

BAB I

PENDAHULUAN

A. Latar Belakang

Aspleniaceae (*spleenwort*) adalah kelompok paku-pakuan banyak dijumpai di daerah tropis juga iklim sedang (*temperate*). Suku ini terdiri dari dua marga namun sebagian besar anggotanya adalah *Asplenium* L. dengan jumlah jenis hingga lebih dari 700 jenis. Keanekaragaman paku Aspleniaceae juga dijumpai di area pegunungan Asia dan Amerika (Smith, *et al.*, 2006; Woch, *et al.*, 2022). Marga *Asplenium* L. merupakan marga yang kosmopolitan dengan persebaran hingga 33% pada wilayah Asia (Xu, *et al.*, 2020). Jenis dari *Asplenium* L. juga dapat tumbuh di lantai hutan, tepian jurang, dan bebatuan (Kramer & Viane, 1990).

Salah satu jenis *Asplenium* yang tersebar di Indonesia adalah *Asplenium truncatum* Blume. Jenis ini memiliki kesamaan morfologi dengan jenis *Asplenium caudatum* G.Forst. sehingga banyak spesimen herbarium yang mengalami salah identifikasi (Salgado, 2020). Hal khusus yang membedakan *A. truncatum* dengan jenis *Asplenium* lainnya dapat dilihat dari adanya barisan paralel sori yang tumpang tindih (*imbricate*) dekat dengan kosta, sisik bercabang yang semakin berkurang pada bagian stipe dan rakis, serta torehan pada lobus pinna yang lebih dalam. Persebaran pada jenis *A. caudatum* meliputi daerah Polinesia, sedangkan jenis *A. truncatum* terdistribusi di wilayah Malesia, termasuk Jawa. Menurut Blume (1827), jenis *A. truncatum* memiliki dua morfotipe yaitu *A. truncatum* var. *crenulatum* dan *A. truncatum* var. *lobulatum*. Perbedaan dua morfotipe tersebut ada pada morfologinya yaitu bentuk torehan daun. Sejak pertama kali dideskripsikan oleh Blume, identitas dari kedua morfotipe masih jarang dibahas. Sementara itu, pangkalan data POWO (Plants of the World Online, 2023) memperlakukan morfotipe tersebut sebagai sinonim heterotipik bagi jenis *A. truncatum* saja.

Pengetahuan mengenai kekerabatan pada tumbuhan paku semakin berkembang dan berdampak pada pengelompokan atau klasifikasinya. Klasifikasi berbasis informasi molekuler (Smith *et al.*, 2006; PPG I, 2016) berbeda cukup signifikan dari klasifikasi klasik yang berbasis morfologi (Kramer, 1990). Karakter morfologi dapat menjadi tahap awal untuk membedakan jenis dan pengelompokan tumbuhan paku, yakni karakter-karakter diagnostik pada sorus termasuk seperti sporangia, indusia, dan spora, venasi daun dan susunan daun, rimpang, dan stipe (Pryer, *et al.*, 1995). Akan tetapi, klasifikasi berdasarkan morfologi sering dianggap kurang mencerminkan hubungan kekerabatan yang sesungguhnya. Karena itu, banyak kajian menggunakan data molekuler untuk menjelaskan kekerabatan terutama pada kelompok-kelompok yang bermasalah (Schneider, *et al.*, 2009).

Penggunaan data molekuler pada mulanya dianggap lebih kuat dibandingkan morfologi karena merefleksikan perubahan pada tingkat gen, sehingga tidak rentan terhadap masalah paralelisme atau konvergensi seperti pada perkembangan organ (Judd, *et al.*, 1999). Masalah yang dimaksud yakni kemunculan suatu ciri morfologi yang sama pada organ dari dua taksa yang berbeda melalui proses evolusi yang tidak sama. Namun pada kenyataannya persoalan serupa tetap terjadi pada level molekuler. Meskipun demikian, data molekuler mengandung lebih banyak karakter sehingga tetap dapat membuat pohon filogenetik lebih kuat daripada pohon yang didasarkan pada karakter morfologi saja. Tipe data molekuler yang digunakan berupa susunan gen pada genom dan urutan sekuens DNA. Genom yang digunakan umumnya diambil dari organel plastid atau kloroplas.

