ARTIKEL

POTENSI KEKERABATA RANA MENGGUNAKAN GEN *cyt b* BERBASIS *IN SILICO* SEBAGAI BAHAN PENGEMBANGAN BAHAN SUMBER BELAJAR BIOLOGI SMA

Oleh:

NADYA ISMI PUTRI TRIESITA

14.1.01.06.0006

Dibimbing oleh :

1. **Dr. Sulistiono, M.Si.**
2. **Dr. Agus Muji Santoso, M.Si.**

PROGRAM STUDI PENDIDIKAN BIOLOGI

FAKULTAS KEGURUAN DAN ILMU PENDIDIKAN

UNIVERSITAS NUSANTARA PGRI KEDIRI

2018

SURAT PERNYATAAN
ARTIKEL SKRIPSI TAHUN 2018

Yang bertanda tangan di bawah ini:

Nama Lengkap	:	Nadya Ismi Putri Triesita
NMP	:	14.1.01.06.0006
Telepun/HP	:	081216377151
Alamat Surel (Email)	:	nadya.ismi20@gmail.com
Judul Artikel	:	Potensi Kekerabatan Rana Menggunakan Gen *cyt b* Berbasis *In Silico* sebagai Bahan Pengembangan Sumber Belajar Biologi SMA
Fakultas – Program Studi	:	FKIP – Pendidikan Biologi
Nama Perguruan Tinggi	:	Universitas Nusantara PGRI Kediri
Alamat Perguruan Tinggi	:	Jl. KH. Ahmad Dahlan No. 76, Mojoroto, Kediri

Dengan ini menyatakan bahwa :

a. artikel yang saya tulis merupakan karya saya pribadi (bersama tim penulis**)** dan bebas plagiarisme;

b. artikel telah diteliti dan disetujui untuk diterbitkan oleh Dosen Pembimbing I dan II.

Demikian surat pernyataan ini saya buat dengan sesungguhnya. Apabila di kemudian hari ditemukan ketidaksesuaian data dengan pernyataan ini dan atau ada tuntutan dari pihak lain, saya bersedia bertanggungjawab dan diproses sesuai dengan ketentuan yang berlaku.

Mengetahui		Kediri, 6 Agustus 2018
Pembimbing I	Pembimbing II	Penulis,
Dr. Sulistiono, M.Si. NIDN: 0007076801	Dr. Agus Muji Santoso, M.Si. NIDN: 0713088605	Nadya Ismi Putri Triesita NPM: 14.1.01.06.0006

POTENSI KEKERABATAN RANA MENGGUNAKAN GEN *cyt b* BERBASIS *IN SILICO* SEBAGAI BAHAN PENGEMBANGAN SUMBER BELAJAR BIOLOGI SMA

Nadya Ismi Putri Triesita
14.1.01.06.0006
FKIP – Pendidikan Biologi
nadya.ismi20@gail.com
Dr. Sulistiono, M.Si., Dr. Agus Muji Santoso, M.Si.
UNIVERSITAS NUSANTARA PGRI KEDIRI

ABSTRAK

Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui hubungan kekerabatan Rana dengan menggunakan sekuen gen *cyt b* berbasis *in silico* dan potensinya sebagai bahan pengembangan sumber belajar biologi SMA. Penelitian dilakukan pada bulan Januari sampai April 2018 di Kampus I Universitas Nusantara PGRI Kediri dan SMA Negeri 5 Kediri untuk observasi penelitian. Metode penelitian yang digunakan adalah deskriptif eksploratif dengan mengunduh data gen *cyt b* Rana dari *Genbank* kemudian dipreparasi dengan menggunakan aplikasi *BioEdit* yang dilanjutkan dengan aplikasi *Mega6* untuk mengkonstruksi pohon filogeni Rana, dan untuk analisis *haplotype* menggunakan aplikasi *NETWORK* dan *DNASP*. Hasil inventarisasi diperoleh enam sampel Rana. Berdasarkan 1143 bp panjang sekuen gen *cyt b* Rana terdapat perbedaan urutan basa nukleotida akibat adanya mutasi gen. Pohon filogeni menunjukkan adanya hubungan kekerabatan yang dekat antara keenam sampel yang membentuk dua klaster besar yaitu *R. chensinensis*, *R. kukunoris* dan *R. huanrensis* dalam klaster A; *R. omeimontis* dan *R. chaochiaoensis* dalam klaster B; dan *R. dybowskii* membentuk *out grup*/ kelompok luar padahal keenam sampel memiliki genus yang sama. Begitu juga dengan analisis *haplotype* menggambarkan beberapa kelompok yang terbentuk berdasarkan homologi sekuen gen *cyt b*. Hal tersebut membuktikan adanya perbedaan sekuens gen *cyt b* yang dipengaruhi oleh beberapa faktor internal dan eksternal yang menjadi dasar evolusi molekuler. Berdasarkan hasil penilaian pakar ahli Biologi dan Pembelajaran hasil penelitian kekerabatan Rana menggunakan gen *cyt b* berbasis *in silico* layak digunakan sebagai bahan pengembangan sumber belajar Biologi SMA materi Evolusi dengan nilai kelayakan sebesar 96%.

