

# BAB I

## PENDAHULUAN

### A. Latar Belakang Masalah

*Mangifera* merupakan genus yang dikenal sebagai buah mangga, memiliki lebih dari 100 spesies yang tersebar di Asia Tenggara dan wilayah tropis lainnya. Sulawesi, dengan keanekaragaman hayatinya yang tinggi, menjadi salah satu pusat keragaman spesies *Mangifera*. Penelitian mengenai spesies ini penting dilakukan untuk memahami potensi dan konservasi sumber daya genetik di daerah tersebut. Ada dalam Surat Al-Baqarah ayat 164 untuk merenungkan tanda-tanda kebesaran Allah dalam ciptaan-Nya, termasuk keanekaragaman hayati.\

إِنَّ فِي خَلْقِ السَّمَاوَاتِ وَالْأَرْضِ وَاجْتِذَافِ اللَّيْلِ وَالنَّهَارِ لآيَاتٍ لِأُولِي الْأَلْبَابِ

*"Sesungguhnya dalam penciptaan langit dan bumi, dan pergantian malam dan siang terdapat tanda-tanda (kebesaran Allah) bagi orang-orang yang berakal."*

Menurut Prasetyo *et al.* (2022), identifikasi dan pelestarian spesies *Mangifera* di Indonesia sangat diperlukan untuk menjaga keseimbangan ekosistem dan mendukung pertanian berkelanjutan. Mangga bukan tanaman lokal asli di Indonesia, mangga tumbuh dengan baik di daerah dataran rendah yang berhawa panas dan juga dapat ditanam di dataran tinggi yang berhawa sedang. Hal ini menjadikan mangga sebagai salah satu tanaman buah yang penting dalam budaya dan ekonomi masyarakat Indonesia (Hidayati *et al.*, 2021).

Kebun Raya Bogor menyimpan koleksi beragam spesies *Mangifera*, termasuk spesimen asal Sulawesi (VII.E.180). Koleksi ini

merupakan sumber daya penting untuk penelitian dan konservasi. Melalui identifikasi molekuler, informasi genetik yang diperoleh dapat digunakan untuk pengelolaan dan pelestarian spesies ini. Menurut Wulandari *et al.* (2023), studi molekuler di Kebun Raya Bogor berpotensi memberikan wawasan baru mengenai keragaman genetik dan spesiasi di kawasan tropis, yang dapat mendukung upaya konservasi dan pengelolaan sumber daya hayati.

Identifikasi varietas umumnya dilakukan dengan cara observasi karakter-karakter morfologi, tetapi karakter morfologi memiliki keterbatasan yaitu mudah terpengaruh oleh kondisi lingkungan. Analisis molekuler menjadi alat penting dalam identifikasi spesies, terutama di tengah tantangan taksonomi yang dihadapi oleh spesies dengan morfologi yang mirip. Sekuen *Internal Transcribed Spacer* (ITS) dari DNA *ribosom nuklear* (nrDNA) adalah salah satu marker molekuler yang efektif dalam identifikasi spesies dalam genus *Mangifera*. Marka DNA wilayah ITS memiliki jumlah salinan DNA yang tinggi, ukuran kecil, wilayah konservasi tinggi, dan evolusi terintegrasi yang cepat, serta tergolong primer universal. Oleh karena itu, rangkaian DNA wilayah ITS dinilai cocok untuk menganalisis keanekaragaman dan hubungan kekerabatan yang sebelumnya tidak dapat dideteksi secara morfologi

Dalam konteks global, konservasi keanekaragaman genetik menjadi semakin penting, terutama dalam menghadapi perubahan iklim dan eksploitasi sumber daya alam yang tidak berkelanjutan. Penelitian tentang identifikasi spesies *Mangifera* di Sulawesi menggunakan sekuens nrDNA ITS dapat memberikan kontribusi bagi konservasi dan pemanfaatan sumber daya genetik yang berkelanjutan. Salah satu penelitian terkait karakteristik molekuler *Mangifera* sp. Penelitian Fitmawati *et al.* (2017), wilayah DNA ITS merupakan bagian dari sekuens DNA ribosom nukleus yang

dimanfaatkan untuk melacak spesies dengan hubungan genetik yang lebih dekat, membedakan variasi, memperkenalkan spesies baru, dan menyoroti keanekaragaman di antara spesies dan subspecies.

