

BAB I. PENDAHULUAN

A. Latar Belakang

Uncaria gambir, yang dikenal luas sebagai tumbuhan gambir, merupakan salah satu spesies dari genus *Uncaria* yang banyak ditemukan di Indonesia, terutama di wilayah Sumatera (Wardi *et al.*, 2022). Tanaman ini memiliki berbagai aplikasi dalam bidang kesehatan dan non-kesehatan. Penggunaan dalam bidang kesehatan yaitu, sebagai antioksidan, antibakteri, antihelmintik, antikanker, antijamur, antiinflamasi, antihiperqlikemik, antihiperurisemia, aktivitas peroksidasi antilipid, antihiperlipidemia dan aterosklerosis, serta penggunaan dalam bidang non-kesehatan, yaitu sebagai penyerap zat warna dan penghambat korosi (Munggari *et al.*, 2022). Menurut Dai *et al.* (2023) gambir memiliki berbagai aktivitas farmakologis di antaranya sebagai agen antihipertensi, penenang, antidepresan, dan antitrombotik. Gambir memiliki peran penting bagi masyarakat Indonesia, yaitu untuk bahan campuran dalam sirih, mengobati luka bakar, sakit kepala, diare, disentri, dan penyakit maag. Selain itu, gambir dimanfaatkan sebagai obat kumur, pengobatan diabetes, perawatan penyakit kulit, hingga pewarna alami untuk tekstil (Armenia *et al.*, 2024).

Produksi gambir di Indonesia terpusat di wilayah Sumatera, dengan Sumatera Barat dan Sumatera Selatan sebagai daerah utama, dimana Sumatera Barat dikenal sebagai produsen terbesar (Rauf *et al.*, 2015; Wardi *et al.*, 2020). Di Sumatera Barat, *U. gambir* terbagi menjadi beberapa tipe lokal, yaitu tipe Udang, Cubadak, Mancik (Riau Kecil), dan Riau (Riau Besar). Setiap tipe tanaman gambir

mempengaruhi kualitas produk yang dihasilkan, khususnya kandungan katekin (Wardi *et al.*, 2021). Katekin adalah senyawa utama dalam gambir yang menjadi indikator penting kualitas dan potensi penggunaannya. Dari berbagai tipe gambir, tipe Udang merupakan yang paling unggul karena memiliki kandungan katekin tertinggi, yaitu antara 14%-45%, diikuti oleh tipe Mancik (3%-33%), tipe Riau (9%-25%), dan tipe Cubadak (9%-17%) (Kristina *et al.*, 2016).

Keragaman tipe tanaman gambir yang digunakan dalam budidaya secara signifikan berkontribusi terhadap variasi produksi, baik dari segi kualitas maupun kuantitas. Namun, dalam praktiknya bibit yang digunakan di banyak lokasi budidaya sering kali tidak memiliki informasi yang jelas mengenai asal usulnya. Hal ini dapat mempengaruhi efisiensi budidaya dan menghambat pengembangan varietas unggul. Dalam upaya meningkatkan efisiensi budidaya, identifikasi serta evaluasi keragaman genetik tanaman gambir sangat penting. Hal ini dikarenakan identifikasi menggunakan karakter morfologi memiliki kendala karena adanya kesamaan fenotip antartipe. Salah satu pengecualian adalah tipe Udang yang memiliki karakteristik yang unik berupa daun berwarna merah. Sementara itu, tipe Riau Besar cenderung memiliki daun yang lebih kecil dibandingkan dengan tipe Cubadak yang lebih besar dan lebar. Wardi *et al.*, (2020) telah mencoba mengidentifikasi perbedaan genetik di antara keempat tipe tanaman gambir menggunakan analisis molekuler berbasis sekuen *matK* dan *rbcL*. Namun, hasilnya menunjukkan tidak adanya diferensiasi genetik di antara tipe-tipe tersebut. Dalam penelitian lanjutan, Wardi *et al.*, (2021) menganalisis keempat tipe gambir dengan menggunakan sekuen ITS (*Internal Transcribed Spacer*). Namun, berdasarkan

hasil penelitian tersebut hanya tipe Cubadak yang menunjukkan perbedaan genetik yang signifikan dibandingkan dengan tipe lainnya. Oleh karena itu, untuk mengatasi keterbatasan dalam identifikasi genetik antar tipe *U. gambir*, diperlukan pendekatan autentikasi molekuler yang lebih presisi. Pendekatan ini mencakup peningkatan jumlah sampel yang representatif serta penggunaan penanda molekuler, seperti ITS (*Internal Transcribed Spacer*) dan *trnL-F intergenic spacer*, sehingga berkemungkinan akan ditemukan diferensiasi genetik antara tipe tanaman gambir tersebut.

