



Studi Filogenetik Kantung Semar (*Nepenthes* spp.) Berdasarkan Sekuens Gen *Nep2* dan *trnK* di Paparan Sunda: Studi in Silico

Lilin Ika Nur Indahsari

Program Studi Tadris Biologi, Jurusan Pendidikan Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Fakultas Tarbiyah dan Ilmu Keguruan, IAIN Palangka Raya, Kalimantan Tengah, Indonesia

Surel penanggung jawab tulisan: lilinika.nurindahsari@iain-palangka.ac.id

Article History

Received: 15 March 2023. Received in revised form: 11 April 2023. Accepted: 2 May 2023.

Abstrak. Kantung semar (*Nepenthes* spp.) tersebar di Paparan Sunda. Penelitian bertujuan untuk menganalisis profil filogenetik *Nepenthes* spp. di Paparan Sunda berdasarkan sekuens gen *Nep2* dan *trnK*. Penelitian ini dilakukan secara in silico, dengan mengunduh sekuens dari 21 spesies gen *Nep2* dan 29 spesies sekuens gen *trnK*. Spesies *Nepenthes* dalam penelitian ini berasal dari pulau di Paparan Sunda yaitu Sumatera dan Kalimantan sebagai *in group* dan *out group* dari Pulau Sulawesi dan Papua. Sekuens dianalisis jarak genetisnya menggunakan metode p-distance. Pohon filogenetik dikonstruksi dengan analisis Maximum Likelihood pada software MEGAX. Hasil analisis pohon filogenetik berdasarkan sekuens gen *Nep2* menunjukkan adanya 2 clade utama yaitu clade I, terdiri dari 19 spesies *Nepenthes* yang berasal dari Kalimantan, Sumatera, dan Sulawesi dan clade II yang terdiri dari dua spesies yaitu *N. tobaica* dan *N. papuana*. Pohon filogenetik berdasarkan gen *trnK* juga menunjukkan 2 clade utama yaitu clade I yang terdiri dari 26 spesies dari Kalimantan, Sumatera, Sulawesi, dan Papua dan clade II dari *N. hamata* (Sulawesi), *N. muluensis* dan *N. murudensis* (Kalimantan). Dua puluh enam spesies pada clade I memiliki jarak genetik antara 0,05%-2,17%, sedangkan tiga spesies pada clade II memiliki jarak genetik antara 8,27%-10,02%. Perbedaan jarak genetik dan terbentuknya clade pada pohon filogenetik tersebut diprediksikan akibat sejarah geologi terbentuknya pulau-pulau yang berasal dari Paparan Sunda dan Paparan Sahul.

Kata Kunci: Filogenetik, *Nepenthes* spp., *Nep2*, *trnK*

Abstract. The pitcher plant (*Nepenthes* spp.) has the highest species diversity in Sunda Shelf. This study aims to analyze the phylogenetic profile of *Nepenthes* spp. in Sunda Shelf based on *Nep2* and *trnK* gene sequences. This research was conducted by in silico, downloaded from the Genbank website. The sequences consisted of 21 species for the *Nep2* gene sequence and 29 species for the *trnK* gene sequence. The *Nepenthes* species used in this study were *Nepenthes* of Sunda Shelf including Sumatera and Kalimantan as in group also *Nepenthes* of Sulawesi and Papua as out group. The downloaded sequences were then analyzed for their genetic distance using p-distance method. The phylogenetic tree was constructed using Maximum Likelihood analysis on MEGAX software. The results of the phylogenetic tree analysis based on *Nep2* gene sequences showed that there were 2 main clades, clade I which consisted of 19 *Nepenthes* species of Kalimantan, Sumatera, and Sulawesi and clade II which consisted of two species, namely *N. Tobaica* (Sumatera) and *N. Papuana* (Papua). The phylogenetic tree analysis based on the *trnK* gene showed that there were 2 main clades, clade I consisting of 26 *Nepenthes* species of Kalimantan, Sumatera, Sulawesi, and Papua and clade II consisting of *N. hamata* (Sulawesi), *N. muluensis* and *N. murudensis* (Kalimantan). A Total of 26 species in clade I have a genetic distance between 0.05%-2.17%, while the 3 species in clade II have a genetic distance between 8.27%-10.02%. Differences in genetic distance and the formation of clades in the phylogenetic tree are predicted to be due to the geological history of the formation of islands originating from the Sunda Shelf and Sahul Shelf.

Keywords: Phylogenetic, *Nepenthes* spp., *Nep2*, *trnK*

1. PENDAHULUAN

Kepulauan Indo-Australia merupakan wilayah geografi tropis paling kompleks di bumi dan mengalami sejarah perubahan geologi yang kompleks. Wilayah ini meliputi Paparan Sunda di sisi barat dan Paparan Sahul di sisi timur. Paparan Sunda dan Sahul mengalami proses penyatuan dan pemisahan kepulauan sejak awal zaman tersier Eosen (~50 juta tahun yang lalu) hingga zaman Pleistosen (~250.000 tahun yang lalu) (Hall, 2012).