Secara ilmiah, analisis sekuens nrDNA ITS memberikan keuntungan dalam hal akurasi dan efisiensi. Teknik ini memungkinkan peneliti untuk mengidentifikasi spesies lebih cepat dibandingkan dengan metode tradisional. Penelitian oleh Junaidi *et al.* (2023) menunjukkan bahwa penggunaan metode ini dalam identifikasi spesies tanaman tidak hanya membantu mengurangi kesalahan dalam penamaan taksonomi, tetapi juga meningkatkan pemahaman tentang hubungan evolusi antar spesies.

Oleh karena itu, penelitian dilakukan dengan judul Identifikasi Molekuler *Mangifera* sp. Asal Sulawesi (VII.E.180) Koleksi Kebun Raya Bogor berdasarkan Sekuen ITS nrDNA. Tujuan penelitian ini untuk mendapatkan hasil sekuens DNA dengan region ITS yang dapat digunakan untuk mengidentifikasi spesies dan mengetahui hubungan kekerabatan antara *Mangifera* sp. tersebut dengan databank *Mangifera* yang ada di NCBI

## **B. Batasan Masalah**

Batasan masalah penelitian pada ini adalah :

1. Berfokus pada identifikasi spesies *Mangifera* sp. berbasis sekuens ITS nrDNA Vak. (VII.E.180) Koleksi Kebun Raya Bogor
2. Hubungan kekerabatan secara filogenetik antara sampel dengan databank *Mangifera* sp. di Indonesia berbasis sekuens ITS nrDNA menggunakan NCBI

### **C. Rumusan Masalah**

Berdasarkan batasan masalah di dapatkan rumusan penelitian yaitu :

1. Bagaimana identitas molekuler *Mangifera* sp. vak (VII.E.180) Koleksi Kebun Raya Bogor menggunakan sekuen nrDNA dengan penanda ITS ?
2. Bagaimana hubungan kekerabatan *Mangifera* sp. (VII.E.180) di Kebun Raya Bogor dengan *Mangifera* jenis lain di Indonesia secara filogenetik berdasarkan genebank yang ada di NCBI?

### **D. Tujuan Penelitian**

Tujuan dari Penelitian ini adalah :

1. Untuk menganalisis identitas molekuler *Mangifera* sp. vak (VII.E.180) Koleksi Kebun Raya Bogor menggunakan sekuen nrDNA dengan penanda ITS
2. Untuk menganalisis hubungan kekerabatan *Mangifera* sp. (VII.E.180) di Kebun Raya Bogor dengan *Mangifera* jenis lain di Indonesia secara filogenetik berdasarkan genebank yang ada di NCBI

### **E. Manfaat Penelitian**

Manfaat dari penelitian ini yaitu :

1. Manfaat Teoritis

Manfaat teoritis dari proposal penelitian ini yaitu memberikan informasi yang lebih spesifik mengenai spesies tumbuhan. Proses identifikasi molekuler menggunakan DNA sebagai daerah yang diamati, dan bagian DNA yang umumnya digunakan untuk mengidentifikasi tumbuhan adalah fragmen DNA tertentu yang unik untuk setiap spesies. Hal ini memungkinkan untuk mengidentifikasi tumbuhan ke tingkat spesies dengan tingkat akurasi yang tinggi. Selain itu, identifikasi molekuler juga dapat

membantu *Mangifera* sp. dalam studi filogenetik untuk menyimpulkan hubungan kekerabatan antar spesies berdasarkan data karakter molekulernya.

## 2. Manfaat Praktis

Penelitian ini diharapkan dapat menambah pemahaman dalam mengidentifikasi suatu jenis tumbuhan dan dapat menambah jumlah spesies dalam koleksi tanaman *Mangifera* di Kebun Raya Bogor dan dapat dijadikan bahan acuan dalam penelitian molekuler yang terkait.