

# BAB I

## PENDAHULUAN

### 1.1 Latar Belakang

Indonesia merupakan salah satu dari tiga negara di dunia yang memiliki keragaman hayati yang sangat tinggi. Letak Indonesia yang berada di daerah tropik menyebabkan Indonesia memiliki keanekaragaman hayati yang tinggi dibandingkan dengan daerah subtropik dan kutub (Zuhud & Haryanto, 1994). Indonesia memiliki kekayaan alam yang berlimpah, di antaranya spesies tumbuhan. Sebanyak 40.000 jenis flora yang tumbuh di dunia, dan 30.000 jenis tumbuhan berbunga yang sebagian besar tumbuh liar di hutan belantara ditemukan di berbagai wilayah di Indonesia. Saat ini baru sekitar 4.000 jenis saja yang diketahui telah dimanfaatkan langsung oleh penduduk dan hanya sekitar 25% yang telah dibudidayakan (Sastrapradja & Rifai, 1972; Uji, 2007; Syukur & Hernani, 2002).

Keragaman hayati yang tinggi di Indonesia juga meliputi keaneka-ragaman jenis buah-buahan tropisnya. Tidak kurang dari 392 jenis buah-buahan terdapat di Indonesia. Dari jumlah tersebut hanya sebagian kecil saja yang telah dibudidayakan dan sebagian besarnya masih tumbuh liar (Soedjito & Uji, 1987). Kekayaan keragaman jenis buah-buahan yang besar ini perlu diberdayakan untuk memenuhi kebutuhan pangan khususnya buah-buahan.

Timun apel merupakan salah satu komoditas lokal hortikultura yang banyak dibudidayakan di Karawang bagian utara, tepatnya di daerah Pakis Jaya (Bayfurqon et al., 2019). Tanaman timun apel diduga merupakan persilangan antara mentimun dan melon (belum adanya laporan tentang ini) dan kemungkinan berasal dari China (Sebastian et al., 2010; Zhang et al., 2012). Penelitian Hidayat et al. (*accepted manuscript*) bertujuan menjelaskan hubungan filogenetik antara tanaman timun apel dengan spesies lain dari famili Cucurbitaceae dengan menggunakan variasi urutan DNA di daerah *Internal Transcribed Spacer* (ITS) dari inti ribosomal DNA (rDNA). Analisis filogenetika dilakukan berdasarkan metode parsimoni menggunakan *Begonia* sebagai *outgroup*-nya. Berdasarkan penelitian tersebut, timun apel berada pada *clade* yang sama dengan melon (*Cucumis melo*) dengan nilai *bootstrap* 100%, meskipun secara karakter

morfologi pada buahnya, timun apel berbeda dengan melon. Namun, bukti tersebut masih belum cukup untuk mendapatkan simpulan tentang status taksonomi tanaman timun apel sehingga perlu adanya analisis mengenai penelitian ini yaitu dengan menggunakan metode PCR-RAPD.

Metode PCR-RAPD merupakan kombinasi teknik PCR menggunakan primer-primer dengan sekuens acak untuk keperluan amplifikasi lokus acak dari genom (Rafalski et al., 1991). Penanda RAPD dapat mendeteksi keragaman dan mengelompokkan keragaman berdasarkan pola pita DNA yang dapat menunjukkan ada atau tidak adanya segmen kromosom pembawa gen atau alel yang diinginkan (Paterson, 1991). Fragmen DNA hasil amplifikasi PCR-RAPD diskor dengan ketentuan “1” jika terdapat pita dan “0” untuk jika tidak terdapat pita, data tersebut kemudian dibuat matriks biner untuk analisis selanjutnya (Cheng et al., 1997). Penanda RAPD dapat digunakan untuk genetika populasi (Medri et al., 2011; Li & Ge, 2006), pemetaan genetik (Sondur et al., 1996), filogenetik, dan *marker-assisted selection*. Metode ini mempunyai keunggulan pada kesederhanaan tekniknya dan cepat pengerjaannya (Hu & Quiros, 1991), sehingga RAPD layak digunakan dalam suatu analisis yang menggunakan jumlah sampel cukup besar dan dimanfaatkan dalam genetika populasi, upaya pemuliaan tanaman, dan studi biodiversitas (Rafalski et al., 1991; Waugh & Powell, 1992; Yang & Quiros, 1993).

