

BAB I

PENDAHULUAN

1.1 Latar Belakang

Indonesia memiliki ciri khas sebagai negara megabiodiversitas dunia yaitu negara dengan keanekaragaman hayati yang sangat tinggi. Keanekaragaman hayati adalah ketersediaan keanekaragaman sumber daya hayati berupa spesies maupun kekayaan plasma nutfah termasuk keanekaragaman genetik di dalam spesies, keanekaragaman antara spesies, dan keanekaragaman ekosistem (Sudarsono dkk., 2005). Letak geografis Indonesia yang berada di garis khatulistiwa menyebabkan tingginya keanekaragaman flora dan fauna tersebut, tepatnya Indonesia berada diantara dua benua yaitu Asia dan Australia, yang menyebabkan adanya ciri dan karakteristik tertentu pada sumber daya hutannya yang berupa hutan hujan tropis (Nandika, 2005).

Keanekaragaman gen adalah segala perbedaan yang ditemui pada makhluk hidup dalam satu spesies (Indrawan dkk., 2007). Pengetahuan tentang keanekaragaman genetik sangat penting karena akan memberikan suatu informasi dasar dalam pengembangan tanaman selanjutnya. Tingkat keanekaragaman yang tinggi menyimpan potensi keanekaragaman genetik yang tinggi pula. Perkembangan ilmu pengetahuan mempermudah mendeteksi keanekaragaman genetik suatu individu dengan penelitian berbasis molekuler. Keanekaragaman genetik dari suatu populasi dapat terjadi karena adanya mutasi, rekombinasi, atau migrasi gen dari satu tempat ke tempat lain yang dapat dipengaruhi oleh perkawinan individu jantan dan betina. Perkawinan tersebut memengaruhi frekuensi alel dan menambah variasi genetik dalam suatu populasi (Reddy dkk., 2007).

Keanekaragaman genetik dapat dianalisis menggunakan marka morfologi dan molekuler. Analisis menggunakan marka genetik berbasis DNA menguntungkan dibandingkan dengan marka morfologi karena marka morfologi dipengaruhi oleh interaksi gen dan lingkungan (Sari, 2016). Marka molekuler berbasis DNA dapat menggambarkan keanekaragaman karakter antar individu lebih tinggi (Langga dkk., 2012). Analisis keanekaragaman genetik dengan metode PCR lebih mudah dilakukan karena tidak memerlukan hal-hal seperti enzim restriksi, hibridisasi

dengan suatu pelacak tertentu, pemindahan fragmen-fragmen DNA dari gel ke suatu membran dan dapat dilakukan terhadap jumlah sampel DNA yang sedikit (Abdelmigid, 2012). Marka molekuler yang digunakan dalam penelitian ini yaitu *Sequence-Related Amplified Polymorphism* (SRAP). SRAP dikembangkan oleh Li dan Quiros pada tahun 2001 sebagai pengembangan teknik marka yang sederhana jika dibandingkan dengan marka molekuler yang telah ada, marka yang sebelumnya sudah ada memiliki kekurangan seperti RAPD yang meskipun metode yang sederhana tetapi tidak konsisten dan output amplifikasi yang rendah. Marka SSR memiliki keunggulan dalam memproduksi sebagian penanda kodominan, namun pengembangannya mahal dan membutuhkan waktu yang panjang. AFLP memiliki kekurangan pada tahapan yang panjang seperti DNA *digestion*, ligasi, dan amplifikasi sehingga sulit untuk mengoptimalkan kondisi pada setiap langkah. SRAP merupakan marka molekuler sederhana dan efisien yang dapat digunakan untuk pembentukan peta gen, gene tagging, analisis sidik jari gen dan cDNA, serta pemetaan berdasarkan kloning, oleh karena itu SRAP sangat efektif untuk menganalisis keanekaragaman genetik (Shaye dkk., 2018). SRAP memiliki beberapa keunggulan, antara lain sistem yang sederhana, memiliki tingkat throughput yang wajar, mendekati beberapa marka kodominan, menargetkan *open reading frame* (ORFs) dan memudahkan isolasi untuk sekuensing (Zhao dkk., 2009). Dalam pengembangannya marka SRAP diuji pada tanaman kubis (*Brassica oleraceae*) oleh Li dan Quiros (2001) dan telah diuji pada *Piper betle* L. oleh Eskasalam (2019) dan Nabillah (2021) sedangkan pada penelitian ini akan diuji pada dua spesies *Piper* asing yaitu *P. aduncum* dan *P. umbellatum*.

