

BAB I

PENDAHULUAN

1. 1 Latar Belakang

Indonesia adalah negara dengan keanekaragaman hayati yang tergolong tinggi di dunia sehingga Indonesia mendapat julukan sebagai negara megabiodiversitas (Sutarno, 2015). Kondisi Indonesia yang merupakan negara dengan iklim tropis yang cenderung stabil, menjadi ruang yang tepat bagi berbagai macam fauna dan flora untuk hidup dan berkembang biak di negara ini. Keanekaragaman hayati berada pada tingkat gen, spesies, dan ekosistem atau dapat disebut dengan “*totality of genes, species, and ecosystem in a region*” (Das dan Behera, 2008). Salah satu keanekaragaman hayati di Indonesia adalah spesies tanaman. Menurut Novrinawati (2016), spesies tanaman di Indonesia diperkirakan berjumlah 25.000 spesies atau lebih dari 10% dari flora di dunia. Dengan jumlah keanekaragaman yang begitu berlimpah maka penting sekali dilakukan pendataan terhadap keanekaragaman jenis tumbuhan yang ada di Indonesia guna tujuan ilmu pengetahuan dan tujuan praktis yang dapat bermanfaat bagi masyarakat Indonesia.

Tanaman serai (*Cymbopogon* sp.) adalah tanaman yang banyak dikenal oleh masyarakat di Indonesia, karena salah satu jenisnya yakni serai bumbu yang merupakan bahan untuk membuat makanan-makanan Indonesia. Tanaman serai (*Cymbopogon* sp.) di Indonesia terdiri dari berbagai jenis, pada umumnya yakni serai bumbu dan serai wangi. Serai bumbu memiliki nama ilmiah *Cymbopogon citratus* sedangkan serai wangi memiliki dua spesies yakni *Cymbopogon nardus* atau lebih dikenal dengan sebutan serai wangi tipe Lenabatu dan *Cymbopogon winterianus* atau lebih dikenal dengan sebutan serai wangi tipe Mahapengiri (Guenther, 1948; Ketaren dan B, Djatmiko, 1978). Berbeda dengan tanaman serai bumbu yang telah dikenal oleh masyarakat luas di Indonesia, tanaman serai wangi ini jarang dikenali oleh masyarakat karena cenderung sulitnya masyarakat awam membedakan antara serai wangi dan serai bumbu. Hal ini sangat disayangkan, dengan keterbatasan kemampuan masyarakat dalam membedakan kedua jenis

tersebut maka khasiat dari tanaman serai wangi tidak bisa dimanfaatkan dengan maksimal.

Manfaat serai wangi, menurut Kurniawati (2010) akar serai wangi memiliki kegunaan sebagai obat batuk atau sakit tenggorokan, obat kumur, serta obat yang dapat digunakan untuk menghangatkan badan dan juga pada bagian daun serai wangi juga mempunyai manfaat sebagai peluruh kentut (karminatif), penambah nafsu makan (stomakik), obat pasca bersalin, penurun panas, dan pereda kejang (antispasmodik). Selain itu, pada penelitian yang dilakukan oleh Lelana & Agus (2010) minyak serai wangi yang memiliki konsentrasi 0,1% dapat menyebabkan kematian/mortalitas pada larva *Eurema blanda* sebesar 82,67% pada hari ke dua dan 92,76% pada hari ketiga.

Selain manfaat diatas, tanaman serai wangi adalah salah satu dari beragam jenis tanaman yang dapat diekstraksi menjadi minyak atsiri. Menurut Kirk & Othmer (1947) dalam *Encyclopedia of Chemical Technology*, minyak atsiri merupakan suatu senyawa yang sebagian besar berwujud cairan yang didapat dari bagian tumbuhan, seperti akar, batang, daun, biji, kulit, buah, maupun dari bunga dengan cara penyulingan. Pemanfaatan dari minyak atsiri dari serai wangi antara lain sebagai parfum, komestik, penyedap rasa (Wany *et al.*, 2013). Selain itu juga bisa bermanfaat sebagai antipasdomik, diuretik, desinfektans, bahan pengkilap, peningkat oktan BBM (Syukur dan Bakti, 2013) serta antibakteri (Bota *et al.*, 2015).