Analisis filogenetika molekuler merupakan proses yang tahapan untuk mengolah data molekuler (sekuens DNA atau protein) sehingga diperoleh suatu hasil yang menggambarkan estimasi mengenai hubungan evolusi suatu kelompok organisme. Dalam analisis filogenetika molekuler, karakter DNA seringkali dipilih dan digunakan karena diketahui karakter DNA relatif lebih konsisten dibandingkan dengan karakter morfologi atau karakter lainnya yang dapat berubah akibat pengaruh faktor tertentu yang ada di sekitarnya (Hidayat & Pancoro, 2008). Filogenetika digunakan untuk merepresentasikan sekitar hubungan nenek moyang organisme dengan keturunannya (Dharmayanti, 2011). Menurut Schmidt (2003), kesamaan karakter yang dimiliki merupakan dasar dalam menganalisis hubungan kekerabatan antar-spesies. Analisis filogenetika biasanya direpresentasikan sebagai sistem percabangan, seperti diagram pohon yang dikenal sebagai pohon

filogenetik (Brinkman & Leipe, 2001). Dalam analisis filogenetika, pohon filogenetik dikonstruksi berdasarkan karakter yang dimiliki oleh masing-masing anggota kelompok organisme yang diuji. Anggota-anggota yang berasal dari sebuah kelompok organisme yang dianggap memiliki hubungan yang dekat, jika masing-masing anggota kelompok tersebut memiliki banyak kesamaan karakter atau ciri yang dimiliki dan diperkirakan berasal dari satu nenek moyang yang sama, sehingga dapat diasumsikan bahwa semua anggotanya membawa sifat atau pola genetik dan/ atau biokimia yang sama (Hidayat & Pancoro, 2008).

## **1.2 Rumusan Masalah**

Berdasarkan latar belakang yang telah diuraikan sebelumnya, maka rumusan masalahnya adalah: Bagaimana hubungan filogenetik tanaman timun apel menggunakan penanda RAPD?

## **1.3 Tujuan Penelitian**

Tujuan dari penelitian ini adalah untuk menguji hasil analisis filogenetika menggunakan maksimum parsimoni pada tanaman timun apel.

## **1.4 Batasan Masalah**

Batasan masalah pada penelitian ini adalah sebagai berikut.

- a. Primer yang digunakan dalam RAPD adalah primer hasil seleksi yang dapat menghasilkan banyak pita.
- b. Sampel tanaman timun apel diambil dari daerah Pakis Jaya, Karawang.
- c. Bagian tanaman yang digunakan sebagai sumber DNA adalah daun muda.

## **1.5 Manfaat Penelitian**

Dengan dilaksanakannya penelitian ini, diperoleh beberapa manfaat:

- a. Memberikan informasi mengenai hubungan filogenetik tanaman timun apel.
- b. Menghasilkan data molekuler yaitu berupa pohon filogenetik dan klasifikasi timun apel yang bermanfaat bagi pengembang sumber plasma nutfah yang ada di Indonesia.

## **1.6 Struktur Organisasi Skripsi**

Penulisan skripsi mengacu pada Pedoman Karya Tulis Ilmiah UPI tahun 2018. Struktur organisasi skripsi ini terdiri dari lima bab sebagai berikut. Skripsi

ini terdiri atas lima bab yang disajikan secara berurutan. Dalam bagian pendahuluan diuraikan latar belakang penelitian, rumusan masalah, tujuan, batasan masalah, manfaat hasil penelitian dan struktur organisasi skripsi. Tinjauan pustaka (bab II) berisi kajian literatur tentang teori-teori yang relevan yang mendukung penelitian termasuk filogenetika, penanda DNA diantaranya RAPD, teknik dasar molekuler, dan botani timun apel. Dalam bagian metode penelitian dipaparkan mengenai metode yang digunakan dalam penelitian ini mulai dari jenis penelitian, sampel yang digunakan, waktu dan lokasi penelitian, alat dan bahan yang digunakan, serta tahapan-tahapan langkah kerja yang dilakukan seperti tahap persiapan, tahap penelitian, hingga analisis data. Data yang diperoleh dari hasil penelitian dipaparkan dalam bab IV. Dalam bab ini berisikan gambar hasil penelitian, tabel, visualisasi, serta hasil analisis yang telah diolah. Pembahasan dari data yang telah didapat dikaitkan dengan teori-teori yang dipaparkan dalam bab II. Pada bagian penutup diuraikan simpulan hasil analisis data yang dibuat secara ringkas dan keseluruhan. Dipaparkan pula implikasi serta rekomendasi dari hasil penelitian yang telah dilakukan untuk penelitian selanjutnya.