Paparan Sunda di wilayah Indonesia saat ini memisah menjadi beberapa pulau yaitu Sumatera, Kalimantan (termasuk Malaysia), Jawa serta pulau-pulau kecil di sekitarnya. Paparan Sahul membentang dari Australia utara, meliputi Laut Timor menyambung ke Laut Arafura sampai Pulau Papua (Hall *et al.*, 2009). Pulau Sulawesi terbentuk pada zona terjadinya tumbukan antara Paparan Sunda dari sisi barat dan Paparan Sahul dari sisi timur (Mokodongan & Yamahira, 2015). Proses tumbukan dua paparan telah memicu proses isolasi populasi dan pembentukan pola persebaran spesies flora maupun fauna yang unik sehingga terbentuk diversitas spesies yang tinggi (Hall *et al.*, 2009).

Diversitas spesies yang tinggi tersebut meliputi kelompok flora yang terdiri dari tumbuhan sederhana hingga tumbuhan berbunga. Indonesia diperkirakan memiliki 25% dari spesies tumbuhan berbunga yang ada di dunia atau mencapai 20.000 spesies, dan 40% di antaranya merupakan tumbuhan endemik di Indonesia (Kusmana & Hikmat, 2015; Tambuwun *et al.*, 2017). Salah satu famili tumbuhan yang memiliki endemisitas tinggi di Indonesia yaitu Nepentheceae.

Nepenthes adalah satu-satunya genus dari famili Nepenthaceae, salah satu famili tumbuhan karnivora terbesar dan bagian dari Caryophyllales. Hampir 300 nama spesies telah diidentifikasi dalam genus ini dan ada sekitar 160–180 spesies yang belum teridentifikasi. Dari keseluruhan spesies tersebut, lebih dari separuhnya telah ditemukan di Pulau Sumatera dan Kalimantan (Clarke & Moran, 2016; Ginting, 2018). Spesies *Nepenthes* yang endemik terdapat di Wilayah Indonesia antara lain Sumatera, Kalimantan, Sulawesi, dan Papua (Bunawan *et al.*, 2017). Berdasarkan data diversitas dan endemisitas yang tinggi tersebut, taksonomi dan sistematika Genus *Nepenthes* mengalami beberapa kerancuan sebagai akibat dari ketidakpastian profil filogenetik (Cheek *et al.*, 2018). Delimitasi spesies antar satu dengan yang lain menyebabkan kajian filogenetik pada Genus *Nepenthes* terus

mengalami perubahan dan perkembangan. Oleh karena itu diperlukan analisis filogenetik pada Genus *Nepenthes*, terutama pada pulau di Paparan Sunda.

2. METODE PENELITIAN

Sekuens gen Nep2 dan trnK dikoleksi dengan cara mengunduh file sekuens pada website Genbank (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) dalam format fasta. Total 50 sekuens yang tersedia di Genbank yang diunduh terdiri dari 21 sekuens gen Nep2 dan 29 sekuens gen trnK. Sekuens spesies *Nepenthes* spp. diambil dari beberapa pulau yang berasal dari Paparan Sunda sebagai *in group* dan Paparan Sahul sebagai *out group* yang tercatat memiliki keanekaragaman *Nepenthes* spp., antara lain Kalimantan, Sumatera, Sulawesi, dan Papua. Data keseluruhan sekuens gen Nep2 dan trnK ditampilkan pada Tabel 1.

Sekuens gen Nep2 dan trnK yang telah diunduh dalam format fasta kemudian disejajarkan menggunakan software MEGA X. Penyejajaran dilakukan dengan metode Clustal W. Sekuens yang telah disejajarkan kemudian dianalisis jarak genetisnya menggunakan metode *pairwise distance* (*p distance*) dan didapatkan hasil jarak genetik dalam Ms. Excel. Konstruksi pohon filogenetik menggunakan analisis Maximum Likelihood pada software MEGA X (Kumar *et al.*, 2018).