Menurut penelitian Wijoyo (2009) didapat bahwa serai wangi yang berasal dari jenis mahapengiri / serai merah menghasilkan minyak yang lebih banyak dengan kadar sitronellal 30-45% dan geraniol 65-90%, sedangkan jenis lenabatu menghasilkan minyak yang lebih sedikit dengan kadar sitronellal 7-15% dan geraniol 55-65%. Kadar geraniol dan sitronelal dapat mempengaruhi kualitas dari hasil minyak atsiri seperti menentukan intensitas aroma wangi minyak semakin harum minyak tersebut maka semakin tinggi harga jual minyak atsiri (Guenther, E., 1990). Jenis serai yang menghasilkan minyak atsiri dengan mutu baik adalah

serai merah. Tanaman serai merah berasal dari Famili Poaceae, dengan wujud rerumputan, dengan memiliki akar kuat dan dalam, serta batang yang tegak. Menurut Segawa (2007), daun dari serai merah merupakan daun tunggal, lengkap, serta memiliki pelepah daun silindris, memiliki bagian permukaan dalam berwarna merah, ujung berlidah, dengan panjang 70-80 cm dan lebar 2-5 cm.

Tingginya permintaan minyak atsiri yang berasal dari produksi serai wangi khususnya serai merah membutuhkan perhatian khusus. Terkait hal ini perlu dilakukan upaya pengembangan terhadap produksi minyak serai merah agar memiliki mutu yang tinggi dan memenuhi kebutuhan industri serta masyarakat. Peningkatan mutu dari minyak serai merah ini tentunya harus diawali dengan proses pengenalan yang tepat dan menyeluruh agar tidak terjadi kesalahan ketika membudidayakan dan mengambil suatu tanaman. Proses pengenalan yang dimaksud adalah identifikasi. Identifikasi adalah proses mengenali individu tertentu melalui berbagai metode. Metode identifikasi yang sering digunakan peneliti adalah identifikasi berbasis morfologi dan anatomi. Namun penggunaan metode ini memiliki kelemahan yakni metode pengamatan morfologi seringkali dipengaruhi oleh kondisi lingkungan (Meng *et al.*, 2011). Maka dari itu terkadang peneliti saat menganalisis dua individu tanaman yang memiliki perbedaan morfologi sebagai dua spesies yang berbeda, padahal bisa saja dua individu tersebut merupakan spesies yang sama dan beradaptasi dengan lingkungan yang berbeda maka mengalami perubahan morfologi. Untuk mendapatkan hasil identifikasi yang stabil dan valid, maka data morfologi dan anatomi tanaman tersebut perlu dikonfirmasi dengan akurat menggunakan markah atau penanda molekuler yakni DNA *barcoding*.

DNA *barcoding* adalah salah satu cara yang dapat digunakan untuk mengidentifikasi suatu tanaman dengan menggunakan penanda molekuler berupa protein atau DNA yang memiliki kestabilan yang tinggi terhadap perubahan lingkungan. Menurut Stoeckle & Ausubel (2003), metode DNA *barcoding* adalah suatu metode identifikasi jenis/spesies melalui analisis DNA berdasarkan urutan bagian genom standar yang pendek dari spesimen yang dituju dan

membandingkan informasi sekuens dengan perpustakaan yang telah diketahui jenisnya. Kelebihan dari metode ini dibuktikan melalui penelitian oleh Virgilio *et al* (2012), yakni diagnosis pada skala molekuler melalui DNA *barcoding* memberikan alternatif identifikasi tanaman yang cepat, akurat, dan tidak ambigu (bias) serta menurut Ko *et al.* (2013), metode ini dapat digunakan untuk mengidentifikasi suatu spesies yang mirip secara morfologi. Hasil sekuens DNA *barcoding* akan dianalisis dengan cara dibandingkan dengan *database Genbank* menggunakan algoritma BLAST (Basic Local Alignment Search Tool) (Altschul *et al.*, 1990).

Pada pemanfaatan DNA *barcoding* tanaman, *Consortium for the Barcoding of Life* (CboL) *Plant Working Group* merekomendasikan dua gen kloroplas untuk digunakan dalam DNA *barcoding* tanaman yaitu *rbcL* (*ribulose-1, 5-biphosphate carboxylase oxgenase*) dan gen *matK* (*maturase K*) (Kress *et al.*, 2010). Dari kedua jenis gen tersebut, yang sering digunakan dalam penelitian adalah gen *matK* karena gen *matK* memiliki kecepatan evolusi yang tinggi dan urutan sekuens yang lebih bervariasi (Barthet, 2006) sehingga dapat membedakan hingga tingkat spesies (Kolondam *et al.*, 2012). Penggunaan kedua jenis markah gen yang berbeda ini yakni *rbcL* dan *matK* guna memperkuat validasi terhadap identitas serai merah dengan menggunakan kedua jenis gen kloroplas yang berbeda.

