

BAB I PENDAHULUAN

1.1 Latar Belakang

Ketela pohon (*Manihot esculenta*) merupakan tanaman Angiospermae yang menduduki peringkat ketiga di negara-negara tropis sebagai sumber kalori setelah beras dan jagung (Borku, 2025). Ketela pohon mempunyai berbagai kegunaan yaitu sebagai sumber pangan, bahan baku industri seperti tekstil, kertas, lem, bahan baku mocaf dan nutrasetikal (Sugiyarto *et al.*, 2023). Selain umbi dari ketela pohon, limbah dari ketela pohon seperti daun, batang, dan kulit singkong juga dapat dijadikan sebagai alternatif pakan ternak (Khaeri & Agustin, 2023). Negara Indonesia memiliki produksi ketela pohon yang sangat tinggi dan melimpah (Yoandarta *et al.*, 2024). Hal ini dapat dilihat dari data BPS (2023), bahwa jumlah produksi ketela pohon di Indonesia mengalami kenaikan sekitar 1,81 juta ton dibandingkan produksi ketela pohon pada tahun 2022 (Pratama *et al.*, 2025).

Tanaman ketela pohon sering digunakan sebagai bahan pangan yang diolah secara tradisional di Kabupaten Kudus menjadi getuk, cenil, tapioka, dan lain-lain. Produktivitas ketela pohon di wilayah Kudus juga memberikan inovasi tepung mocaf (*modified cassava flour*) yang digunakan sebagai pengganti tepung terigu, sebagai alternatif makanan sehat (Lestari *et al.*, 2022). Berdasarkan dari data BPS (2023), luas lahan dan produksi ketela pohon di wilayah Kudus mengalami penurunan dalam beberapa tahun terakhir. Luas panen ketela pohon pada 2022 mencapai 956,50 ha dan mengalami penurunan di tahun 2023 hingga mencapai sebesar 247,5 ha (dari 956,5 ha ke 247,5 ha). Luas lahan pertanian ketela pohon di Desa Tanjungrejo, Kecamatan Jekulo,

Kabupaten Kudus sekitar 100 hektar dengan luas panen mencapai 60 hektar dan hasil panen 10 ton per hektarnya. Namun, perubahan iklim dapat berdampak luar biasa pada produksi ketela pohon (Ntui *et al.*, 2024; Wokanubun *et al.*, 2020). Kabupaten Kudus memiliki iklim yang tropis dan temperaturnya sedang. Jumlah curah hujan yang dimiliki Kabupaten Kudus relatif rendah yaitu kisaran di bawah 3000 mm/tahun dan hari hujannya di bawah 150 hari/tahun (Khikmah, 2021).

Saat ini, telah banyak dikembangkan varietas ketela pohon yang unggul untuk meningkatkan produktivitas pertanian. Keragaman morfologi ketela pohon telah banyak diteliti untuk menentukan karakteristik yang unggul. Penelitian mengenai keragaman morfologi ketela pohon (*Manihot esculenta*) menunjukkan bahwa 13 genotipe ketela pohon memiliki nilai similaritas morfologi berkisar antara 36–100%. Dendrogram hasil analisis fenetik membentuk empat kelompok utama pada tingkat similaritas 45,60%, yang menunjukkan adanya variasi karakter morfologi antar genotipe ketela pohon (Wahyuni, 2018). Penelitian lain juga menunjukkan bahwa varietas ketela pohon Malang VI dan Bogor memiliki tingkat kemiripan tertinggi berdasarkan karakter morfologi dengan indeks dissimilaritas sebesar 0,00. Sementara itu, varietas Malang II dan Malang VI memiliki tingkat kemiripan terendah dengan indeks dissimilaritas sebesar 2,303. Hasil tersebut menunjukkan bahwa perbedaan karakter morfologi dapat memengaruhi pengelompokan hubungan fenetik antar varietas ketela pohon (Thenia, 2017).

Saat ini, pendekatan baru berbasis DNA *barcoding* telah banyak dikembangkan. Penggunaan DNA *barcoding* menjadi metode yang tepat karena memiliki proses cepat dan hasil yang akurat untuk mengidentifikasi organisme (Letsiou *et al.*, 2024). *Barcode*

DNA menjadi salah satu alat taksonomi penting karena keakuratannya, pengulangannya, dan kecepatannya (Cahyaningsih *et al.*, 2022). Salah satu *barcode* DNA yang sering digunakan sebagai penanda untuk identifikasi tumbuhan adalah *maturase K (matK)*. Namun sampai saat ini, belum ada penelitian yang secara spesifik membahas mengenai efektivitas marker *maturase K (matK)* sebagai primer untuk identifikasi molekular filogenetik tanaman ketela pohon di Indonesia.

Gen *matK* merupakan gen yang mengkode enzim *maturase* sub unit K yang terletak pada kloroplas suatu tanaman (Li *et al.*, 2021). Gen *matK* terletak di antara ekson 5' dan 3' pada tumbuhan Angiosperae yang memiliki ukuran panjang susunan nukleotida sekitar 1500 bp (Wardana *et al.*, 2025). Beberapa jenis primer *matK* diantaranya yaitu, *matK* KIM 1R, *matK* KIM 3F, *matK* 390F, *matK* 1326R, *matK* 1248R, dan *matK* 472R (Tallei & Kolodom, 2015; Sholiha *et al.*, 2024; Sattar *et al.*, 2024).