KATA KUNCI : *kekerabatan, Rana, cyt b, in silico, sumber belajar.*

I. LATAR BELAKANG

Salah satu penunjang pembelajaran di sekolah adalah sumber belajar yang dapat berasal dari buku pegangan siswa, LKS, dan *e-book* siswa. Buku-buku sumber belajar banyak memuat pesan-pesan pembelajaran yang berkaitan dengan materi yang disampaikan di sekolah. Menurut National Research Council Tahun 1990 (Lumpe & Beck, 1996 dalam Adisendjaja & Romlah, 2007) memiliki ketepatan faktual serta berkaitan dengan pemahaman konseptual dan materi subyek yang terbaru, merupakan salah satu kriteria pemilihan sumber belajar yang baik. Hasil penelitian dapat dipublikasikan dalam bentuk sumber belajar yang dikaitkan dengan materi di sekolah.

Hasil penelitian dapat langsung dipelajari oleh siswa dan menjelaskan materi dengan mengaitkan fakta hasil dari penelitian. Menurut Primandiri dan Santoso (2015) perkembangan data base genomik saat ini dapat dimanfaatkan oleh dosen sebagai contoh riil (berbasis riset) untuk memberikan konsep yang benar.

Berdasarkan hasil observasi di SMAN 5 Kediri terdapat beberapa permasalahan terkait sumber belajar biologi yang dihadapi guru dan siswa. Guru dan siswa menyatakan bahwa perlu adanya penambahan bahan pengembangan sumber belajar biologi pada meteri evolusi. Siswa berpendapat bahwa materi yang termuat dalam buku pegangan siswa belum menjelaskan mengenai contoh-contoh dari materi evolusi molekuler secara nyata. Disisi lain siswa belum memahami konsep evolusi secara benar terutama evolusi molekuler, padahal konsep evolusi dapat dijelaskan dengan pendekatan genetika populasi, pendekatan evolusi ekologi, evolusi molekuler, sistematik, dan paleontologi.

Terkait dengan evolusi mokuler saat ini telah berkembang ilmu bioinformatika. Bioinformatika adalah ilmu gabungan antara biologi dan teknik informatika/ilmu komputer. Tugas bioinformatika adalah untuk memecahkan permasalahan biologi molekuler secara komputasi (Parikesit, 2009). Bioinformatika dapat disebut juga sebagai penelitian *in silico* yaitu salah satu istilah untuk percobaan yang dilakukan dengan motode simulasi komputer (Johan, 2016) atau dengan kata lain merupakan percobaan penelitian laboratorium kering. Penelitian *in silico* yang berkaitan dengan evolusi diantaranya dapat mengungkap kekerabatan dan menunjukan pohon filogeni dari beberapa spesies yang diduga memiliki kekerabatan yang dekat.

Salah satu hewan yang sering dijadikan hewan uji coba di laboratorium sekolah adalah katak (Kusrini, 2007) salah satunya adalah dari genus Rana. Rana dapat dijumpai diberbagai tipe habitat mulai dari hutan, air terjun, persawahan, hingga di daerah dekat dengan pemukiman penduduk (Iskandar, 1998) sehingga keberadaannya sangat dekat dan mudah dijumpai oleh masyarakat.

Salah satu sekuen DNA yang dapat dijadikan gen penanda evolusi adalah *cyt b* dari mitokondria. *cyt b* merupakan salah satu protein yang

membentuk kompleks III sistem fosforilasi oksidasi dari mitokondria dan hanya dikode oleh satu gen dari genom mitokondria (Winaya, 2010). *cyt b* menjadi salah satu dari beberapa gen yang dapat menjadi gen penanda evolusi karena sifatnya yang memiliki laju mutasi yang rendah (Widayanti, 2006). Minimnya penelitian di Indonesia terkait kekerabatan Rana secara genetik di dunia membuat *database* kekerabatan Rana terbilang rendah sehingga perlu adanya penelitian lebih lanjut.

Informasi genetik, DNA, RNA, dan protein yang cukup lengkap dari berbagai penelitian berbasis genomik dari penjuru dunia dapat diperoleh dari *Genbank*. Perbandingan sekuen DNA akan mengakibatkan variasi pewarisan gen yang akan mengarah ke evolusi. Selama ini teori evolusi di masyarakat masih diartikan dengan perubahan secara morfologi, padahal evolusi tidak hanya terlihat secara morfologi tetapi juga dalam bentuk genetik. Harapannya siswa dapat memahami materi evolusi yang diajarkan di sekolah berdasarkan hasil penelitian faktual dari kekebaratan Rana menggunakan gen *cyt b* berbasis *in silico* sebagai bahan pengembangan sumber belajar biologi SMA.

Tujuan dari penelitian ini untuk mengetahui kekerabatan Rana menggunakan gen *cyt b* berbasis *in silico* dan potensinya sebagai bahan pengembangan sumber belajar biologi SMA materi evolusi.

II. METODE

Metode penelitian yang digunakan dalam penelitian ini adalah diskriptif eksploratif yang memiliki dua tahapan penelitian. Penelitian tahap I bertujuan untuk mengetahui kekerabatan Rana menggunakan gen *cyt b* berbasis *in silico*. Penelitian tahap II untuk mengetahui potensi penelitian tahap I sebagai bahan pengembangan sumber belajar biologi SMA. Penelitian dilakukan pada bulan Januari sampai April 2018 di Kampus I Universitas Nusantara PGRI Kediri dan SMA Negeri 5 Kediri untuk observasi penelitian tahap II.

