

LKPD

Lembar Kerja Peserta Didik

**Keanekaragaman Hayati dan Hubungan Evolusi
Tumbuhan Obat di Hutan Liar Tianshan, China**

Kelompok: _____

Kelas: _____

Nama Anggota:



TUJUAN PEMBELAJARAN

- Melalui kegiatan pembelajaran, siswa dapat mengidentifikasi tingkatan keanekaragaman hayati dengan tepat.
- Melalui kegiatan pembelajaran, siswa mampu merumuskan upaya pelestarian keanekaragaman hayati dengan benar.
- Melalui kegiatan diskusi, peserta didik dapat mengelompokkan makhluk hidup serta memahami hubungan evolusi dengan menginterpretasi pohon filogenetik (*phylogenetic tree*) yang tepat.

A. INTRODUCTION

Jawablah pertanyaan di bawah ini!

Pertanyaan	Jawaban
Apa yang kamu ketahui tentang MEGA (<i>Molecular Evolutionary Genetics Analysis</i>) ?	
Apa yang kamu ketahui tentang keanekaragaman hayati?	
Apakah dengan kita mengetahui keanekaragaman genetik dapat membantu upaya konservasi?	
Apa yang dimaksud dengan pohon filogenetik?	
Apa saja tahapan dalam membuat pohon filogenetik?	
Mengapa penting mengetahui hubungan kekerabatan antar tumbuhan obat secara genetik? Berikan alasanmu!	
Apa yang kamu ketahui tentang Internal Transcribed Spacer (ITS)?	

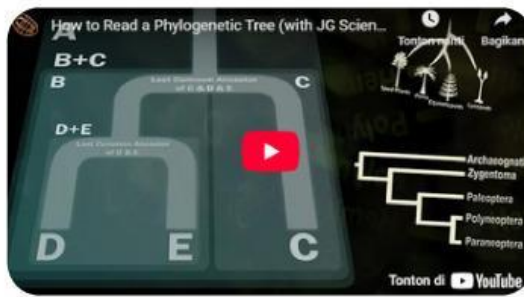
Selanjutnya, tontonlah video definisi keanekaragaman hayati dan cara membaca pohon filogenetik berikut ini.

1. Definisi Keanekaragaman Hayati



<https://youtu.be/rcIOz8Fsbmg?si=ri0Md46x0GAmS2dm>

2. Cara Membaca Pohon Filogenetik



<https://youtu.be/SFzk2fB9-mo?si=rhxepP2hsFOoSazk>

Setelah menonton kedua video diatas, berikan pendapatmu!

A large, empty light blue rounded rectangular box intended for the student to write their opinion.

B. INVESTIGASI

Hutan Buah Liar Tianshan di Xinjiang, Tiongkok, adalah salah satu pusat keanekaragaman hayati tumbuhan obat dunia. Namun, kawasan ini menghadapi ancaman serius akibat aktivitas manusia, seperti Penambangan liar, Penggembalaan berlebih, dan Eksploitasi tumbuhan obat yang tidak berkelanjutan. Banyak spesies tanaman obat endemik di wilayah ini yang belum terdokumentasi secara lengkap, baik secara morfologi maupun secara genetik. Identifikasi berbasis ciri fisik sering menimbulkan kesalahan karena banyaknya spesies yang tampak serupa. Oleh karena itu, para peneliti mulai menggunakan DNA barcoding dan analisis pohon filogenetik untuk menentukan hubungan kekerabatan antar tanaman obat.

Dalam studi terbaru oleh Jiamahate dkk. (2025), dilakukan analisis terhadap 101 spesies tumbuhan obat menggunakan gen ITS, matK, dan rbcL. Hasilnya membantu mengidentifikasi 23 spesies yang harus diprioritaskan untuk konservasi karena nilai genetik dan ekologisnya tinggi. Salah satunya spesies tumbuhan *Arnebia euchroma*, *Ligularia heterophylla*, *Rosa laxa*, *Sparganium stoloniferum*, *Amaranthus retroflexus*, dan *Parnassia palustris*.

Sumber: Jiamahate, A., Bozorov, T. A., Wang, J., Zhang, J., Zhang, H., Wang, X., Yang, H., & Zhang, D. (2025). Insights from DNA Barcodes-Based Phylogenetic Analysis of Medicinal Plants and Estimation of Their Conservation Status: A Case Study in the Tianshan Wild Forest, China. *Plants*, 14(99), 1-20.

1. Analisis Kasus untuk Siswa

Suatu tim konservasi ditugaskan oleh pemerintah untuk membantu menyusun strategi pelestarian tumbuhan obat di Hutan Tianshan. Jika kamu termasuk bagian tim konservasi tersebut, tugas kamu adalah mengetahui seberapa dekat hubungan kekerabatan genetik antar spesies tumbuhan obat yang telah disebutkan dalam potongan artikel di atas. Untuk melakukan ini, kamu akan menggunakan data sekuens DNA dari masing-masing spesies dan menganalisisnya menggunakan perangkat lunak bioinformatika bernama MEGA (*Molecular Evolutionary Genetics Analysis*). Hasil analisis ini akan ditampilkan dalam bentuk pohon filogenetik, yang menggambarkan hubungan evolusi antar spesies dan membantu menentukan prioritas pelestarian berdasarkan kekerabatan genetiknya.