Sekuens DNA parsial maupun keseluruhan genom dapat bermanfaat dalam filogenetik. Sekuens genom lengkap memiliki kapasitas yang lebih besar dalam meningkatkan resolusi kekerabatan daripada sekuens parsial. Namun ukuran sekuens genom lengkap terlalu besar (hingga ratusan ribu pasangan basa) sehingga dinilai kurang praktis untuk fungsi pembeda jenis. Fungsi pembeda ini dapat menggunakan marka-marka tertentu dari genom yang disarankan sebagai

kode batang standar (*standard barcode*) atau barkoding (Alsos, *et al.*, 2020). Barkoding DNA digunakan sebagai pendekatan molekuler dalam mengidentifikasi jenis tumbuhan hanya dengan material dari potongan jaringan pada spesimen (Trujillo-Argueta, *et al.*, 2021). Potongan material tersebut menjadi sumber DNA untuk diamplifikasi (diperbanyak) pada segmen-segmen tertentu melalui proses *Polymerase Chain Reaction* (PCR). Proses ini dilanjutkan dengan teknik sekuensing sehingga diperoleh data sekuens atau urutan DNA dari segmen marka nukleotida yang diamplifikasi tersebut. Informasi sekuens DNA inilah yang kemudian akan dihimpun dalam suatu pangkalan data dan menjadi rujukan dalam membedakan jenis pada berbagai jenis tumbuhan termasuk kelompok tumbuhan paku (Yatabe, *et al.*, 2001).

Penggunaan data morfologi dan molekuler dalam analisis kekerabatan dapat berdampak pada perubahan nomenklatur tingkat taksonomi. Penyelidikan morfologi dapat menghasilkan pemantapan status taksonomi jenis yang mulanya dianggap bermasalah. Contohnya adalah jenis *Acrostichum speciosum* yang di Malesia menjadi sinonim bagi *Acrostichum aureum* (Sedayu, *et al.*, 2012), dan penemuan dua jenis baru *Diplazium* dari Sulawesi yang memiliki banyak persamaan dengan *Diplazium mutabile* (Hovenkamp, 2015). Penelitian serupa juga dilakukan secara molekuler yaitu pada marga *Acrophorus*, *Acrorumohra*, *Diacalpe*, *Dryopsis*, *Nothoperanema* dan *Peranema* yang kini dianggap menjadi satu dengan nama *Dryopteris* (Zhang, *et al.*, 2012). *Selliguea wusugongii* merupakan jenis baru, yang secara filogenetik dekat kekerabatannya dan mulanya dianggap sama dengan *Selliguea rhynchophylla* (Fan, *et al.*, 2021). Konsep suatu jenis dapat terpecah menjadi beberapa jenis atau variasi di bawah jenis, atau sebaliknya, beberapa jenis atau taksa lainnya bergabung menjadi menjadi satu, dapat terjadi sebagai hasil penelitian dalam kerangka revisi suatu kelompok taksa dengan menggunakan data morfologi maupun molekuler.

Pada publikasi terkini oleh Salgado (2020), *Asplenium truncatum* telah dimantapkan demarkasinya dari jenis yang berdekatan, dan portal POWO (Plants of the World Online, 2023) telah mengadopsi konsep ini. Akan tetapi,

kedudukan morfotipe atau varietas dari *A. truncatum* masih belum jelas. Penelitian sebelumnya pada *A. truncatum* yang hanya berdasarkan deskripsi morfologi saja, diperkaya pada penelitian ini dengan data morfometrik dan data molekuler. Pendekatan morfologi maupun molekuler diharapkan dapat mengonfirmasi sejumlah perbedaan yang mendukung kedua morfotipe dari *A. truncatum* sebagai entitas yang berbeda, baik pada level taksonomi jenis maupun di bawah jenis. Apabila perbedaan tersebut tidak cukup nyata maka variasi-variasi pada morfotipe tersebut terdukung untuk dianggap sebagai satu jenis.

B. Rumusan Masalah

Berdasarkan paparan pada latar belakang, dirumuskan permasalahan pada penelitian sebagai berikut:

1. Bagaimana hubungan kekerabatan morfotipe yang berbeda pada *Asplenium truncatum* berdasarkan informasi morfologi dan molekuler?
2. Bagaimana kegunaan penanda kloroplas yang berbeda dalam mengidentifikasi morfotipe yang berbeda pada *Asplenium truncatum*?

C. Tujuan Penelitian

Untuk mengatasi perumusan masalah, berikut tujuan dilakukannya penelitian adalah sebagai berikut:

1. Mengevaluasi hubungan kekerabatan antara morfotipe yang berbeda pada *Asplenium truncatum* dengan pendekatan morfologi dan molekuler.
2. Mengevaluasi kegunaan marka kloroplas yang berbeda dalam mengidentifikasi morfotipe yang berbeda pada *Asplenium truncatum*.

D. Manfaat Penelitian

Penelitian ini diharapkan dapat bermanfaat sebagai informasi maupun pengetahuan dalam ilmu taksonomi tumbuhan paku yang diharapkan berkontribusi pada pemahaman yang lebih baik mengenai kekerabatan dan taksonomi marga *Asplenium*.