Tabel 1. Spesies berdasarkan sekuens gen trnK dan Nep2 yang diunduh dari Genbank

No	Gen trnK			Gen Nep2		
	Nama spesies	Lokasi	Accession Number	Nama spesies	Lokasi	Accession Number
1	<i>N. ampullaria</i>	Kalimantan	DQ007092	<i>N. campanulata</i>	Kalimantan	AB769069
2	<i>N. albomarginata</i>	Kalimantan	DQ007091	<i>N. chaniana</i>	Kalimantan	AB769070
3	<i>N. bicalcarata</i>	Kalimantan	DQ007096	<i>N. ehippiata</i>	Kalimantan	AB769074
4	<i>N. boschiana</i>	Kalimantan	DQ007097	<i>N. faizaliana</i>	Kalimantan	AB769075
5	<i>N. clipeata</i>	Kalimantan	DQ007099	<i>N. gracilis</i>	Kalimantan	AB114915
6	<i>N. burbidgeae</i>	Kalimantan	DQ007098	<i>N. mirabilis</i>	Kalimantan	JX494402
7	<i>N. mapuluensis</i>	Kalimantan	DQ007124	<i>N. platychila</i>	Kalimantan	AB769082
8	<i>N. macrophylla</i>	Kalimantan	DQ007121	<i>N. tentaculata</i>	Kalimantan	AB769089
9	<i>N. macrovulgaris</i>	Kalimantan	DQ007122	<i>N. stenophylla</i>	Kalimantan	AB769086
10	<i>N. muluensis</i>	Kalimantan	DQ007129	<i>N. rajah</i>	Kalimantan	AB769093
11	<i>N. murudensis</i>	Kalimantan	DQ007130	<i>N. adnata</i>	Sumatera	AB769066
12	<i>N. northiana</i>	Kalimantan	DQ007132	<i>N. densiflora</i>	Sumatera	AB769072
13	<i>N. pilosa</i>	Kalimantan	DQ007137	<i>N. longifolia</i>	Sumatera	AB769094

14	<i>N. rafflesiana</i>	Kalimantan	DQ007138	<i>N. Naga</i>	Sumatera	AB769079
15	<i>N. reinwardtiana</i>	Kalimantan	DQ007141	<i>N. ovate</i>	Sumatera	AB769080
16	<i>N. veitchii</i>	Kalimantan	DQ007155	<i>N. Sumaterana</i>	Sumatera	AB769087
17	<i>N. villosa</i>	Kalimantan	DQ007157	<i>N. lingulata</i>	Sumatera	AB769078
18	<i>N. fusca</i>	Kalimantan	DQ007108	<i>N. talangensis</i>	Sumatera	AB769088
19	<i>N. lowii</i>	Kalimantan	DQ007119	<i>N. tobaica</i>	Sumatera	AB769091
20	<i>N. aristolochioides</i>	Sumatera	DQ007094	<i>N. glabrata</i>	Sulawesi	AB769076
21	<i>N. dubia</i>	Sumatera	DQ007103	<i>N. papuana</i>	Papua	AB769081
22	<i>N. eustachya</i>	Sumatera	DQ007105			
23	<i>N. inermis</i>	Sumatera	DQ007115			
24	<i>N. lavicola</i>	Sumatera	DQ007117			
25	<i>N. rhombicaulis</i>	Sumatera	DQ007142			
26	<i>N. singalana</i>	Sumatera	DQ007144			
27	<i>N. eymae</i>	Sulawesi	DQ007106			
28	<i>N. hamata</i>	Sulawesi	DQ007105			
29	<i>N. lamii</i>	Papua	DQ007116			

3. HASIL DAN PEMBAHASAN

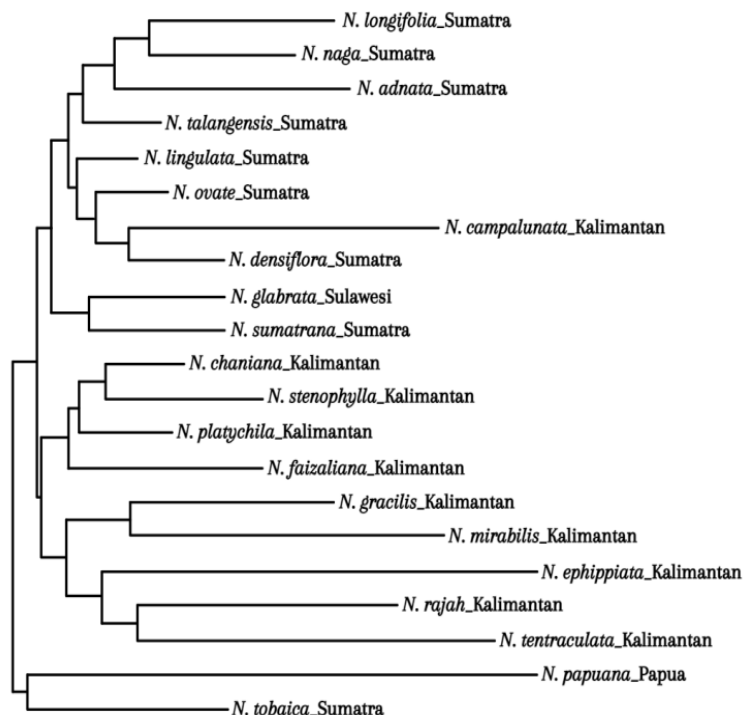
Hasil analisis jarak genetik Genus *Nepenthes* berdasarkan sekuens gen Nep2 menunjukkan adanya rentang jarak genetik intra spesies dalam Genus *Nepenthes* antara 0.02%-0.05%. Jarak genetik yang terbesar dimiliki oleh *N. papuana* yang merupakan spesies endemik di Papua. Hasil perhitungan jarak genetik berdasarkan sekuens gen Nep2 disajikan pada Gambar 1.

