

I. PENDAHULUAN

1.1 Latar Belakang

Indonesia merupakan salah satu negara megabiodiversitas, dengan keanekaragaman hayati tertinggi kedua di dunia (Kusmana & Hikmat, 2015). Pulau Sumatra memiliki karakter geografis yang khas serta ekologi yang unik, seperti jajaran pegunungan dan hutan hujan tropis. Keunikan tersebut menyebabkan tingkat keendemikan tumbuhan di Pulau Sumatra menempati peringkat ketiga setelah Papua dan Kalimantan (Kusmana & Hikmat, 2015). Kekayaan vegetasi di Sumatra diperkirakan sekitar 10.600 jenis tumbuhan (Amandita *et al.*, 2019). Salah satu kekayaan vegetasi tersebut adalah marga *Ziziphus* yang menarik untuk diteliti karena memiliki peran ekologis dan ekonomi penting, seperti manfaatnya sebagai tanaman obat dan pangan (Pratiwi & Sativa, 2021).

Marga *Ziziphus* Mill. merupakan anggota dari suku Rhamnaceae, terdiri atas ± 170 jenis yang tersebar di wilayah tropis dan subtropis di seluruh dunia (Huang *et al.*, 2017). Keanekaragaman *Ziziphus* spp. yang tercatat di Indonesia sebanyak 24 jenis, dengan 6 jenis merupakan hasil introduksi (Pratiwi & Sativa, 2021). Beberapa jenis yang sering dijumpai di Indonesia seperti *Z. mauritiana* Lam., *Z. nummulara* (Burm.f.) Wight & Arn., dan *Z. spina-christi* (L.) Desf. (Rosalina, 2023).

Kajian marga *Ziziphus* telah banyak dilakukan di Indonesia, khususnya di Sumatra. Penelitian sebelumnya masih terbatas karena lebih berfokus pada inventarisasi jenis, tanpa kajian lebih lanjut mengenai hubungan kekerabatan secara morfologi dan molekuler (Pratiwi & Sativa, 2021). Karakteristik morfologi *Ziziphus* sering kali tumpang tindih antar jenis yang salah satunya disebabkan karena pengaruh lingkungan yang menyebabkan variasi fenotipik, sehingga mengakibatkan kesulitan dalam identifikasi jenisnya (Hidayat *et al.*, 2016). Oleh karena itu, diperlukan pendekatan yang lebih komprehensif dengan menggabungkan analisis morfologi dan molekuler untuk mendapatkan pemahaman sistematika *Ziziphus* yang lebih tepat. Menurut Sareen *et al.* (2023), kombinasi

antara analisis morfologi dan molekuler dalam studi sistematika tumbuhan dapat meningkatkan akurasi dalam menentukan hubungan kekerabatan jenis.

Salah satu metode yang dapat digunakan dalam kajian sistematika adalah DNA *barcoding*. DNA *barcoding* menawarkan pendekatan berbasis sekuen genetik yang lebih stabil untuk identifikasi jenis. Penggabungan berbagai DNA *barcode* yang berasal dari nukleus dan kloroplas sangat membantu dalam membentuk pohon filogenetik yang lebih akurat (Fazekas *et al.*, 2008). Salah satu penanda genetik yang sering digunakan adalah *Internal Transcribed Spacer* (ITS), yang terbukti efektif dalam membedakan jenis dengan morfologi serupa tetapi secara genetik berbeda (Baldwin *et al.*, 1995). Penggunaan primer *Internal Transcribed Spacer* (ITS) lebih banyak digunakan pada identifikasi jamur, tetapi penggunaan ITS juga mampu digunakan untuk identifikasi tumbuhan tingkat tinggi (Cheng *et al.*, 2016). Bahkan, penggunaan ITS juga dapat mengidentifikasi sampel herbarium dengan baik (Li *et al.*, 2015). Penggunaan primer *maturaseK* (*matK*) yang dikenal sebagai DNA *barcode* universal untuk seluruh tumbuhan berbunga (Fazekas *et al.*, 2008). Seperti permasalahan sebelumnya mengenai minimnya informasi mengenai data molekuler *Ziziphus* di Sumatra, maka diperlukan penelitian berbasis DNA *barcode* (Sareen *et al.*, 2023). Sehingga, penggunaan primer ITS dan *matK* untuk pendekatan molekuler pada *Ziziphus* di Sumatra cukup sebagai data awal untuk mengungkap dan membahas hubungan filogenetiknya.

