

# BAB I

## PENDAHULUAN

### 1.1 Latar Belakang

Indonesia adalah salah satu negara yang mempunyai hutan hujan tropis terbesar di dunia, dengan keragaman hayati yang sangat tinggi baik untuk keragaman tanaman, hewan, dan biota yang lainnya. Kekayaan keragaman hayati akan menjadi sangat menguntungkan apabila keragaman tersebut mampu dieksplorasi, dimanfaatkan, dan dipertahankan melalui praktek-praktek pengelolaan yang berkesinambungan. Kekayaan keragaman hayati merupakan modal yang sangat besar untuk dimanfaatkan dalam rangka pemenuhan berbagai kebutuhan baik pangan, maupun sumber energi terbarukan. Selain itu keragaman hayati juga merupakan modal dasar untuk merakit varietas / kultivar unggul. Menurut Hermanto, *et al.* (2013) pada tahun 1999 jumlah spesies tumbuhan di Indonesia mencapai 8.000 spesies yang sudah teridentifikasi dan jumlah spesies hewan mencapai 2.215 spesies. Keanekaragaman hayati Indonesia tidak hanya sebatas pada keanekaragaman fauna saja, akan tetapi keanekaragaman flora pada buah-buahan di Indonesia juga termasuk dalam kategori cukup tinggi.

Telah diketahui bahwa di Asia Tenggara terdapat 400 species buah-buahan dan 75% dari jumlah tersebut terdapat di Indonesia (329 species terdiri dari 61 suku dan 148 marga) dengan species asli Indonesia yaitu 226 species dan 103 species sisanya merupakan buah-buahan introduksi (Dodo, 2015). Kelompok familia Cucurbitaceae merupakan kelompok yang banyak memainkan peranan penting sebagai komoditas utama di Indonesia. Familia Cucurbitaceae adalah familia tanaman berbunga yang terdiri dari sekitar 98 genera dengan sekitar 975 spesies, sebagian besar didistribusikan di daerah tropis dan subtropis. Buah pada kelompok familia Cucurbitaceae biasanya disebut pepo dan memiliki biji yang banyak. (L. Chang, 2017). Dari 98 genus pada familia Cucurbitaceae yang paling banyak disukai adalah genus Cucumis. Cucumis adalah genus yang paling populer pada familia ini karena memiliki manfaat yang banyak disukai oleh masyarakat, seperti sumber vitamin dan kaya akan mineral, seperti *Cucumis sativus* (mentimun) dan *Cucumis melo* (melon). Salah satu spesies baru yang

belum banyak dikembangkan pada familia Cucurbitaceae adalah spesies Timun Apel. Timun Apel memiliki bentuk seperti apel dan rasa seperti melon (Chang, 2017).

Pengembangan buah lokal menjadi salah satu upaya yang dapat dilakukan untuk mendorong program diversifikasi pangan sehingga dapat terciptanya ketahanan pangan. Terdapat banyak komoditas unggulan yang dapat dikembangkan di setiap daerahnya. Kabupaten Karawang terkenal dengan lumbung padinya, namun terdapat beberapa komoditas hortikultura yang dapat menjadi komoditas unggulan selain padi. Timun apel merupakan salah satu komoditas lokal hortikultura yang banyak dibudidayakan di Karawang bagian utara yaitu tepatnya di daerah Pakis Jaya. Baru-baru ini orang-orang di Indonesia dikejutkan oleh kehadiran buah tropis “pendatang baru”, yaitu Apple Cucumber, terutama di Aceh, dan baru-baru ini tanaman ini telah menyebar di Karawang, Jember dan daerah lain. Hasil penelitian Saputro et al.(2018) menyebutkan bahwa berdasarkan analisis kekerabatan berdasarkan molekuler dan morfologi timun apel termasuk ke dalam spesies melon (*Cucumis melo*). Bentuk buah timun apel itu seperti apel tetapi memiliki rasa seperti buah melon (*Cucumis melo*). Namun, sejauh ini belum ada penelitian yang dilakukan untuk mengatasi masalah filogenetik dan taksonomi tanaman timun apel. Informasi ilmiah mengenai timun apel masih sangat terbatas. Oleh karenanya untuk mendapatkan informasi tersebut menggunakan berupa metode identifikasi molekuler.

Pada penelitian Dewi Retnaningati. (2017) bertujuan menjelaskan filogenetik intraspesies melon (*Cucumis melo*) berdasarkan DNA *barcode* dengan menggunakan gen *matK* menghasilkan bahwa penggunaan DNA *barcode* mampu membedakan variasi intraspesies pada tanaman melon, namun hasil yang didapatkan belum maksimal sehingga perlu menggunakan marka-marka selain *matK*. Penelitian Hidayat et al. (2020) 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 filogenetik dilakukan berdasarkan metode parsimoni menggunakan *Begonia* sebagai *outgroup*-nya. Berdasarkan penelitian tersebut, timun apel berada pada *clade*

yang sama dengan melon 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 kembali mengenai penelitian ini yaitu dengan menggunakan kode batang DNA.