Hasil konstruksi pohon filogenetik Genus *Nepenthes* berdasarkan sekuens gen Nep2 menunjukkan terbentuknya dua clade besar. Clade I berisi *Nepenthes* yang berasal dari Sumatera, Kalimantan, dan Sulawesi, sedangkan Clade II yang berisi *N. papuana* dari Papua dan *N. tobaica* dari Danau Toba (Sumatera). Meletusnya gunung Toba pada masa Pleistosen menciptakan beberapa karakter topografi daratan, di antaranya sungai, danau, dan gunung yang menjadi barier dalam persebaran spesies. Efek ini menimbulkan endemisitas spesies (Arora *et al.*, 2010). *N. papuana* yang memiliki jarak genetik terjauh diprediksikan karena daratan Papua berasal seluruhnya dari Paparan Sahul, yang tidak pernah bersatu lagi dengan Paparan Sunda setelah terpisah dari daratan besar Gondwana pada masa lalu (Boer *et al.*, 2015). Hal ini menunjukkan adanya isolasi geografis yang telah

berlangsung lama sehingga *N. papuana* memiliki sekuens gen Nep2 yang berbeda dengan *Nepenthes* dari pulau-pulau di Paparan Sunda.

No	Species	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	
1	<i>N. adnata</i>																					
2	<i>N. lingulata</i>	0,02																				
3	<i>N. talangensis</i>	0,02	0,01																			
4	<i>N. platycheila</i>	0,02	0,01	0,01																		
5	<i>N. chaniana</i>	0,02	0,01	0,01	0,01																	
6	<i>N. ovata</i>	0,02	0,01	0,01	0,01	0,01																
7	<i>N. naga</i>	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,01															
8	<i>N. glabrata</i>	0,02	0,01	0,01	0,02	0,01	0,02	0,02														
9	<i>N. longifolia</i>	0,02	0,02	0,01	0,02	0,03	0,02	0,02	0,03													
10	<i>N. densiflora</i>	0,02	0,01	0,02	0,01	0,02	0,01	0,02	0,02	0,02												
11	<i>N. sumatrana</i>	0,02	0,01	0,01	0,02	0,01	0,02	0,02	0,01	0,03	0,02											
12	<i>N. stenophylla</i>	0,02	0,02	0,02	0,01	0,01	0,02	0,03	0,02	0,03	0,02	0,02										
13	<i>N. tobaica</i>	0,03	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02									
14	<i>N. faizaliana</i>	0,03	0,02	0,02	0,01	0,02	0,02	0,03	0,02	0,03	0,02	0,02	0,02	0,02								
15	<i>N. gracilis</i>	0,03	0,02	0,02	0,02	0,02	0,02	0,03	0,02	0,03	0,02	0,03	0,03	0,03	0,03							
16	<i>N. campanulata</i>	0,03	0,02	0,02	0,02	0,03	0,02	0,03	0,03	0,03	0,03	0,02	0,03	0,03	0,03	0,03						
17	<i>N. rajah</i>	0,04	0,02	0,02	0,03	0,03	0,02	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03					
18	<i>N. mirabilis</i>	0,04	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,04	0,03	0,03	0,04				
19	<i>N. tentaculata</i>	0,04	0,03	0,03	0,03	0,03	0,03	0,04	0,03	0,04	0,03	0,03	0,03	0,04	0,03	0,04	0,04	0,03	0,04			
20	<i>N. ephippiata</i>	0,04	0,03	0,03	0,04	0,04	0,03	0,04	0,04	0,04	0,04	0,04	0,03	0,04	0,04	0,04	0,04	0,04	0,04	0,04		
21	<i>N. papuana</i>	0,05	0,04	0,04	0,04	0,04	0,04	0,04	0,04	0,04	0,04	0,04	0,04	0,04	0,04	0,04	0,05	0,05	0,05	0,05	0,05	

Gambar 1. Jarak genetik spesies *Nepenthes* berdasarkan sekuens gen Nep2



Gambar 2. Pohon filogenetik *Nepenthes* berdasarkan sekuens gen Nep2 menggunakan analisis Maximum Likelihood