Studi mengenai DNA *barcoding* *Ziziphus* di Indonesia masih sangat terbatas, Penelitian Uddin *et al.* (2024) menunjukkan bahwa analisis genetik menggunakan gabungan antara *Internal Transcribed Spacer* (ITS) dan *matK* berhasil mengamplifikasi *Ziziphus* dengan memberikan resolusi jenis tertinggi dengan akurasi 100%, dan menyatakan ITS dan *matK* sebagai barkode tunggal yang paling efektif. Kajian sebelumnya yang terkait DNA *barcoding* *Ziziphus* di Indonesia dilakukan oleh Arifiani *et al.* (2023) yang hanya fokus pada jenis dari Taman Nasional Aketajawe-Lolobata, Maluku Utara tanpa membahas hubungan filogenetiknya lebih luas. Oleh karena itu, kesenjangan penelitian utama yang akan diatasi dalam studi ini adalah kurangnya data filogenetik berbasis DNA *barcode* serta minimnya integrasi antara analisis morfologi dan molekuler dalam sistematika

Ziziphus spp. di Sumatra. Kajian ini diharapkan dapat memberikan pemetaan keanekaragaman yang lebih akurat dan menyusun kunci identifikasi jenis berbasis kombinasi morfologi, serta pendataan molekuler untuk mendukung konservasi serta pemanfaatan keanekaragaman hayati secara berkelanjutan.

1.2 Rumusan Masalah

- 1.2.1 Bagaimana keanekaragaman jenis *Ziziphus* spp. di Sumatra?
- 1.2.2 Bagaimana karakter morfologi dan hubungan kemiripan *Ziziphus* spp. yang ada di Sumatra?
- 1.2.3 Bagaimana kunci identifikasi *Ziziphus* spp. di Sumatra berdasarkan karakter morfologinya?
- 1.2.4 Bagaimana analisis kekerabatan *Ziziphus* spp. berdasarkan sekuen *Internal Transcribed Spacer* (ITS) dan *maturaseK* (*matK*)?

1.3 Tujuan

- 1.3.1 Menganalisis keanekaragaman jenis *Ziziphus* spp. di Sumatra.
- 1.3.2 Mengkaji karakter morfologi dan hubungan kemiripan *Ziziphus* spp. yang ada di Sumatra.
- 1.3.3 Menyusun kunci identifikasi jenis *Ziziphus* spp. di Sumatra berdasarkan karakter morfologinya.
- 1.3.4 Menganalisis hubungan kekerabatan *Ziziphus* spp. berdasarkan sekuen *Internal Transcribed Spacer* (ITS) dan *maturaseK* (*matK*)

1.4 Manfaat

- 1.4.1 Hasil penelitian ini diharapkan dapat dijadikan acuan untuk memberikan informasi ilmiah mengenai keanekaragaman dan kekerabatan *Ziziphus* spp. di Sumatra.
- 1.4.2 Berkontribusi dalam pengembangan ilmu sistematika pada *Ziziphus* spp.

- 1.4.3 Memberikan dasar ilmiah bagi pengembangan tanaman obat dan pangan lokal berbasis *Ziziphus* yang potensial dikembangkan dalam industri farmasi dan pertanian.
- 1.4.4 Berkontribusi dalam upaya konservasi keanekaragaman *Ziziphus* spp. region Sumatra.