Alat yang digunakan dalam penelitian tahap I meliputi perangkat hardware berupa laptop Acer Aspire V5 dengan RAM (*Random Acses Memory*) 2 *gygabite* dengan CPU, monitor, *keyborad*, dan *mouse* yang terhubung dengan koneksi internet

melalui sinyal *wi-fi*. Serta *software* berupa *Microsoft Office Windows 7*, aplikasi editing Sekuens DNA *BioEdit* (Hall, 1999) versi 7.2.5 untuk mempreparasi gen (memotong panjang gen dan *contig*), aplikasi *Mega6* (Tamura *et al.*, 2013) versi 6.06 untuk mengkonstruksi pohon filogeni, aplikasi *DNA SP* (Rozas *et al.*, 2016) versi 5.10 untuk mengetahui jumlah *haplotype*, serta aplikasi *NETWORK* versi 4.6 untuk menggambar *haplotype* Rana. Bahan yang digunakan dalam penelitian tahap I adalah sekuen gen *cyt b* Rana yang dikoleksi dari *Genbank* NCBI dengan laman https://www.ncbi.nlm.nih.gov.

Instrumen penelitian yang digunakan dalam penelitian tahap II meliputi lembar observasi, lembar wawancara, dan rubrik penilaian bahan pengembangan sumber belajar. Lembar observasi digunakan untuk mengobservasi sumber balajar dan pembelajaran yang ada di SMAN 5 Kediri. Lembar wawancara digunakan untuk menggali informasi dari narasumber (Guru dan Siswa kelas XII) terkait sumber belajar yang digunakan khususnya pada mata pelajaran biologi materi evolusi. Rubrik kelayakan penilaian bahan pengembangan sumber belajar digunakan untuk menilai hasil penelitian kekerabatan Rana menggunakan gen *cyt b* sebagai bahan pengembangan sumber belajar. Rubrik dinilai oleh praktisi dan pakar ahli materi, isi dan pembelajaran biologi. Bahan yang digunakan dalam penelitian tahap II adalah hasil dari penelitian tahap I dalam bentuk artikel penelitian.

III. HASIL DAN KESIMPULAN

Berdasarkan hasil penelitian yang telah dilakukan didapati enam sampel sekuen gen *cyt b* Rana sebagai berikut:

Tabel 1. Sampel Sekuen Gen *cyt b* Rana yang Dikoleksi dari NCBI.

No	Jenis Rana	Kode Gene NCBI	Asal Negara
1	*R. huanrensis*	ID 26375304	China (Dong *et al.*, 2015)
2	*R. chensinensis*	ID 18490409	China (Li *et al.*, 2014)
3	*R. dybowskii*	ID 18490395	China (Li *et al.*, 2014)
4	*R. omeimontis*	ID 33944093	Unpublised
5	*R. kukunoris*	ID 33944055	Unpublised
6	*R. chaochiaoensis*	ID 33944017	Unpublised

Sampel gen *cyt b* Rana diinventarisasi dari *Genbank* dengan panjang sekuen 1143 bp. Keenam sampel memiliki perbedaan urutan basa nukleotida yang menyandi masing-masing gen *cyt b* pada Rana. Adanya perbedaan basa nukleotida ini akan menjadi penentu hubungan kekerabatan antar spesies Rana. Berikut penggalan 50 bp sekuen gen *cyt b* Rana:

```
                                   10         20         30         40
50
                        ....|....| ....|....| ....|....| ....|....| ....|....|
R. huanrensis           ATGGC-ACCT ACAATACGTA AATCTCACCC CCTCCTTAAA ATCATCAATG
R. chensinensis         ...A.-.... .......... .......... .......... ........C.
R. dybowskii            ...T.G..-. ..T.....C. ....C..... .......... .....T..C.
R. kukunoris            ...A.-.... .......... .......... .......... ........C.
R. omeimontis           ...T.-C... ........C. ....C..... .......... ..TG....C.
R. chaochiaoensis       ...T.-C... ........C. ....C..... .......... ..TG....C.
```

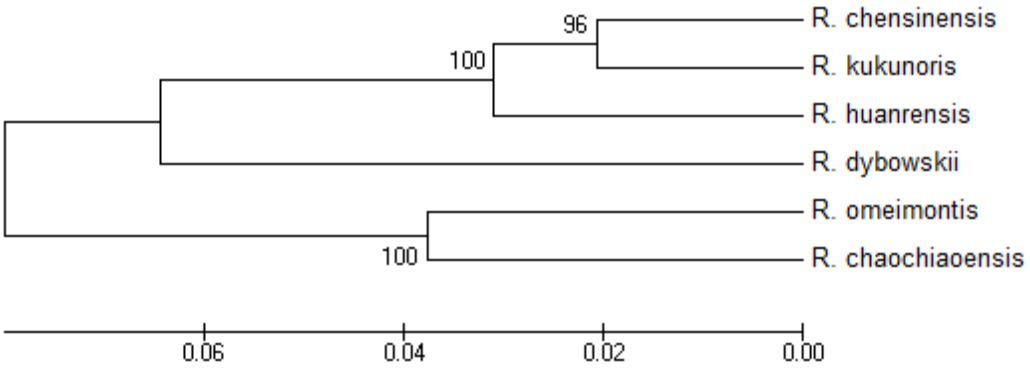
Gambar 1. Panggalan Sekuen Gen *cyt b* Rana dari *Genbank*.