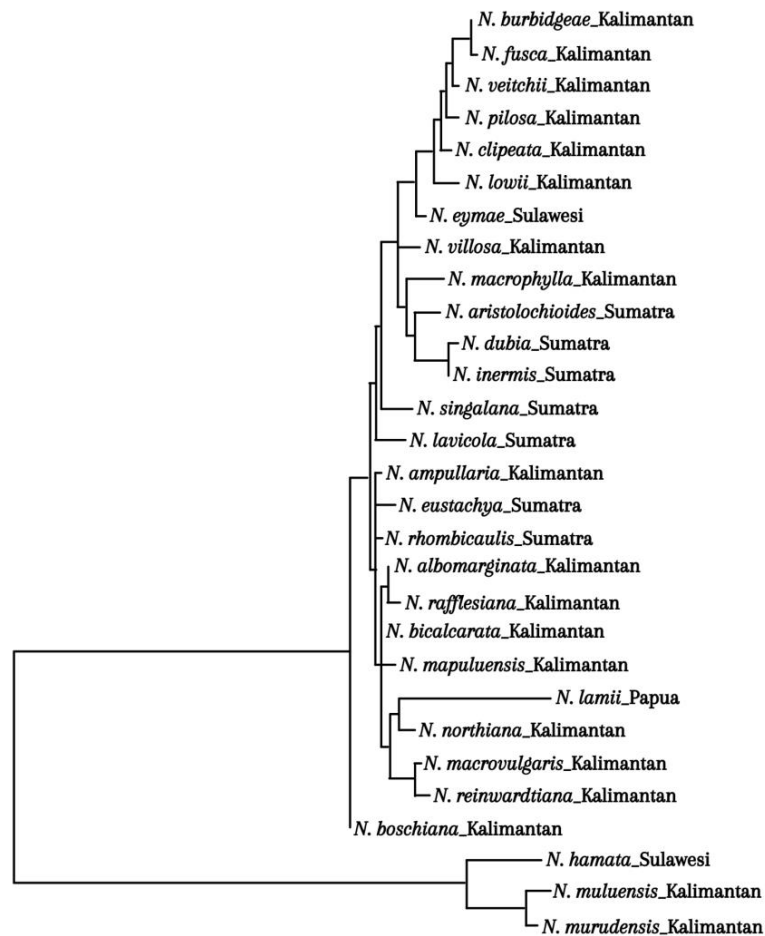
Posisi *N. glabarata* dari Sulawesi pada pohon filogenetik yang berada pada cabang yang sama dengan *N. Sumaterana* merupakan posisi yang unik karena Sulawesi merupakan Pulau yang terbentuk dengan perpaduan antara daratan dari Sunda dan Sahul pada zaman Miosen (Hall, 2012). Sebagian daratan Sulawesi yang berasal dari Paparan Sunda mengindikasikan bahwa terdapat migrasi spesies dan aliran gen antara *Nepenthes* di Sulawesi dan Sumatera.

Hasil analisis jarak genetik Genus *Nepenthes* berdasarkan sekuens trnK menunjukkan rentang jarak genetik yang cukup besar yaitu antara 0.05%-10.02%. Spesies yang memiliki jarak genetik paling besar ada tiga yaitu *N. muluensis* dan *N. murudensis* dari Kalimantan dan *N. hamata* dari Sulawesi. Hasil perhitungan jarak genetik ditampilkan pada Gambar 3.