Setiap tanaman mengalami peluang untuk mengalami proses variasi genetik yang disebabkan oleh habitat dan faktor lingkungan. Menurut Salisbury & Ross (1992), menyatakan bahwa tumbuhan yang secara genetik serupa dapat memiliki struktur morfologi dan anatomi yang berbeda karena faktor lingkungan. Olsen *et al.*, (2013) juga menyatakan bahwa habitat serta faktor lingkungan seperti air, fotoperiode, intensitas cahaya, serta parameter tanah seperti fisik dan kimia berpengaruh terhadap morfologi dan anatomi tumbuhan. Hal ini dibuktikan dalam penelitian yang dilakukan oleh Sari (2012), tanaman kepel yang tumbuh pada daerah dataran tinggi memiliki ukuran daun yang lebih besar dibanding dengan tanaman kepel yang tumbuh di dataran rendah. Dalam penelitian Yulianti

dkk. (2018) membuktikan bahwa lengkuas yang hidup pada habitat berbeda memiliki jumlah stomata dan bentuk sel epidermis yang berbeda. Selain hal tersebut, banyaknya varietas serai di Indonesia yang memiliki karakter yang cenderung sulit dibedakan satu dengan yang lain sehingga diperlukan karakter khusus dan spesifik yang bisa didapat dari pencandraan morfologi terhadap tanaman serai merah secara lebih detail, serta juga kurangnya literatur mengenai analisis anatomi batang dan anatomi akar serai merah. Hal-hal tersebut menunjukkan pentingnya dilakukan penelitian mengenai analisis struktur morfo-anatomi tanaman serai merah koleksi Taman Husada Graha Famili Surabaya.

Sebagai penguat proses identifikasi yang lebih spesifik dan valid diperlukan pendekatan molekuler. Menurut Hartl dan Jones (1998), dituliskan bahwa kondisi lingkungan hidup suatu makhluk hidup juga dapat mempengaruhi urutan DNA sehingga terdapat beberapa spesies dimana memiliki struktur morfologi yang sama bahkan bertempat pada satu habitat yang sama namun memiliki genom yang berbeda. Seperti yang terdapat pada penelitian Tanksley (2004) membuktikan bahwa tomat liar yang memiliki morfologi buah yang bulat dan kecil memiliki genom yang bervariasi. Dari hal ini menunjukkan pentingnya dilakukan pendekatan molekuler menggunakan metode DNA *barcoding* untuk membuktikan apakah terdapat perbedaan sekuens serai merah koleksi Taman Husada dengan sekuens serai merah pada *database* GenBank menggunakan markah *matK* dan *rbcL*. Selain itu data tentang sekuens *rbcL* dan *matK* pada tanaman serai merah tersedia pada *database* GenBank sangatlah terbatas sehingga diperlukan penguatan *database* untuk pengembangan pengenalan molekuler dari tanaman ini.

Dengan hasil identifikasi yang tepat pada penelitian ini melalui analisis struktur morfo-anatomi dan molekuler maka dapat menjawab persoalan seperti struktur morfologi yang menjadi pembeda dengan varietas lain, struktur anatomi batang dan akar serai merah yang jarang dibahas, serta menunjukkan apakah perbedaan habitat akan berpengaruh terhadap morfologi, anatomi serta genom pada serai merah koleksi Taman Husada Graha Famili Surabaya dibandingkan

serai merah pada habitat lain. Selain itu secara praktis, data hasil penelitian ini mengembangkan pembudidayaan tanaman serai merah di daerah lokal yang secara luas dan efektif sehingga permintaan akan minyak atsiri dari serai merah yang berkualitas dapat terpenuhi.