Berdasarkan pensejajaran gen *cyt b* Rana (1143 bp) menunjukkan panjang urutan sekuen yang bervariasi. Perbedaan basa nukleotida terjadi karena adanya mutasi pada urutan basanya. Urutan basa nukleotida Rana mengacu pada *R. huanrensis*, namun *R. huanrensis* bukan merupakan ansestor (nenek moyang) dalam penelitian ini.

Seperti basa nukleotida pada situs keempat, terjadi perbedaan antara keenam basa nukleotida dari masing-masing spesies Rana. *R. huanrensis* memiliki basa G pada situs keempat sedangkan *R. chensinensis* dan *R. kukunoris* mengalami mutasi subsitusi transisi dengan adanya perubahan basa nitrogen menjadi A. Sedangkan pada *R. dybowskii*, *R. omeimontis*, dan *R. chaochiaoensis* mengalami mutasi subsitusi tranversi dengan adanya perubahan menjadi basa T. Situs ketujuh menunjukkan adanya penambahan (adisi) basa nukleotida pada sekuen gen *cyt b R. dybowskii* dengan basa G. Situs kesembilan menunjukkan adanya delesi pada *R. dybowskii* dan tidak terjadi pada sekuen gen *cyt b* Rana yang lainnya memiliki urutan nukleotida C. *R. dybowskii* memiliki jumlah mutasi yang paling banyak dibandingkan dengan spesies Rana yang lainnya bahkan hingga panjang sekuen ke 1143 bp. Sepanjang 50 bp sekuen gen *cyt b* (Gambar 1.), *R. dybowskii* banyak mengalami mutasi subsitusi transversi yaitu pada situs ke 13, 19, 25, dan 46 sedangkan untuk spesies lainnya cenderung memiliki urutan basa nukleotida yang konsisten. Terjadinya mutasi subsitusi transversi dapat mengakibatkan adanya perubahan asam amino yang terbentuk

sehingga mempengaruhi ekspresi gen (Nur & Syahruddin, 2016).

Analisis kekerabatan mengacu pada homologi sekuen gen yang menyebabkan adanya perbedaan basa nukleotida pada gen *cyt b* sehingga dapat digunakan sebagai dasar pembanding antar spesies. Semakin tinggi tingkat homologinya semakin dekat kekerabatan antar jenis karena mutasi yang terjadi semakin rendah. Hal ini yang menjadi dasar penggambaran pohon filogeni Rana dengan menggunakan aplikasi *Mega6*. Berikut adalah pohon filogeni Rana berbasis *in silico*:



Gambar 2. Pohon Filogeni Rana Berdasarkan Gen *cyt b* Berbasis *In Silico*
(A = Klaster A; B = Klaster B)

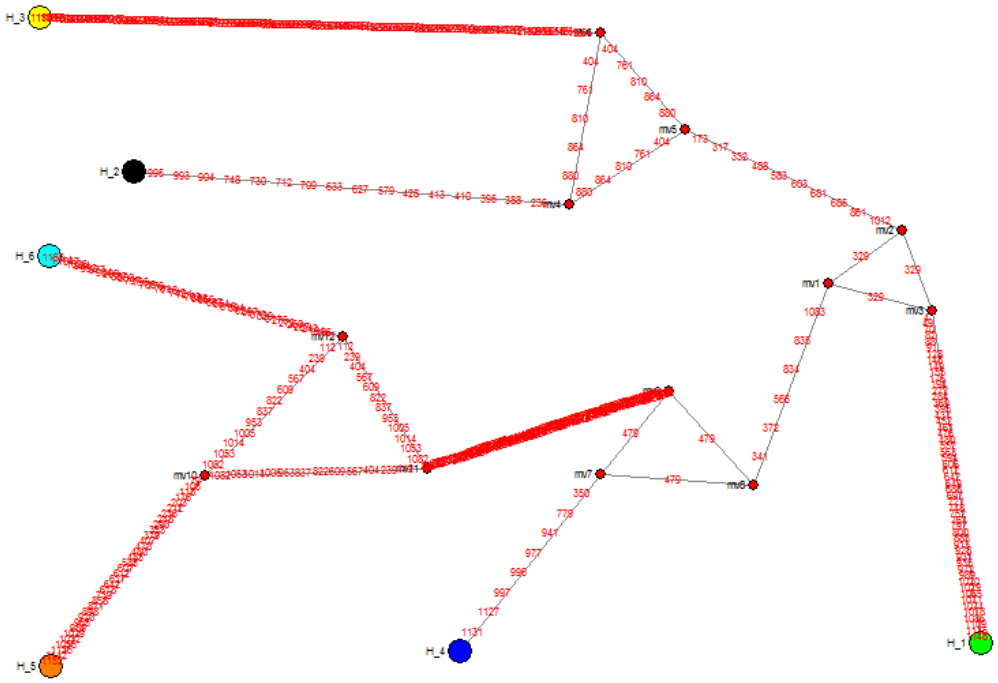
Pohon filogeni yang terbentuk dari enam sampel gen *cyt b* Rana (Gambar 2.) menunjukkan beberapa perbedan skala. Semakin ke kanan skala menunjukkan nilai yang semakin kecil menandakan variasi basa nukleotida semakin rendah dengan kata lain homologi basa nukleotida yang dimiliki semakin tinggi.