No	Spesies	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26	27	28		
1	<i>N. albomarginata</i>																														
2	<i>N. bicalcarata</i>	0,05																													
3	<i>N. rafflesiana</i>	0,11	0,18																												
4	<i>N. rhombicaulis</i>	0,20	0,10	0,20																											
5	<i>N. boschiana</i>	0,18	0,30	0,30	0,30																										
6	<i>N. mapuluensis</i>	0,20	0,10	0,29	0,23	0,41																									
7	<i>N. ampullaria</i>	0,17	0,11	0,29	0,11	0,29	0,00																								
8	<i>N. eustachya</i>	0,29	0,23	0,41	0,23	0,41	0,35	0,23																							
9	<i>N. northiana</i>	0,35	0,29	0,47	0,41	0,53	0,41	0,41	0,53																						
10	<i>N. reinwardtiana</i>	0,41	0,41	0,53	0,41	0,41	0,53	0,41	0,53	0,53																					
11	<i>N. macrovulgaris</i>	0,35	0,35	0,47	0,47	0,47	0,47	0,47	0,59	0,47	0,17																				
12	<i>N. javicola</i>	0,53	0,47	0,65	0,47	0,53	0,59	0,47	0,59	0,65	0,78	0,84																			
13	<i>N. aristolochioides</i>	0,59	0,59	0,71	0,59	0,59	0,71	0,59	0,71	0,78	0,71	0,78	0,71																		
14	<i>N. inermis</i>	0,59	0,53	0,71	0,53	0,71	0,65	0,53	0,65	0,71	0,78	0,84	0,65	0,53																	
15	<i>N. singalana</i>	0,59	0,53	0,71	0,53	0,59	0,65	0,53	0,65	0,71	0,84	0,90	0,59	0,78	0,71																
16	<i>N. villosa</i>	0,65	0,59	0,78	0,59	0,65	0,71	0,59	0,71	0,78	0,90	0,96	0,71	0,59	0,65	0,65															
17	<i>N. veitchii</i>	0,71	0,65	0,84	0,65	0,59	0,78	0,65	0,78	0,78	0,84	0,90	0,59	0,65	0,71	0,78	0,65														
18	<i>N. pilosa</i>	0,71	0,65	0,84	0,65	0,59	0,77	0,65	0,77	0,78	0,84	0,90	0,59	0,78	0,84	0,78	0,78	0,23													
19	<i>N. clipeata</i>	0,65	0,59	0,78	0,59	0,53	0,71	0,59	0,71	0,71	0,78	0,84	0,41	0,71	0,78	0,71	0,71	0,29	0,29												
20	<i>N. dubia</i>	0,71	0,65	0,84	0,65	0,84	0,78	0,65	0,78	0,84	0,90	0,96	0,78	0,65	0,11	0,84	0,78	0,84	0,96	0,90											
21	<i>N. macrophylla</i>	0,65	0,59	0,78	0,59	0,77	0,71	0,59	0,71	0,78	0,90	0,96	0,84	0,59	0,65	0,90	0,53	0,78	0,90	0,84	0,77										
22	<i>N. gymna</i>	0,71	0,65	0,84	0,65	0,59	0,78	0,65	0,78	0,78	0,84	0,90	0,71	0,65	0,71	0,65	0,41	0,35	0,47	0,41	0,84	0,65									
23	<i>N. lowii</i>	0,78	0,71	0,90	0,71	0,71	0,84	0,71	0,84	0,65	0,84	0,90	0,65	0,84	0,78	0,71	0,71	0,47	0,47	0,41	0,90	0,96	0,47								
24	<i>N. burbridgeae</i>	0,78	0,71	0,90	0,71	0,71	0,84	0,71	0,84	0,78	0,96	1,02	0,65	0,71	0,78	0,84	0,71	0,23	0,35	0,41	0,90	0,84	0,47	0,47							
25	<i>N. flacca</i>	0,84	0,78	0,96	0,78	0,78	0,90	0,78	0,90	0,84	1,02	1,08	0,71	0,65	0,71	0,90	0,78	0,29	0,41	0,47	0,84	0,78	0,53	0,53	0,05						
26	<i>N. lamii</i>	1,62	1,56	1,74	1,68	1,81	1,68	1,68	1,81	1,56	1,81	1,74	1,93	2,05	1,99	1,93	2,05	2,05	2,05	1,99	2,11	2,05	2,05	1,99	2,11	2,17					
27	<i>N. muluensis</i>	8,27	8,33	8,40	8,33	8,14	8,47	8,33	8,47	8,60	8,41	8,54	8,74	8,81	8,67	8,67	8,60	8,61	8,74	8,67	8,81	8,60	8,47	8,74	8,88	8,94	10,02				
28	<i>N. hamata</i>	8,27	8,34	8,40	8,34	8,14	8,47	8,34	8,47	8,61	8,41	8,54	8,74	8,74	8,81	8,81	8,88	8,74	8,74	8,67	8,94	8,87	8,74	8,88	8,88	8,95	10,02	1,50			
29	<i>N. murudensis</i>	8,27	8,33	8,40	8,33	8,14	8,47	8,33	8,47	8,60	8,41	8,54	8,74	8,81	8,67	8,67	8,60	8,61	8,74	8,67	8,81	8,60	8,47	8,74	8,88	8,94	10,02	0,35	1,38		

Gambar 3. Jarak genetik spesies *Nepenthes* berdasarkan sekuens gen trnK

Pohon filogenetik *Nepenthes* spp. berdasarkan sekuens gen trnK menunjukkan hasil yang konsisten dengan perhitungan jarak genetisnya (Gambar 4).



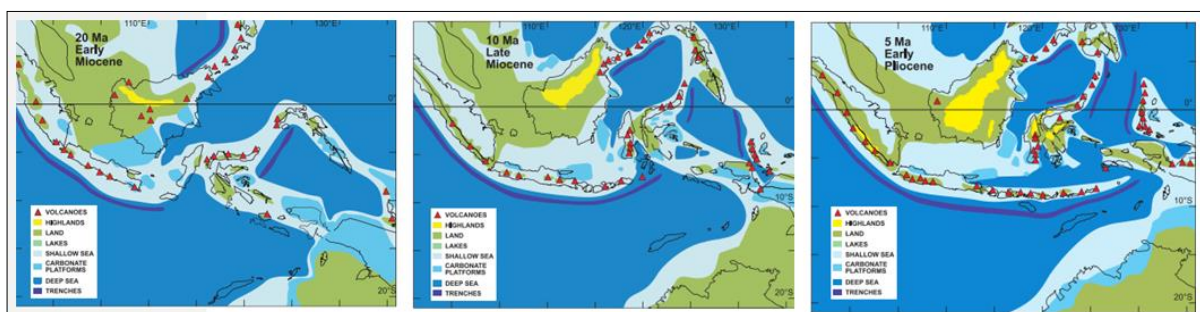
Gambar 4. Pohon filogenetik *Nepenthes* berdasarkan sekuens gen trnK menggunakan analisis Maximum Likelihood