Diferensiasi genetik dapat dilakukan dengan cara DNA barcoding. DNA barcoding merupakan metode yang dapat secara akurat mengidentifikasi spesies berdasarkan analisis sekuen atau fragmen pendek DNA. Teknik ini mengatasi berbagai keterbatasan yang sering terjadi pada metode identifikasi tradisional, seperti pengaruh faktor lingkungan, fase pertumbuhan, serta keragaman morfologi dalam satu spesies. Beberapa wilayah DNA telah diperkenalkan sebagai kandidat *barcode* potensial untuk tanaman obat, termasuk ITS2, *psbA-trnH*, *matK*, *rbcL*, ITS, *ycf5*, dan *rpoC1* (Tang *et al.*, 2016). Dari berbagai penanda tersebut, ITS (*Internal Transcribed Spacer*) merupakan salah satu yang paling banyak digunakan dalam identifikasi genetik tanaman. Penggunaan penanda ini menunjukkan potensi besar dalam mendukung penelitian genetik dan autentikasi spesies, khususnya untuk tanaman obat dan budidaya bernilai tinggi. Keunggulan sekuen ITS (*Internal Transcribed Spacer*) terletak pada karakteristik genetiknya yang unik. Fragmen DNA ini memiliki panjang rata-rata sekitar 800 bp dan terletak di antara gen pengkode 18S, 5.8S, dan 26S pada DNA ribosomal (rDNA), yang tersusun dalam

rangkaian kromosom (Zhu *et al.*, 2018). ITS memiliki sifat universal, berada di wilayah yang terkonservasi, dan mengandung informasi genetik yang kaya, menjadikannya sebagai salah satu penanda molekuler yang andal untuk identifikasi spesies dengan tingkat presisi yang tinggi. Keunggulan ini juga menjadikannya relevan untuk mengidentifikasi tipe dalam spesies seperti *U. gambir*. Di sisi lain, *trnL-trnF* adalah *intergenic spacer*, yaitu wilayah *non-coding* yang terletak di antara gen *trnL* (UAA) dan *trnF* (GAA) pada DNA kloroplas. Wilayah ini cenderung memiliki tingkat mutasi yang lebih tinggi dibandingkan dengan daerah pengkode seperti *matK* dan *rbcL*, sehingga menunjukkan variasi genetik yang lebih besar (Borsch & Quandt, 2009). Oleh karena itu, penggunaan penanda molekuler ITS dan *trnL-trnF intergenic spacer* memiliki potensi besar untuk diterapkan dalam identifikasi tipe tanaman pada *U. gambir*. Dengan demikian, jika ditemukan identitas genetik dari tipe *U. gambir* akan sangat bermanfaat dalam pemilihan bibit unggul tanaman gambir di Sumatera Barat.

B. Rumusan Masalah

Adapun rumusan masalah dalam penelitian ini yaitu;

1. Bagaimana variasi genetik (haplotipe) *U. gambir* (gambir) di Sumatera Barat berdasarkan sekuen ITS (*Internal Transcribed Spacer*) dan *trnL-F intergenic spacer*?
2. Bagaimana identitas genetik gambir tipe Udang sebagai bibit unggul berdasarkan pendekatan sekuen ITS (*Internal Transcribed Spacer*) dan *trnL-F intergenic spacer*?

C. Tujuan Penelitian

Adapun tujuan dari penelitian ini yaitu,

1. Menganalisis variasi genetik (haplotipe) *U. gambir* (gambir) berdasarkan sekuen ITS (*Internal Transcribed Spacer*) dan *trnL-F intergenic spacer*.
3. Membedakan identitas genetik gambir tipe Udang sebagai bibit unggul berdasarkan pendekatan sekuen ITS (*Internal Transcribed Spacer*) dan *trnL-F intergenic spacer*?

D. Manfaat Penelitian

Manfaat penelitian ini yaitu, memberikan informasi mengenai identitas genetik masing-masing tipe tanaman *U. gambir* (gambir) yang dapat dijadikan sebagai landasan untuk mendeteksi varian unggul tanaman gambir serta landasan dalam pengecekan adultrasi pada produk gambir.

