

I. PENDAHULUAN

1.1 Latar Belakang

Genus *Melothria* merupakan anggota dari famili *Cucurbitaceae*. *Melothria* memiliki ciri berupa herba merambat sampai 4 meter, memiliki sulur tidak bercabang, daun tunggal tidak berlobus atau berlobus, bunga berwarna kuning, buah soliter seperti beri, dan biji banyak berbentuk *ovate* sampai *elliptic* (de Wilde & Duyfjes, 2010; Guerrero-Tores *et al.*, 2023). Genus yang dikenal dengan istilah “*melonettes*” ini pertama kali dideskripsikan oleh Linnaeus di tahun 1753 dan sampai saat ini tetap menjadi salah satu kelompok *Cucurbitaceae* yang menarik untuk dikaji dalam aspek taksonomi maupun ekologi (Arifiani *et al.*, 2024).

Melothria pendula L. merupakan spesies yang berasal dari Amerika Serikat bagian tengah dan timur hingga kawasan tropis Amerika (POWO, 2025). Keberadaannya di kawasan Malesia dilaporkan merupakan hasil dari introduksi yang telah mengalami naturalisasi. Spesies ini telah tersebar luas di berbagai wilayah di Indonesia, termasuk Sumatera, Kalimantan, Sulawesi, Bali, dan Jawa (de Wilde & Duyfjes, 2010). Persebaran yang sangat luas dipengaruhi oleh kemampuannya untuk tumbuh di berbagai lahan terbuka. Hal ini menunjukkan bahwa *M. pendula* memiliki toleransi ekologis yang cukup baik terhadap lingkungan tumbuhnya. (Husaini *et al.*, 2024).

Melothria pendula L. dilaporkan banyak ditemukan secara liar di berbagai wilayah, salah satunya di Kota Bogor (Husaini *et al.*, 2024). Persebarannya yang luas memungkinkan suatu populasi untuk memunculkan variasi morfologi

antaraksesi. Variasi dapat muncul karena beberapa faktor, seperti plastisitas fenotipik, perbedaan usia suatu organ tumbuhan, faktor genetik, ataupun tekanan lingkungan setempat. Sejalan dengan teori evolusi, tekanan lingkungan dapat memicu perubahan frekuensi alel dalam suatu populasi, menciptakan susunan alel yang adaptif terhadap kondisi habitat. Kondisi ini menyebabkan munculnya variasi adaptif pada tingkat morfologi maupun fisiologi. Oleh karena itu, karakterisasi morfologi perlu didukung dengan pendekatan molekuler demi hasil evaluasi yang lebih komprehensif pada tingkat intraspesifik (Hasibuan, 2025).

Sampai saat ini studi mengenai variasi genetik berdasarkan marka molekuler pada spesies *Melothria pendula* L. masih belum banyak dilaporkan. Penelitian terdahulu mengenai spesies ini lebih banyak membahas mengenai deskripsi morfologi, persebaran spesies, atau potensi pemanfaatan senyawa bioaktif yang terkandung pada *M. pendula*. Sementara itu, penelitian mengenai integrasi karakter morfologi dan marka molekuler untuk mengevaluasi variasi intraspesifik masih sangat jarang dilaporkan. Analisis keanekaragaman genetik berbasis molekuler dilakukan untuk memperkuat hasil karakterisasi berdasarkan karakter morfologi. Kombinasi antara pengamatan morfologi dan molekuler telah menjadi metode standar dalam kajian biosistematika modern. Karakter morfologi sangat dapat dipengaruhi oleh kondisi lingkungannya, menyebabkan terjadinya plastisitas fenotipik. Sedangkan data molekuler dapat memberikan informasi tambahan mengenai pola variasi genetik antaraksesi. Dengan demikian, integrasi antara karakter morfologi dan marka molekuler dapat saling melengkapi dan memperkuat interpretasi dalam kajian biosistematika tumbuhan (Subositi dan Mujahid, 2019).

Studi terhadap variasi morfologi dan genetik spesies ini sangat penting sebagai dasar untuk strategi pelestarian dan pemanfaatan sumber daya lebih lanjut (Nurbaiti *et al.*, 2025).