Terdapat dua clade besar yaitu clade I yang terdiri dari *Nepenthes* dari Sumatera, Kalimantan, dan, Papua, serta clade II yang terdiri dari *N. muluensis* dan *N. murudensis* dari Kalimantan serta *N. hamata* dari Sulawesi. *N. muluensis* adalah spesies endemik pada gunung tinggi, utamanya di Gunung Mulu (Sisi utara Pulau Kalimantan). *N. muluensis* beradaptasi pada ketinggian dengan memangsa serangga tertentu yang memiliki nilai gizi tinggi seperti *A. cerana* (lebah madu Asia) (Chin *et al.*, 2014). Proses adaptasi *N. muluensis* diprediksikan mempengaruhi karakter spesies ini baik secara morfologi maupun karakter gen. *N. murudensis* merupakan spesies endemik di Gunung Murud (Sisi utara Pulau Kalimantan) (Gray *et al.*, 2017). Endemisitas dari *N. murudensis* ini diprediksi juga berpengaruh terhadap laju mutasi gen trnK sehingga diperoleh jarak genetik yang besar (8.27-10.02%). *N. hamata* dari Sulawesi juga merupakan spesies endemik di Gunung Katopasa. Sulawesi sendiri merupakan salah satu pulau yang unik karena sejarah terbentuknya sangat kompleks dan merupakan gabungan antara Paparan Sunda dan

Paparan Sahul. Proses penyatuan daratan ini juga menyebabkan diversifikasi dan endemisitas spesies di dalamnya menjadi sangat unik (Boer *et al.*, 2015).

Pegunungan berdasarkan karakteristik fisiknya berpotensi mengubah karakteristik makhluk hidup di sekitarnya, baik karakter morfologis maupaun karakter genetis. Kondisi fisik pegunungan menyebabkan peningkatan heterogenitas habitat (menghasilkan adaptasi lokal, dan sebagai penghalang lingkungan) dan kemungkinan hambatan geografis untuk aliran gen. Beberapa studi menyatakan bahwa gunung dianggap sebagai penghalang atau jembatan penyebaran spesies. Manakah dari peran yang dimainkan pegunungan ini bergantung pada persyaratan ekologis dan fisiologis spesies, serta kemampuan penyebarannya (Perrigo *et al.*, 2019; Liu *et al.*, 2018). Berdasarkan hasil penelitian ini bahwa kondisi gunung lebih mengarah pada penghalang penyebaran spesies.

Proses geologis Paparan Sunda dan Paparan Sahul sejak zaman Meiosen hingga Pleiosen menyebabkan beberapa jenis spesies baik flora maupun fauna mengalami pemisahan atau persebaran, sehingga spesies tersebut harus beradaptasi dengan kondisi lingkungan, suhu, dan habitat yang baru. Akibat dari peristiwa tersebut dapat memunculkan karakter morfologi, anatomi, dan molekuler baru yang sangat berbeda dengan spesies sebelumnya dalam satu populasi. Peristiwa ini disebabkan oleh adanya mekanisme isolasi yang terjadi antara populasi dan interaksi antara populasi dengan lingkungannya sebagai bentuk adaptasi untuk dapat mempertahankan siklus kehidupan dan keturunannya. Di sisi lain, peristiwa tersebut juga memunculkan diferensiasi karakter suatu spesies sebagai bentuk adanya interaksi antara kedua faktor tersebut (Boer *et al.*, 2015; Clarke & Moran, 2016; Hall, 2012).



Gambar 5. Peta rekonstruksi sejarah geologi Paparan Sunda dan Paparan Sahul (Hall *et al.*, 2009)

Pada penelitian ini diketahui bahwa gen *trnK* mempunyai laju mutasi yang tinggi pada *N. hamata*, *N. muluensis*, dan *M. murudensis* dibuktikan dengan jarak genetik yang jauh lebih besar (8.27-10.02%). Laju mutasi ini bisa dipengaruhi oleh proses adaptasi *Nepenthes* tersebut pada habitat pegunungan tinggi dengan cekaman fisiologis yang tinggi pula. Akan tetapi, perlu adanya penelitian lebih lanjut mengenai variasi gen *trnK* khususnya pada *Nepenthes* yang memiliki habitat di ketinggian.

4. SIMPULAN

Hasil analisis profil filogenetik Genus *Nepenthes* di Paparan Sunda berdasarkan sekuens gen *Nep2* dan *trnK* menunjukkan adanya pengelompokan antar spesies yang berbeda antar satu pulau dengan pulau lainnya. Hal ini diprediksikan akibat dari sejarah geologis Paparan Sunda yang membentuk pulau-pulau dan memunculkan barrier geografis antara satu populasi *Nepenthes* dengan populasi *Nepenthes* lainnya menyebabkan diversitas dan endemisitas yang tinggi. Selain sejarah geologis paparan Sunda, keberadaan gunung sebagai barrier geografis juga memunculkan perbedaan genetik yang cukup jauh antara satu spesies dengan spesies lainnya dan memunculkan endemisitas. Hasil penelitian ini membuka peluang penelitian berikutnya tentang analisis waktu divergensi Genus *Nepenthes* di Paparan Sunda sehingga bisa dilakukan analisis yang lebih presisi tentang pengaruh sejarah geologis Paparan Sunda dan Paparan Sahul terhadap diversitas dan endemisitas Genus *Nepenthes*.