Piper L. banyak dibudidayakan untuk berbagai kebutuhan. Spesies *Piper* yang dibudidayakan diantaranya adalah *P. betle* L. yang biasa digunakan untuk kegiatan sosial budaya masyarakat lokal (ritual, tanda penghormatan, dan lain-lainnya), bahan ramuan obat tradisional dan menyirih, sedangkan *P. nigrum* L. dibudidayakan untuk tujuan komoditas ekonomi sebagai bumbu dapur (Tjitrosoepomoe, 1994). Selain kedua spesies yang sudah biasa dibudidayakan terdapat juga spesies *Piper* asing yang ada di Indonesia seperti *P. aduncum* L. dan *P. umbellatum* L. Kedua spesies tersebut termasuk tumbuhan asing yang ada pada

kawasan Malesia. Istilah tumbuhan spesies asing secara terbatas dapat dijelaskan sebagai tumbuhan non-pribumi atau tumbuhan yang tiba di wilayah baru dengan bantuan manusia, sengaja atau tidak sengaja baik dalam satu wilayah atau pun berada di luar wilayahnya. Penelitian mengenai spesies asing masih jarang dilakukan, sehingga banyak pernyataan tentang spesies asing yang dihasilkan berdasarkan intuisi dan bukan data empiris hal tersebut terkadang salah (Simberloff, 2013). Oleh karena itu, data mengenai DNA tumbuhan spesies asing belum terdata dengan baik sehingga perlu dilakukan analisis untuk melihat keanekaragaman informasi genetik *P. aduncum* dan *P. umbellatum* dari berbagai akses.

Kawasan Malesia adalah kawasan floristik yang meliputi wilayah Indonesia, Malaysia, Singapura, Brunei Darussalam, Filipina, Papua Nugini dan Timor Leste. Wilayah kawasan ini disatukan sebagai suatu kawasan biogeografi karena memiliki kesamaan keanekaragaman tumbuhan yang spesifik. Flora yang ditemukan di daerah ini sangat bervariasi dan bernilai tinggi (LIPI, 2013). Flora yang terdapat pada kawasan Malesia salah satunya adalah Piperaceae atau keluarga sirih-sirihan. Piperaceae adalah tumbuhan yang memiliki keanekaragaman yang tinggi. Suku Piperaceae terdiri atas 5 genera dan diperkirakan mencapai sekitar 3.563 nama spesies yang valid (World Flora Online, 2023). Banyak spesies dari keluarga sirih-sirihan merupakan tanaman obat yang banyak tumbuh di seluruh Kawasan tropis dunia. Mereka juga dapat ditemukan di seluruh pulau di Indonesia, seperti di Jawa, Sumatera, Kalimantan, Sulawesi, Maluku dan Papua (Gultom dkk., 2017). Tanaman ini banyak dibudidayakan karena memiliki banyak manfaat, mereka juga merupakan tanaman yang mudah dikembangbiakkan (Zuraidah, 2015).

Penelitian ini penting untuk dilakukan karena belum terdapatnya data mengenai keanekaragaman genetik dan kekerabatan pada spesies asing *Piper* terutama pada *P. aduncum* dan *P. umbellatum* dengan menggunakan analisis SRAP. Data keanekaragaman genetik dan kekerabatan tersebut dapat dimanfaatkan untuk tujuan konservasi dan komersial di masa mendatang. Penggunaan analisis SRAP pada penelitian ini perlu dilakukan untuk mengetahui efektivitas marka molekuler tersebut pada spesies sampel *Piper* asing.

1.2 Rumusan Masalah

Berdasarkan latar belakang diatas, rumusan masalah penelitian ini adalah “Bagaimana keanekaragaman genetik dan kekerabatan spesies asing, *Piper aduncum* L. dan *Piper umbellatum* L. berdasarkan analisis *Sequenced-Related Amplified Polymorphism*?”