Analisis keanekaragaman genetik berdasarkan molekuler untuk mempelajari keanekaragaman di bawah tingkat jenis dapat dilakukan dengan berbagai jenis marka seperti *Amplified Fragment Length Polymorphism* (AFLP), *Random Amplified Polymorphism DNA* (RAPD), *Restriction Fragment Length Polymorphism* (RFLP), dan *Inter-Simple Sequence Repeats* (ISSR). Marka ISSR merupakan penanda molekuler yang sering digunakan dalam analisis keanekaragaman genetik suatu spesies karena memiliki kemampuan dalam mendeteksi variasi pada daerah antara mikrosatelit tanpa membutuhkan informasi sekuens genetik sebelumnya dan dikembangkan dari wilayah mikrosatelit (Sari *et al.*, 2017; Subositi dan Mujahid, 2019).

ISSR banyak digunakan pada studi variasi genetik, analisis polimorfisme, sidik jari DNA, dan pengelompokan fenetik tumbuhan. Hal tersebut disebabkan karena ISSR sangat sensitif, relatif mudah digunakan, dan memiliki reproduktifitas yang tinggi (Aprilianingsih *et al.*, 2021). Selain itu, ISSR juga lebih unggul karena penggunaannya tidak terpengaruhi oleh kondisi habitat serta dapat menghasilkan banyak lokus polimorfik yang berguna dalam studi genetik. Namun demikian, ISSR merupakan marka dominan yang hanya menampilkan keberadaan dan ketiadaan pita pada suatu lokus, sehingga interpretasi hasil perlu dilakukan secara hati-hati. Karakteristik ini membuat marka ISSR lebih cocok untuk digunakan dalam menilai

pola similaritas genetik dibandingkan untuk merekonstruksi filogeni evolusioner secara langsung (Sari *et al.*, 2017).

Penelitian serupa pada anggota *Cucurbitaceae* lain seperti *Cucumis melo* L. melaporkan bahwa analisis keanekaragaman berdasarkan marka ISSR menunjukkan adanya perbedaan genetik yang signifikan antara galur-galur melon yang diuji (Lohani *et al.*, 2023). Meskipun demikian, hasil penelitian serupa pada spesies lain tidak dapat langsung digunakan untuk menyimpulkan status variasi intraspesifik *Melothria pendula* L. Berdasarkan landasan ini, maka penelitian dilakukan untuk menganalisis variasi morfologi dan variasi genetik berbasis ISSR pada aksesori *M. pendula* di Bogor serta mengevaluasi kontribusi kedua data tersebut sebagai pendukung kajian taksonomi intraspesifik.

1.2 Rumusan Masalah

- 1.2.1 Bagaimana variasi morfologi aksesori *Melothria pendula* L. yang ditemukan di Bogor?
- 1.2.2 Bagaimana variasi genetik aksesori *Melothria pendula* L. di Bogor berdasarkan marka ISSR?
- 1.2.3 Bagaimana pola pengelompokan fenetik aksesori *Melothria pendula* L. berdasarkan karakter morfologi dan marka ISSR?

1.3 Tujuan Penelitian

- 1.3.1 Menganalisis variasi morfologi aksesori *Melothria pendula* L. yang ditemukan di Bogor.

1.3.2 Menganalisis variasi genetik aksesii *Melothria pendula* L. di Bogor berdasarkan marka ISSR.

1.3.3 Menganalisis pola pengelompokan fenetik aksesii *Melothria pendula* L. berdasarkan karakter morfologi dan marka ISSR.

1.4 Manfaat Penelitian

1.4.1 Manfaat Teoritis

Penelitian ini diharapkan dapat memberikan kontribusi terhadap ilmu biologi khususnya dalam bidang taksonomi dan genetika tumbuhan melalui penyediaan informasi mengenai keanekaragaman genetik *Melothria pendula* berdasarkan analisis molekuler menggunakan marka ISSR.

1.4.2 Manfaat Praktis

Hasil penelitian ini diharapkan dapat bermanfaat sebagai dasar untuk pengembangan *Melothria pendula* L. sebagai sumber daya genetik lokal serta strategi konservasinya secara berkelanjutan. Selain itu, penelitian ini diharapkan dapat memberikan data pendukung dalam standarisasi pemanfaatan *M. pendula* di bidang pangan dan farmasi.