DAFTAR PUSTAKA

- Alamsyah, F., & Ito, M. (2020). Molecular and adaptive evolution of *Nep2* gene from carnivorous plant *Nepenthes*. *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science*, 457(1).
- Arora, N. Nater, A. van Schaik, C.P. Willems, E.P. van Noordwijk, M.A. Goossens, B. Morf, N. Bastian, M. Knott, C. Morrogh-Bernard, H. Kuze, N. Kanamori, T. Pamungkas, J. Verschoor, E. Warren, K. (2010). No Title. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 14(50), 21376–21381.
- Boer, H. J. De, Steffen, K., & Cooper, W. E. (2015). *Sunda to Sahul dispersals in Trichosanthes (Cucurbitaceae): a dated phylogeny reveals five independent dispersal events to Australasia*. 519–531.

- Bunawan, H., Yen, C. C., Yaakop, S., & Noor, N. M. (2017). Phylogenetic inferences of *Nepenthes* species in Peninsular Malaysia revealed by chloroplast (trnL intron) and nuclear (ITS) DNA sequences. *BMC Research Notes*, 10(1), 4–9.
- Cheek, M., Jebb, M., Murphy, B., & Mambor, F. (2018). *Nepenthes* section insignes in Indonesia, with two new species. *Blumea: Journal of Plant Taxonomy and Plant Geography*, 62(3), 174–178.
- Chin, L., Chung, A. Y. C., & Clarke, C. (2014). Interspecific variation in prey capture behavior by co-occurring *Nepenthes* pitcher plants: Evidence for resource partitioning or sampling-scheme artifacts? *Plant Signaling and Behavior*.
- Clarke, C., & Moran, J. A. (2016). Climate, soils and vicariance - their roles in shaping the diversity and distribution of *Nepenthes* in Southeast Asia. *Plant and Soil*, 403(1–2), 37–51.
- Ginting, N. (2018). Keanekaragaman *Nepenthes* di Kecamatan Sipirok. *BIOLINK (Jurnal Biologi Lingkungan, Industri, Kesehatan)*, 5(1), 22.
- Gogoi, B., & Bhau, B. S. (2018). DNA barcoding of the genus *Nepenthes* (Pitcher plant): A preliminary assessment towards its identification. *BMC Plant Biology*, 18(1), 1–7.
- Gray, L. K., Clarke, C., Wint, G. R. W., & Moran, J. A. (2017). Potential effects of climate change on members of the Palaeotropical pitcher plant family Nepenthaceae. *PLoS ONE*, 12(8), 1–17.
- Hall, R. (2012). Sundaland and Wallacea: geology, plate tectonics and palaeogeography. *Biotic Evolution and Environmental Change in Southeast Asia*, 32–78.
- Hall, R., Clements, B., & Smyth, H. R. (2009). *Sundaland: Basement character, structure and plate tectonic development*. May.
- Indahsari, L. I. N., Fatchiyah, F., Smith, E. N., & Kurniawan, N. (2020). First record of *Ahaetulla mycterizans* (Linnaeus, 1758) (serpentes: Colubridae) from the lesser sunda region, Indonesia, based on molecular and morphological identification. *Turkish Journal of Zoology*, 44(1), 11–21.
- Kumar, S., Stecher, G., Li, M., Knyaz, C., & Tamura, K. (2018). MEGA X: Molecular evolutionary genetics analysis across computing platforms. *Molecular Biology and Evolution*, 35(6), 1547–1554.
- Kusmana, C., & Hikmat, A. (2015). The Biodiversity of Flora in Indonesia. *Journal of Natural Resources and Environmental Management*, 5(2), 187–198.
- Liu, W., Zhao, Y., Qi, D. et al. (2018). The Tanggula Mountains enhance population divergence in *Carex moorcroftii*: a dominant sedge on the Qinghai-Tibetan Plateau. *Sci Rep* 8, 2741.
- Meimberg, H., Thalhammer, S., Brachmann, A., & Heubl, G. (2006). Comparative analysis of a translocated copy of the trnK intron in carnivorous family Nepenthaceae. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 39(2), 478–490.
- Mokodongan, D. F., & Yamahira, K. (2015). Origin and intra-island diversification of Sulawesi endemic *Adrianichthyidae*. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 93(August), 150–160. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2015.07.024>.

Perrigo A, Hoorn C, Antonelli A. (2019). Why mountains matter for biodiversity. *Jurnal of Biogeography*. 47(2): 315-325.