1.2 Rumusan Masalah

Berdasarkan latar belakang masalah yang telah diuraikan diatas, maka diperoleh rumusan masalah sebagai berikut :

1. Bagaimana struktur morfologi dan anatomi tanaman serai merah koleksi Taman Husada Graha Famili Surabaya?
2. Apa sajakah sekuens basa nitrogen yang menyusun DNA tanaman serai merah koleksi Taman Husada Graha Famili berdasarkan markah gen *rbcL* dan *matK*?
3. Bagaimana perbedaan antara sekuens basa nitrogen *rbcL* dan *matK* berdasarkan besar nilai *percentage of identity* dari tanaman serai merah koleksi Taman Husada Graha Famili dengan sekuens basa nitrogen *rbcL* dan *matK* tanaman serai merah pada *database* Genbank?

1.3 Tujuan Penelitian

Berdasarkan rumusan masalah, diperoleh tujuan penelitian sebagai berikut:

1. Mengetahui struktur morfologi dan anatomi tanaman serai merah koleksi Taman Husada Graha Famili Surabaya.
2. Mengetahui sekuens basa nitrogen yang menyusun DNA tanaman serai merah koleksi Taman Husada Graha Famili berdasarkan markah gen *rbcL* dan *matK*.
3. Mengetahui perbedaan antara sekuens basa nitrogen *rbcL* dan *matK* berdasarkan besar nilai *percentage of identity* dari tanaman serai merah koleksi Taman Husada Graha Famili dengan sekuens basa nitrogen *rbcL* dan *matK* tanaman serai merah pada *database* Genbank.

1.4 Hipotesis

Jika terdapat faktor-faktor yang memengaruhi variasi genetik (variasi morfologi, anatomi, dan molekuler) tanaman serai merah koleksi Taman Husada Graha Famili Surabaya, maka akan terdapat perbedaan morfologi dan anatomi antara tanaman serai merah koleksi Taman Husada Graha Famili Surabaya dengan tanaman serai merah pada umumnya. Serta akan terdapat perbedaan antara sekuens *rbcL* dan *matK* tanaman serai merah koleksi Taman Husada Graha Famili Surabaya dengan sekuens *rbcL* dan *matK* tanaman serai merah pada *database* Genbank.

1.5 Asumsi Penelitian

Metode pengenalan terhadap spesies makhluk hidup telah mengalami perkembangan. Pada mulanya sebatas metode konvensional yakni berdasarkan analisis morfologi dan anatomi, telah merambah bidang molekuler yakni penggunaan potongan DNA pendek yakni DNA barcode (Herbert *et al.*, 2003). Hal ini disebabkan kajian analisis morfologi dan anatomi suatu spesies belum cukup untuk mendukung sepenuhnya terkait pengenalan spesies. Menurut Hartl dan Jones (1998), menyebutkan bahwa habitat suatu makhluk hidup dapat memengaruhi urutan DNA makhluk hidup tersebut. Perbedaan urutan basa nukleotida (adenin, timin, guanin, dan sitosin) yang membentuk DNA di dalam sel adalah bentuk variasi genetik (Harrison *et al.*, 2004). Munculnya variasi genetik pada suatu makhluk hidup dapat disebabkan oleh beberapa hal yakni mutasi, migrasi, dan rekombinasi (Griffiths *et al.*, 2000). Oleh karena itu, peneliti berasumsi jika terdapat faktor-faktor yang memengaruhi seperti perbedaan habitat dan kondisi lingkungan maka karakter morfologi, anatomi serta sekuens DNA tanaman serai merah gen *rbcL* dan *matK* yang berada di Taman Husada Graha Famili Surabaya akan memiliki perbedaan dengan sekuens DNA gen *rbcL* dan *matK* tanaman serai merah pada *database* Genbank.

1.6 Manfaat Penelitian

Hasil dari penelitian ini diharapkan dapat memberikan manfaat untuk melengkapi data morfo-anatomi tanaman serai merah koleksi Taman Husada Graha Famili Surabaya, melengkapi data molekuler tanaman serai merah koleksi Taman Husada Graha Famili Surabaya berdasarkan sekuens gen *rbcL* dan *matK*, Sekuens basa nitrogen *rbcL* dan *matK* pada tanaman serai merah yang akan didapat dari hasil penelitian ini dapat membantu upaya pengembangan pembudidayaan serai merah untuk dimanfaatkan guna tujuan ilmu pengetahuan yakni identifikasi tanaman dan tujuan praktis seperti pengambilan minyak serai merah yang sangat dibutuhkan oleh industri dan masyarakat luas, serta data dari hasil penelitian ini dapat dimanfaatkan untuk mendukung pemuliaan tanaman serai merah dimasa mendatang.