Pohon filogeni Rana yang terbentuk terbagi atas dua klaster (kelompok) yang mencolok. *R. chensinensis*, *R. kukunoris*, dan *R. huanrensis* menempati klaster A; sedangkan *R. omeimontis* dan *R. chaochiaoensis* menempati klaster B. Klaster A didapati *R. chensinensis* memiliki hubungan kekerabatan yang dekat dengan *R. kukunoris*. Nilai skala menunjukkan angka 0,02 yang menandakan tingginya nilai homologi basa nukleotida dari masing-masing sampel. Penelitian terdahulu menggunakan analisis genom mitokondria dengan metode konstruksi Maximum Likelihood *R. chensinensis* dengan *R. kukunoris* memiliki hubungan kekerabatan yang dekat karena berada dalam satu klaster (Zhou *et al.*, 2017). *R. huanrensis* memiliki

hubungan kekerabatan yang cukup dekat dengan *R. chensinensis* dan *R. kukunoris* dengan nilai skala menunjukkan angka 0,03. Hal tersebut sejalan dengan penelitian Dong *et al.* (2015) yang menyatakan bahwa *R. chensinensis* dan *R. huanrensis* berada pada satu klaster yang sama ditinjau dari genom mitokondria sehingga diartikan memiliki hubungan kekeranatan yang dekat. *R. chensinensis*, *R. huanrensis*, dan *R. kukunoris* berada dalam satu cabang dalam pohon filogeni (Zhou *et al.*, 2017). Klaster B terdapat *R. omeimontis* dan *R. chaochiaoensis* yang memiliki hubungan kekerabatan yang dekat dengan nilai skala menunjukkan angka 0,038. *R. omeimontis* dan *R. chaochiaoensis* memiliki variasi basa nukleotida yang hampir sama disetiap situsnya, seperti pada situs ke 482, 485, 486, dan 488 yang secara berurutan selalu memiliki urutan basa nukleotida yang sama dan menyebabkan kedua sampel tersebut bermutasi. Zhou *et al.* (2017) juga menyatakan adanya hubungan kekerabatan yang dekat antara *R. omeimontis* dan *R. chaochiaoensis* berdasarkan genom mitokondria menggunakan metode konstruksi Maximum Likelihood.

Terdapat satu spesies yaitu *R. dybowskii* yang membentuk *out grup* (kelompok luar) dengan nilai skala 0,065 (walaupun memiliki batang cabang yang tersusun dengan klaster A dan dengan nilai skala yang lebih tinggi dari klaster B) padahal keenam spesies tersebut berada pada takson genus yang sama yaitu Rana. Hal tersebut terjadi karena *R. dybowskii* memiliki jumlah mutasi yang tinggi dibandingkan dengan kelima spesies Rana lainnya dan membuat *R. dybowskii* membentuk *out grup* pada pohon filogeni karena memiliki kekerabatan yang jauh dengan spesies Rana yang lain.

Keakuratan pohon filogeni berbasis *in silico* dapat dilengkapi dengan menggunakan analisis *haplotype*. Analisis *haplotype* dilakukan untuk mengetahui konsistensi homologi basa nukleotida gen *cyt b* Rana yang telah dikaji dalam bentuk pohon filogeni untuk mengetahui hubungan kekerabatan antar spesies Rana. *Haplotype* yang terbentuk akan menunjukkan kelompok-kelompok berdasarkan jumlah homologi basa nukleotida dari masing-masing sampel Rana. Sampel yang membentuk dalam satu kelompok diartikan memiliki hubungan kekerabatan yang dekat.



Gambar 3. Hasil Analisis *Haplotype* Gen *cyt b* Rana Berasis *In Silico*

Keterangan:

H_1: *R. huanrensis*
H_2: *R. chensinensis*
H_3: *R. dybowskii*
H_4: *R. kukunoris*
H_5: *R. omeiomontis*
H_6: *R. chaochiaoensis*

Berdasarkan hasil analisis *haplotype* gen *cyt b* Rana *haplotype* yang terbentuk tampak tersusun atas beberapa bagian-bagian kelompok yang berhubungan antar satu sama lain. *R. omeiomontis* dan *R. chaochiaoensis* terbentuk menjadi satu kelompok yang berdekatan dengan *R. kukunoris*. *R. kukunoris* tidak berkelompok dengan Rana jenis lain sama seperti *R. huanrensis* yang masih membentuk jalur yang berdekatan karena *R. huanrensis* cenderung memiliki kedekatan dengan jenis Rana dari spesies lain (Dong *et al.*, 2015). *R. omeiomontis* dan *R. chaochiaoensis* cenderung memiliki kekerabatan yang dekat antar satu sama lain (Zhou *et al.*, 2017).

Kelompok terakhir *R. chensinensis* membentuk kelompok dengan *R. dybowskii* yang berdekatan dengan *R. huanrensis*. Li *et al.* (2014) mengungkapkan adanya hubungan kekerabatan yang dekat antara *R. chensinensis* dengan *R. dybowskii* yang

