primer RAPD mudah didapatkan karena sudah diproduksi secara komersial (Anggereini, 2008). Berdasarkan hal tersebut maka telah dilakukan penelitian mengenai analisis hubungan filogenetika tanaman timun apel berbasis metode RAPD menggunakan primer OPA 12 dan OPA 18.

1.2. Rumusan Masalah

Berdasarkan latar belakang yang telah diuraikan, permasalahan yang mendasari penelitian ini dapat dirumuskan sebagai berikut: “Bagaimana hubungan filogenetika tanaman timun apel dengan jenis-jenis lainnya dalam familia Cucurbitaceae (*Cucumis melo*, *Cucumis sativus*, *Sechium edule* dan *Cucurbita pepo*) menggunakan primer OPA 12 dan OPA 18?”

1.3. Tujuan Penelitian

Adapun tujuan dari penelitian ini yaitu menganalisis hubungan filogenetika tanaman timun apel dengan jenis-jenis lainnya dalam familia Cucurbitaceae (*Cucumis melo*, *Cucumis sativus*, *Sechium edule* dan *Cucurbita pepo*).

1.4. Batasan Masalah

Berdasarkan tujuan penelitian di atas, agar permasalahan di dalam penelitian ini berfokus pada hal yang diharapkan, maka terdapat beberapa batasan masalah meliputi :

- a. Bagian tanaman yang digunakan untuk sumber DNA adalah daun muda.
- b. Analisis hubungan filogenetika menggunakan *software* PAUP (*Phylogeny Aanalysis of Using Parsimony*) Versi 4.0 dengan metode maksimum parsimoni.

1.5. Manfaat Penelitian

Manfaat yang dapat diperoleh dari penelitian ini adalah:

- a. Memberikan informasi mengenai hubungan filogenetika tanaman timun apel dengan jenis-jenis lainnya dalam familia Cucurbitaceae (*Cucumis melo*, *Cucumis sativus*, *Sechium edule* dan *Cucurbita pepo*) berupa pohon filogenetik.
- b. Evaluasi dari pohon filogenetik dapat digunakan sebagai landasan pertimbangan kajian dalam penyusunan sistem klasifikasi tanaman timun apel.

1.6. Struktur Organisasi Skripsi

Penulisan skripsi ini mengacu pada Pedoman Penulisan Karya Ilmiah Universitas Pendidikan Indonesia (UPI) tahun 2018. Adapun struktur organisasi skripsi ini terdiri dari lima bab sebagai berikut:

a. Bab I Pendahuluan

Penulis menguraikan latar belakang masalah yang melandasi dilakukannya penelitian ini di dalam Bab I. Selain itu, terdapat rumusan, tujuan, dan manfaat dari penelitian yang dilakukan.

b. Bab II Kajian Pustaka

Bab II berisi kajian terhadap teori-teori yang relevan dan mendukung pada penelitian ini. Teori-teori yang dipaparkan dalam Bab II diantara lain mengenai

teori analisis filogenetika molekuler, teknik dasar biologi molekuler, prinsip PCR, jenis-jenis penanda molekuler yang sering digunakan.

c. Bab III Metodologi Penelitian

Pada Bab III dijelaskan secara terperinci mengenai metode penelitian yang digunakan, desain penelitian, sampel yang digunakan, prosedur penelitian dan cara analisis data.

d. Bab IV Temuan dan Pembahasan

Temuan data yang diperoleh dari hasil PCR-RAPD, dianalisis dan dibahas pada Bab IV. Pembahasan dari permasalahan dan fakta yang muncul dikaitkan dengan teori-teori relevan yang telah diuraikan pada Bab II. Temuan yang dibahas dan diuraikan secara terperinci pada Bab IV yaitu karakterisasi DNA dari hasil isolasi, hasil analisis PCR-RAPD, rekonstruksi pohon filogenetik tanaman timun apel dan evaluasi pohon filogenetik.

e. Bab V Simpulan, Implikasi, Rekomendasi

Pada Bab V, dituliskan simpulan dari hasil analisis data secara keseluruhan dengan ringkas dan jelas. Implikasi penerapan hasil penelitian ini serta rekomendasi untuk penelitian selanjutnya juga dipaparkan oleh penulis dalam Bab V.