Penelitian Corvalán *et al.*, (2025) menunjukkan primer *matK* 390F dan 1326R memiliki keberhasilan amplifikasi dan *sequencing* hingga sekitar 85% dan 69% berturut-turut pada spesies Angiospermae. Penelitian (Sivalingam & Rajendran, 2016) menunjukkan primer *matK* 472F dan 1248R berhasil diamplifikasikan hingga 95% pada spesies Angiospermae. Selain itu penelitian dari Awomukwu *et al.*, (2015) juga berhasil dalam amplifikasi primer *matK* 472F dan 1248R pada Angiospermae, genus *Phyllanthus*. Penelitian Mokoagow *et al.*, (2015), menunjukkan keberhasilan amplifikasi primer *matK* KIM 3F+1R pada tumbuhan Angiosperae dengan hasil panjang pita DNA *primer forward* mencapai sekitar 746 bp dan 810 bp untuk *primer reverse*.

Data terkait keberhasilan *matK* sebagai *barcode* untuk amplifikasi spesies *Manihot esculenta* belum ada. Penelitian Afifah *et al.*, (2025) menunjukkan bahwa *barcode* yang pernah digunakan pada penelitian filogenetik *Manihot esculenta* adalah *rbcL* dan *ITS*. Penelitian Turk, (2023) juga menunjukkan keberhasilan dengan menggunakan primer *rbcL* dan *psbA-trnH* pada tanaman *Manihot esculenta*. Dissanayake *et al.*, (2019) menambahkan bahwa primer *ITS* berhasil dalam membedakan kultivar beberapa spesies *Manihot esculenta*. Namun, belum ada satupun penelitian yang menyatakan tentang efektifitas *matK* sebagai *barcode* penelitian filogenetik *Manihot esculenta*. Menurut penelitian Hardani, (2015) gen *matK* lebih unggul daripada *rbcL* dalam membentuk pohon filogenetik tanaman Angiospermae. Karbarz *et al.*, (2025) menambahkan bahwa, gen *matK* memiliki tingkat evolusi dan variasi nukleotida yang lebih tinggi dibandingkan gen *rbcL*. Gen *matK* dapat berevolusi tiga kali lebih cepat dibandingkan gen *rbcL*, sehingga mampu memberikan resolusi yang lebih baik dalam membedakan hubungan kekerabatan antarspesies pada tanaman.

Berdasarkan hal tersebut, menunjukkan bahwa penting dilakukan uji efektivitas primer *matK* terhadap *Manihot esculenta* untuk studi taksonomi filogenetik. Oleh karena itu, penelitian ini penting dilakukan untuk mengidentifikasi primer *matK* yang paling efektif untuk *barcoding* DNA tanaman ketela pohon (*Manihot esculenta*) yang tumbuh di faktor lingkungan yang berbeda. Penelitian lebih lanjut untuk mengidentifikasi perbedaan susunan basa nukleotida pada tanaman ketela yang tumbuh di faktor lingkungan berbeda juga penting untuk dilakukan. Informasi ini diharapkan dapat menjadi dasar dalam pengelolaan sumber daya genetik, pengembangan varietas

unggul, serta pelestarian plasma nutfah ketela pohon untuk meningkatkan ketahanan pangan di daerah Kudus, Jawa Tengah.

1.2 Rumusan Masalah

Rumusan masalah pada penelitian kali ini sebagai berikut:

- 1.1.1 Bagaimana tingkat kemiripan fenetik antar sampel penelitian *Manihot esculenta* Crantz KTS dan KTT di Wilayah Kudus, Jawa Tengah?
- 1.1.2 Bagaimana persentase keberhasilan primer *matK* (1RKIM, 390F, 3FKIM, 1326R, 1248R, dan 472R) dalam proses amplifikasi DNA *Manihot esculenta* Crantz sampel KTS dan KTT di wilayah Kudus?
- 1.1.3 Bagaimana karakteristik hasil amplifikasi marker *matK* berdasarkan parameter molekuler, seperti *GC content* dan hasil identifikasi menggunakan BLAST, pada sampel *Manihot esculenta* Crantz di wilayah Kudus, Jawa Tengah?
- 1.1.4 Bagaimana konstruksi pohon filogenetik dan *haplotype map* *Manihot esculenta* Crantz sampel KTS dan KTT dari wilayah Kudus berdasarkan marker DNA *matK*?

1.3 Tujuan

Tujuan penelitian kali ini sebagai berikut:

- 1.3.1 Mengetahui tingkat kemiripan fenetik antar sampel ketela pohon (*Manihot esculenta* Crantz) KTS dan KTT di Wilayah Kudus, Jawa Tengah.
- 1.3.2 Mengetahui persentase keberhasilan primer *matK* (1RKIM, 390F, 3FKIM, 1326R, 1248R, dan 472R) dalam proses amplifikasi DNA *Manihot esculenta* Crantz sampel KTS dan KTT dari wilayah Kudus, Jawa Tengah.

1.3.3 Mengetahui karakteristik hasil amplifikasi marker *matK* berdasarkan parameter molekuler, seperti *GC content* dan hasil identifikasi menggunakan BLAST, pada sampel *Manihot esculenta* Crantz di wilayah Kudus, Jawa Tengah.

1.3.4 Menyusun dan menginterpretasikan hubungan kekerabatan (filogenetik) antar sampel *Manihot esculenta* Crantz berdasarkan data sekuens *matK*.

1.4 Manfaat Penelitian

Manfaat penelitian ini sebagai berikut:

1.4.1 Menjadi referensi dasar bagi penelitian lanjutan yang terkait sumber daya genetik tanaman ketela pohon (*Manihot esculenta* Crantz) di wilayah Kudus, Jawa Tengah.

1.4.2 Memberikan informasi relevan terkait jenis primer *matK* yang mampu mengamplifikasi DNA tanaman *Manihot esculenta* Crantz.

1.4.3 Membantu pengembangan budidaya tanaman ketela pohon (*Manihot esculenta* Crantz) yang lebih adaptif terhadap kondisi lingkungan yang berbeda.