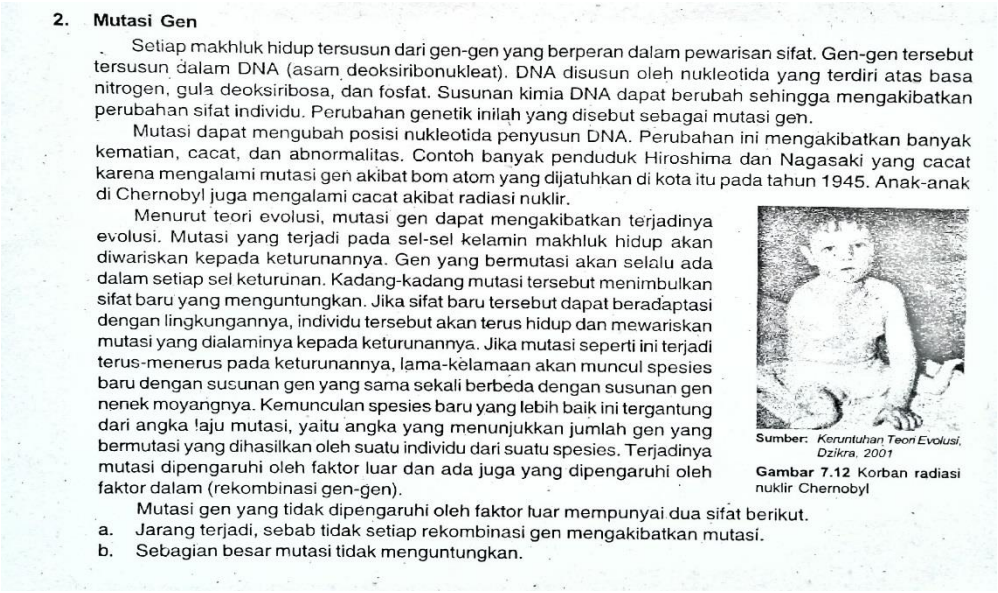
ditinjau dari genom mitokondria. Namun *R. huanrensis*, *R. dybowskii*, dan *R. chensinensis* bukan berasal dari satu kelompok monofiletik (Kim *et al.*, 2002). *R. dybowskii* dan *R. huanrensis* memiliki banyak persamaan mulai dari genom mitokondria, ekologi habitat, hingga morfologi baik hewan jantan dan hewan betina (Kim *et l.*, 2002).

Terdapat perbedaan hasil dari analisis pohon filogeni dengan analisis *haplotype*. Pohon filogeni menyatakan bahwa *R. chensinensis* dengan *R. kukunoris* memiliki hubungan kekerabatan yang dekat dengan nilai bootstrap 96%. Berbeda dengan hasil analisis *haplotype* yang menggambarkan bahwa *R. chensinensis* berkelompok dengan *R. dybowskii* sedangkan *R. kukunoris* menempati kelompok tersendiri. Li *et al.*, (2014) menyatakan bahwa *R. chensinensis* dengan *R. dybowskii* memiliki komposisi genom mitokodria yang sama terutama pada basa A + T dan memiliki hubungan kekerabatan yang dekat (Kuzmin *et al.*, 2008). Penelitian Zhou *et al.* (2017) menyatakan bahwa *R. huanrensis, R. chensinensis*, *R. dybowskii*, dan *R. kukunoris* memiliki hubungan kekerabatan yang dekat ditinjau dari genom mitokondria karena berasal dari satu cabang dalam satu klaster pada pohon filogeni yang dikonstruksi menggunakan metode Maximum Likelihood.

Penelitian tahap II menganai penilaian kelayakan hasil penelitian tahap I yaitu kekerabatan Rana berdasarkan gen *cyt b* berbasis *in silico* sebagai bahan pengembangan sumber belajar biologi SMA. Hasil obervasi pembelajaran di SMA Negeri 5 Kediri dan wawancara dengan guru mata pelajaran biologi dan siswa kelas XII menemukan perlu adanya pengembangan sumber belajar lain selain yang telah digunakan sebagai buku pegangan guru dan siswa. Buku pegangan siswa hanya sebatas menjelaskan teori yang ada tanpa memberikan contoh nyata dalam kehidupan sehari-hari yang mudah dijumpai oleh siswa.

Berdasarkan hasil wawancara dengan beberapa siswa menyatakan teori yang dilengkapi dengan adanya contoh nyata dikehidupan sehari-hari akan lebih mudah dipahami dan dapat meningkatkan pemahaman konsep tersebut. Sehingga siswa kerap mencari sumber belajar lain dari internet yang belum tentu kebenarannya. Hal tersebut dikawatirkan dapat menyebabkan terjadinya kesalahan

konsep dalam pembelajaran. Berikut penggalan buku biologi pegangan siswa SMA Negeri 5 Kediri kelas XII oleh Nunik (2012) yang berjudul "Buku Pendamping Biologi untuk SMA/MA Kelas XII" Penerbit Masmedia halaman 159:



2. Mutasi Gen

Setiap makhluk hidup tersusun dari gen-gen yang berperan dalam pewarisan sifat. Gen-gen tersebut tersusun dalam DNA (asam deoksiribonukleat). DNA disusun oleh nukleotida yang terdiri atas basa nitrogen, gula deoksiribosa, dan fosfat. Susunan kimia DNA dapat berubah sehingga mengakibatkan perubahan sifat individu. Perubahan genetik inilah yang disebut sebagai mutasi gen.

Mutasi dapat mengubah posisi nukleotida penyusun DNA. Perubahan ini mengakibatkan banyak kematian, cacat, dan abnormalitas. Contoh banyak penduduk Hiroshima dan Nagasaki yang cacat karena mengalami mutasi gen akibat bom atom yang dijatuhkan di kota itu pada tahun 1945. Anak-anak di Chernobyl juga mengalami cacat akibat radiasi nuklir.