Salah satu masalah besar yang menjadi perhatian dalam informasi molekular dalam aspek taksonomi biologi adalah bagaimana cara terbaik dalam pembacaan DNA *barcode*. Terdapat dua tujuan utama dimana DNA *barcode* diterapkan, tujuan pertama adalah untuk membedakan antar spesies makhluk hidup dan tujuan kedua adalah penggunaan data DNA untuk menemukan spesies baru (DeSalle *et al.*, 2005). DNA *barcoding* merupakan teknik dalam mengidentifikasi spesies dengan menggunakan sekuen DNA dari sebagian kecil genom, dengan tujuan berkontribusi pada berbagai studi ekologi dan konservasi (Lahaye *et al.* 2008). Identifikasi secara molekuler melalui DNA *barcoding* memberikan alternatif identifikasi tanaman yang cepat, akurat, dan tidak ambigu dalam proses identifikasinya (Virgilio *et al.* 2012). Identifikasi tanaman dengan DNA *barcoding* memerlukan jumlah sampel yang sedikit dan pada prinsipnya DNA dapat diambil dari bagian tanaman apa saja.

Kode batang DNA dan aplikasinya oleh para ilmuwan saat ini tengah memikirkan cara memberi kode suatu organisme hidup dengan sistem kode batang hitam putih seperti kode batang pada produk buatan. Pada produk buatan jauh lebih mudah memberi kode angka karena produk tidak akan berubah dan selalu terdaftar pada instansi yang berwenang. Lain halnya dengan makhluk hidup yang selalu berkembang biak dan terjadi perkawinan, sehingga individu satu akan berbeda dengan individu lainnya walaupun masih berada di dalam satu spesies (Tasliyah, 2014).

Kode batang DNA memiliki kemampuan memecahkan beberapa permasalahan seperti membedakan antara spesies yang memiliki kemiripan morfologi, mengidentifikasi potongan atau serpihan dari suatu spesies, mengidentifikasi spesies untuk semua tahap kehidupan, dapat memudahkan akses untuk mengetahui suatu jenis tanaman atau hewan yang ada di sekitar mereka, dan dapat memberi banyak informasi

diantaranya mengenai penataan genetik populasi, hubungan kekerabatan dan penyebab hilangnya keanekaragaman genetik pada satu spesies.

Hebert *et al.* (2007) mengusulkan Kode batang DNA sekuen pendek yang tepat, cepat dan akurat sebagai sekuen identifikasi spesies. DNA dapat diambil dari DNA mitokondria yang dimiliki oleh semua spesies. DNA *Barcode* dapat memberikan kontribusi yang kuat untuk penelitian taksonomi dan keanekaragaman hayati. (Hollingsworth *et al.*, 2009). Region *barcode* yang sering digunakan pada tumbuhan dan berprospek *barcoding* adalah *Internal Transcribed Spacer* (ITS). Region ITS dipilih karena memiliki tingkat keberhasilan tinggi dalam amplifikasi *Polymerase Chain Reaction* (PCR) (Tehen, Parveen, Pan, & Khan, 2014). Daerah ITS (*Internal Transcribed Spacer*) telah berhasil digunakan untuk mengatasi masalah filogenetik di banyak familia tanaman (Suetsugu *et al.*, 2018). Daerah ITS yang digunakan memiliki ukuran yang kecil (kurang dari 700 pasang basa) dan *tandem repeat array*, sehingga mudah ditangani (Baldwin *et al.* 1995).

*Internal Transcribed Spacer* merupakan salah satu penanda molekuler DNA yang sering digunakan oleh para ahli untuk menganalisis kekerabatan pada tumbuhan, baik tumbuhan tingkat tinggi maupun tumbuhan rendah (Schoch *et al.*, 2012). Teknik identifikasi molekuler yang mudah dipahami oleh para peneliti untuk fungi yaitu menggunakan analisis rDNA. DNA ribosomal (rDNA) adalah daerah penyandi genom untuk komponen RNA ribosom, yang terdapat daerah konservatif yaitu gen penyandi rDNA 18S, 5.8S dan 28S yang diantaranya terdapat daerah *Internal Transcribed Spacer* (Gomes *et al.*, 2002). Sekuen rDNA region ITS memiliki variasi sekuen relatif tinggi pada gen rDNA tiap spesies, sehingga sangat baik digunakan untuk identifikasi tingkat genus hingga spesies (Buchan *et al.*, 2002).

Identifikasi secara molekuler melalui DNA *barcoding* memberikan alternatif identifikasi tanaman yang cepat, akurat, dan tidak ambigu dalam proses identifikasinya (Virgilio *et al.* 2012). Pada penelitian ini merupakan penelitian lanjutan dari penelitian sebelumnya yang dilakukan oleh Hidayat *et al.* (2020) untuk mendapatkan motif sekuen yang selanjutnya dikembangkan menjadi kode batang DNA. Berdasarkan hal

tersebut telah dilakukan penelitian mengenai kajian analisis kode batang DNA pada daerah *Internal Transcribed Spacer* pada tanaman timun apel.

### **1.2 Rumusan Masalah**

Berdasarkan hal-hal yang telah diuraikan di atas, pada penelitian ini dirumuskan permasalahan sebagai berikut :

Bagaimanakah motif sekuen DNA daerah *Internal Transcribed Spacer* untuk selanjutnya dikembangkan menjadi kode batang DNA pada tanaman timun apel?

### **1.3 Tujuan Penelitian**

Berdasarkan rumusan masalah di atas, tujuan umum dari penelitian ini adalah untuk menganalisis motif sekuen DNA pada tanaman timun apel untuk dikembangkan menjadi kode batang DNA

### **1.4 Manfaat Penelitian**

Dengan dilaksanakannya penelitian ini, akan diperoleh beberapa manfaat:

- a. Memberikan sumber referensi penelitian lanjutan tentang kode batang DNA.
- b. Memberikan informasi motif sekuen untuk membantu mengidentifikasi secara cepat dalam mengenal suatu spesies dengan mengenal informasi dari suatu spesies tersebut.