Berdasarkan data sekuens yang tersedia, kekerabatan antar tumbuhan obat di atas dapat dibuktikan dengan membuat pohon filogenetik. Bagaimana cara membuat pohon filogenetik tumbuhan obat menggunakan data sekuens yang telah tersedia?

Data sekuens tiap spesies sebagai berikut:

(<https://pastebin.com/j9iE2RCQ>)

SPESES 1

Arnebia euchromal
(Target):

```
GTGACACGTTCACTAAAAA  
AAAATCCTTTTGTAGCCAAT  
CATTATTAAAAAAATTGAA  
AAGCTTAATA
```

SPESES 2

Ligularia heterophylla:

```
TCAATAAACTCTTAGAATTTT  
GCTATTAACTATTTAATTTAA  
ATTCTTGGCTATTCATATTC  
GCTATTAT
```

SPESES 3

Rosa laxa

```
ATGGTTCTTCAAGGATCCTT  
TTATACAGTATGTTAGATAT  
CAAGGAAAATCGATTCTGG  
CATCAAAAGAT
```

SPESES 4

Sparganium stoloniferum

```
ATGAAACAATTACAAGGAT  
ATTTAGAAAAAGCTAGATCT  
CGGAAACAACACTTCCTAT  
ATCCGCTTCTTT
```

SPESES 5

Amaranthus retroflexus

```
GTGTTAGATATATTAATACC  
TTACCCTGCCCATCTAGAA  
ATCTTGGTTCAAACCTTCG  
CTATTGGTTGA
```

SPESES 6

Parnassia palustris

```
ATGGAAGAGTTTCAAGGAT  
ATTTAGAATTAGATCCCTCG  
CAGCAGCATGACTTCCTAT  
ATCCAATTATT
```


2. Membuat Pohon Filogenetik Menggunakan MEGA

1) Unduh dan Install Aplikasi MEGA (*Molecular Evolutionary Genetics Analysis*) (<https://www.megasoftware.net/>)

2) Siapkan Data Sekuens DNA

- Data sekuens tiap spesies yang digunakan dapat dilihat diatas atau jika belum menyiapkan data sekuens dapat dicari dan diunduh melalui NCBI (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) dengan format file FASTA

3) Buka MEGA dan Buat File Alignment

- Buka MEGA
- Pilih Align > Edit/Build Alignment > Create New Alignment > DNA
- Klik Edit > Insert Sequence From File, lalu masukkan file FASTA berisi 6 sekuens tersebut
- Simpan file alignment (format: .meg)

4) Lakukan Multiple Sequence Alignment

- Pilih Alignment > Align by ClustalW atau MUSCLE
- Setelah proses selesai, simpan kembali file alignment

5) Buat Pohon Filogenetik

- Kembali ke halaman awal MEGA
- Pilih Phylogeny > Construct/Test Neighbor-Joining Tree (atau metode lain seperti Maximum Likelihood)
- Pilih file alignment .meg yang sudah dibuat dan klik OK
- Atur parameter jika diperlukan, lalu klik Compute

6) Visualisasi dan Simpan Pohon Filogenetik

- Pohon filogenetik akan muncul di jendela baru
- Gunakan fitur di toolbar untuk mengatur tampilan pohon (misalnya radial, rectangular)
- Klik File > Export Image untuk menyimpan hasil pohon dalam format gambar (.png/.jpg)

"Setelah menyelesaikan aktivitas di atas, kamu sekarang dapat menyusun pohon filogenetik versimu sendiri!"

AYO, JAWAB PERTANYAAN BERIKUT!

Setelah kamu berhasil membuat pohon filogenetik dari data sekuens DNA yang tersedia, sekarang saatnya menganalisis dan menarik kesimpulan berdasarkan hasil tersebut. Jawablah pertanyaan-pertanyaan analisis berikut untuk menghubungkan aktivitas bioinformatika ini dengan permasalahan konservasi tumbuhan obat:

Pertanyaan	Jawaban
Bagaimana pola kekerabatan antar spesies tumbuhan obat terlihat dalam pohon filogenetik yang kamu bangun?	
Spesies mana yang paling dekat kekerabatannya dengan <i>Arnebia euchroma</i> ?	
Berdasarkan hubungan kekerabatan, mana saja spesies yang sebaiknya diprioritaskan untuk pelestarian? Mengapa?	
Jika kamu menggunakan lebih dari satu gen seperti ITS dan <i>rbcl</i> , Apakah ada perbedaan dalam pola kekerabatan antar spesies dari kedua gen tersebut?	
Apa yang dapat kamu simpulkan tentang akurasi atau kelebihan/kekurangan masing-masing gen dalam penentuan hubungan evolusioner?	

Jawablah pertanyaan di bawah ini!

Pertanyaan	Jawaban
Apa yang kamu ketahui tentang MEGA (<i>Molecular Evolutionary Genetics Analysis</i>) ?	
Apa yang kamu ketahui tentang keanekaragaman hayati?	
Apakah dengan kita mengetahui keanekaragaman genetik dapat membantu upaya konservasi?	
Apa yang dimaksud dengan pohon filogenetik?	
Apa saja tahapan dalam membuat pohon filogenetik?	
Mengapa penting mengetahui hubungan kekerabatan antar tumbuhan obat secara genetik? Berikan alasanmu!	
Apa yang kamu ketahui tentang Internal Transcribed Spacer (ITS)?	

GREAT JOB!