Menurut teori evolusi, mutasi gen dapat mengakibatkan terjadinya evolusi. Mutasi yang terjadi pada sel-sel kelamin makhluk hidup akan diwariskan kepada keturunannya. Gen yang bermutasi akan selalu ada dalam setiap sel keturunan. Kadang-kadang mutasi tersebut menimbulkan sifat baru yang menguntungkan. Jika sifat baru tersebut dapat beradaptasi dengan lingkungannya, individu tersebut akan terus hidup dan mewariskan mutasi yang dialaminya kepada keturunannya. Jika mutasi seperti ini terjadi terus-menerus pada keturunannya, lama-kelamaan akan muncul spesies baru dengan susunan gen yang sama sekali berbeda dengan susunan gen nenek moyangnya. Kemunculan spesies baru yang lebih baik ini tergantung dari angka laju mutasi, yaitu angka yang menunjukkan jumlah gen yang bermutasi yang dihasilkan oleh suatu individu dari suatu spesies. Terjadinya mutasi dipengaruhi oleh faktor luar dan ada juga yang dipengaruhi oleh faktor dalam (rekombinasi gen-gen).

Sumber: *Keruntuhan Teori Evolusi, Dzikra, 2001*

Gambar 7.12 Korban radiasi nuklir Chernobyl

Mutasi gen yang tidak dipengaruhi oleh faktor luar mempunyai dua sifat berikut.

a. Jarang terjadi, sebab tidak setiap rekombinasi gen mengakibatkan mutasi.
b. Sebagian besar mutasi tidak menguntungkan.

Gambar 4. Penggalan Buku Pegangan Siswa

Buku pegangan siswa berkaitan dengan Kompetensi Dasar (yang selanjutnya disebut KD) 4.2 "Mengkomunikasikan hasil studi evolusi biologi". Buku pegangan siswa menjelaskan konsep evolusi molekuler yang diawali dengan adanya mutasi pada suatu individu. Mutasi gen dapat menyebabkan adanya evolusi dan beberapa penjelasan terkait hubungan mutasi gen yang terekspresi dengan adaptasi lingkungan suatu individu. Buku pegangan siswa juga menyebutkan contoh pada tahun 1945 yang dialami oleh penduduk Hirosima dan Nagasaki yang banyak mengalami cacat fisik akibat radiasi nuklir dari ledakan bom atom. Namun buku pegangan siswa belum menjelaskan adanya contoh mutasi yang dialami oleh DNA secara langsung yang dapat memperkuat pemahaman konsep pada KD tersebut.

Hasil kelayakan penelitian kekerabatan Rana berdasarkan gen *cyt b* berbasis *in silico* dinyatakan layak digunakan sebagai bahan pengembangan sumber belajar oleh beberapa pakar ahli dosen dan guru di bidang biologi dan pembelajaran dengan nilai kelayakan sebesar 96% berdasarkan hasil rata-rata.

Tabel 2. Rekapitulasi Penilaian Kelayakan Penelitian Tahap I

No	Penguji	Skor Aspek yang Diamati			Nilai (%)
		1	2	3	
1	Praktisi	3	3	3	100
2	Ahli Isi dan Materi	3	2	3	88
3	Ahli Pembelajaran	3	3	3	100
				Rata-rata (%)	96

Penilaian ditentukan berdasarkan rubrik penilaian kelayakan sumber belajar. Aspek yang dinilai dalam penelitian ini diantaranya fakta dari penemuan-penemuan dalam penelitian tahap I yang dikaitkan dengan kompetensi dasar dari silabus SMA mata pelajaran Biologi materi evolusi yang menjadi isu peting dalam kehidupan sehari-hari dewasa ini. Ketiga penemuan penelitian tahap I yang diulas dalam bentuk artikel dinyatakan layak digunakan sebagai bahan pengembangan sumber belajar biologi SMA materi evolusi dan sesuai dengan kompetensi dasar silabus KTSP Biologi.

Tabel 3. Penemuan Penelitian Kekerabatan Rana Berdasarkan Gen *cyt b* Berbasis *In Silico*

No	Penemuan	Kesesuaian Kompetensi Dasar
1	Genus Rana memiliki kekerabatan yang dekat ditinjau berdasarkan sekuen gen *cyt b*	4.2 Mengkomunikasikan hasil studi evolusi biologi
2	*R. chensinensis*, *R. kukunoris* dan *R. huanrensis* memiliki kekerabatan yang dekat dan membentuk satu klaster yang disebut klaster A. *R. omeimontis* dengan *R. chaochiaoensis* memiliki kekerabatan yang dekat dan membentuk satu klaster yang disebut klaster B. Namun *R. dybowskii* membentuk *out grup*/ kelompok luar padahal keenam sampel memiliki genus yang sama. Hal tersebut membuktikan adanya perbedaan sekuen gen *cyt b*	4.2 Mengkomunikaskan hasil studi evolusi biologi
3	Evolusi molekuler dapat dibuktikan melalui penelitian berbasis *in silico* salah satunya dengan membuktikan kekerabatan genus Rana dalam bentuk pohon filogeni	4.2 Mengkomunikasikan hasil studi evolusi biologi 4.3 Menjelaskan kecenderungan baru tentang teori evolusi

IV. PENUTUP

Berdasarkan hasil penelitian yang telah dilakukan kekerabatan Rana menggunakan gen *cyt b* berbasis *in silico* dapat menunjukkan adanya bukti evolusi secara molekuler yaitu

adanya berbedaan urutan basa nukleotida gen *cyt b* Rana. Perbedaan urutan basa nukleotida dapat mempengaruhi kekerabatan Rana dalam satu genus yang dapat digambarkan dalam sebuah pohon filogeni dan analisis *haplotype*. Perbedaan basa nukleotida gen *cyt b* Rana dapat terjadi karena beberapa faktor. Kekerabatan Rana berdasarkan gen *cyt b* berbasis *in silico* dapat digunakan sebagai bahan pengembangan sumber belajar biologi SMA. Sumber belajar berbasis riset dapat memperkaya materi untuk menguatkan teori melalui penelitian dalam kehidupan sehari-hari yang dapat dengan mudah dijumpai oleh siswa.