1.3 Pertanyaan Penelitian

Pertanyaan penelitian yang ingin diketahui sebagai hasil dari penelitian ini adalah:

1. Bagaimana keanekaragaman genetik dan kekerabatan dalam spesies *P. aduncum* dan *P. umbellatum* sebagai spesies *Piper* asing?
2. Apakah penggunaan marka SRAP efektif untuk mengetahui keanekaragaman gen dan kekerabatan spesies *Piper* asing, *P. aduncum* dan *P. umbellatum*?

1.4 Batasan Masalah

Agar permasalahan dalam penelitian ini berfokus pada hasil yang diharapkan, maka batasan masalah dari penelitian ini adalah sebagai berikut:

1. Jumlah sampel spesies *Piper* yang digunakan berjumlah 20 aksesori yang terdiri dari dua spesies spesifik yaitu *P. aduncum* dan *P. umbellatum* yang diambil dari berbagai wilayah di kawasan Malesia.
2. Primer yang digunakan dalam penelitian ini berjumlah 10 pasang primer yang telah diseleksi dalam penelitian ini.

1.5 Tujuan Penelitian

Tujuan dari penelitian ini adalah untuk mendapatkan informasi mengenai keanekaragaman dan kekerabatan pada *P. aduncum* dan *P. umbellatum* dan keefektifan penggunaan marka SRAP dalam analisis keanekaragaman dan kekerabatan pada *P. aduncum* dan *P. umbellatum*.

1.6 Manfaat Penelitian

Manfaat penelitian ini adalah sebagai berikut:

1. Menemukan hubungan kekerabatan dan keanekaragaman genetik dari spesies asing *Piper* yang berada di kawasan Malesia

2. Sebagai sumber informasi data molekuler yang bermanfaat bagi perkembangan plasma nutfah, mendukung konservasi, pelestarian, dan koleksi data pada spesies asing *Piper*.

1.7 Struktur Organisasi

Isi utama pada penyusunan skripsi menurut Pedoman Penulisan Karya Ilmiah UPI terdiri dari lima bab yaitu pendahuluan, tinjauan pustaka, metode penelitian, temuan dan pembahasan, serta bab terakhir yaitu simpulan, implikasi, dan rekomendasi. Penjelasan secara lengkap mengenai penulisan skripsi yang akan disusun adalah sebagai berikut:

1. BAB I Pendahuluan

Bagian awal skripsi ini menjelaskan dan memaparkan mengenai latar belakang, rumusan masalah, pertanyaan penelitian, batasan masalah, tujuan penelitian, manfaat penelitian, dan struktur organisasi skripsi.

2. BAB II Tinjauan Pustaka

Pada bab kedua ini membahas mengenai konsep dan teori-teori yang relevan dengan penelitian yang dilakukan. Pertama, penjelasan mengenai keanekaragaman hayati. Kedua, penjelasan mengenai spesies asing. Ketiga, dijelaskan mengenai famili Piperaceae terutama klasifikasi, morfologi, dan penyebaran spesies *Piper* yang digunakan dalam penelitian. Keempat, dijelaskan mengenai analisis SRAP sebagai marka molekuler yang digunakan dalam penelitian.

3. BAB III Metode Penelitian

Pada bab ketiga ini membahas mengenai komponen metode penelitian secara terperinci yang terdiri dari berbagai subbab yaitu jenis penelitian, waktu dan lokasi penelitian, alat dan bahan, prosedur penelitian, dan alur penelitian yang dilakukan.

4. BAB IV Temuan dan Pembahasan

Pada bab keempat ini membahas mengenai temuan penelitian berdasarkan prosedur penelitian bab ketiga, hasil dari temuan penelitian tersebut dibahas untuk menjawab rumusan masalah penelitian yang sudah ditentukan sebelumnya dengan menganalisis dan mengaitkannya dengan teori pada bab kedua.

5. BAB V Simpulan, Implikasi, dan Rekomendasi

Bagian terakhir dari skripsi dimana disajikan penafsiran penarikan kesimpulan dari semua bahasan yang telah dibuat terhadap hasil analisis, sekaligus mengajukan hal-hal penting yang dapat dimanfaatkan dari hasil penelitian. Implikasi dan rekomendasi ditulis setelah simpulan dapat ditunjukkan kepada para pengguna hasil penelitian dan peneliti yang akan melakukan penelitian lanjutan.