V. DAFTAR PUSTAKA

Adisendjaja. Y.H., Romlah. O. 2007. Identifikasi Kesalahan dan Miskonsepsi Buku Teks Biologi SMU. Seminar Nasional Pendidikan Biologi dan Biologi. Jurusan Pendidikan Biologi FPMIPA Universitas Pendidikan Indonesia.

Dong. B., Zhou. Y., Yang. B. 2015. The Complete Mitochondrial Genome of the *Rana huanrensis* (Anura: Ranidae). Shenyang: Shenyang Normal University. *The Journal of DNA Mapping, Sequencing, and Analysis*.

Hall. T.A. 1999. BioEdit: A User-Friendly Biological Sequence Alignment Editor and Analysis Program for Windows. Carolina: North Carolina University USA. *Jurnal Nucleic Acids Symposium Series*. 41: 95-98.

Iskandar, D.T. 1998. Amfibi Jawa dan Bali – Seri Panduan Lapangan. Bogor: Puslitbang LIPI.

Johan. A.K. 2016. Uji *In Silico* Genistein Sebagai Ligan pada Reseptor Esterogen Alfa. Yogyakarta: Universitas Sanata Dharma Yogyakarta. Skripsi.

Kim. J.B., Min. M.S., Yang. S.Y., Matsui. M. 2002. Genetic Relationships among Korean Brown Frog Species (Anura, Ranidae), with Special Reference to Evolutionary Divergences between Two Allied Species *Rana dybowskii* and *R. huanrenensis*. Incheon: Inha University. *Jurnal ZOOLOGICAL SCIENCE*. 19: 369–382.

Kusrini. M.D. 2007. Konservasi Amfibi di Indonesia: Masalah Global dan Tantangan. Bogor: Institut Pertanian Bogor. *Jurnal Media Konservasi*. 7 (2): 89-95.

Kuzmin. S., Ishchenko.V., Maslova. I., Ananjeva. N., Orlov. N., Matsui. M., Feng. X., Kaneko. Y. 2004. *Rana dybowskii*. The IUCN Red List of Threatened Species. Diakses pada laman http://www.iucnredlist.org/details/58589/0 18 Mei 2018 Pukul 08.57.

Li. J., Lei. G., Fu. C. 2014. Complete mitochondrial genomes of two brown frogs, *Rana dybowskii* and *Rana cf. chensinensis* (Anura: Ranidae). Shanghai: Fudan University. *Jurnal Informa Health Care*.

Nur. A., Syahruddin. K. 2016. *Gandum: Peluang Pengembangan di Indonesia* Aplikasi Teknologi Mutasi dalam Pembentukan Varietas Gandum Tropis. Jakarta: Indonesian Agency for Agricultural Research and Development (IAARD) Press.

Parikesit. A.A. 2009. Bioinformatika Sebagai Ilmu Bantu pada Eksperimen Biologi Molekular. Leipzig: Universitas of Leipzing Germany. Proceeding Olimpiade Karya Tulis Inovatif (OKTI) 2009.

Primandiri. P.R., Santoso. A.M. 2015. Evaluasi Perkuliahan Genetika untuk Calon Guru Biologi di Universitas Nusantara PGRI Kediri. Kediri: Universitas Nusantara PGRI Kediri. Seminar Nasional XII Pendidikan Biologi FKIP Universitas Negeri Surakarta. 580-584.

Rozas. J., Librado. P, Sánchez-DelBarrio. J. C., Messeguer. X., Rozas. R. 2016. DnaSP V.5 Tutorial. Barcelona: Universitat de Barcelona.

Tamura. K., Stecher. G., Peterson. D., Filipski. A., Kumar. S. 2013. Mega6: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 6.0. Hachioji: Tokyo Metropolitan University Japan. *Jurnal Mol. Bio. Evol.* 30(12): 2725-2729.

Widayanti. R. 2006. Kajian Penanda Genetik Gen *Cytochrome B* dan Daerah *D-Loop* pada *Tarsius sp.* Bogor: Institut Pertanian Bogor. Disertasi.

Winaya. A. 2010. Variasi Genetik dan Hubungan Filogenetik Populasi Sapi Lokal Indonesia Berdasarkan Penciri Molekuler DNA Mikrosatelit Kromosom Y dan Gen *Cytochrome B*. Bogor: Institut Pertanian Bogor. Disertasi.

Zhou. Y., Wang. S., Zhu. H., Li. P., Yang. B., Ma. J. 2017. Phylogeny and Biogeography of South Chinese Crown Frogs (Ranidae, Anura). Harbin: Northeast Forestry University. *Jurnal PLoSONE*. 12(4): e0175113.