

BAB I

PENDAHULUAN

1.1 Latar Belakang

Koro pedang (*Canavalia ensiformis*) merupakan tanaman legum yang memiliki potensi besar sebagai sumber pangan alternatif di Indonesia, terutama dalam mengurangi ketergantungan pada kedelai (*Glycine max*) impor (Kesonga et al., 2018). Saat ini, Indonesia masih sangat bergantung pada kedelai impor untuk memenuhi kebutuhan bahan baku pangan yang dipakai untuk produk olahan, seperti tempe dan tahu (Priyanto, 2023). Kebutuhan kedelai nasional Indonesia diperkirakan sekitar 3 juta ton per tahun, tetapi produksi lokal hanya mampu memenuhi sebanyak 10%.

Menurut data Badan Pusat Statistik (BPS), pada tahun 2025, prediksi impor kedelai meningkat menjadi sekitar 2,7 juta ton. Amerika Serikat merupakan pemasok utama kedelai Indonesia, yakni sekitar 1,93 juta ton pada tahun 2024, selain itu, kebutuhan kedelai Indonesia juga diimpor dari Kanada sekitar 10%. Ketergantungan ini menyebabkan permasalahan terkait harga kedelai yang fluktuatif dan pasokan yang tidak selalu stabil. Dengan banyaknya masyarakat Indonesia yang mengonsumsi kedelai membuat Indonesia rentan terhadap perubahan harga internasional dan masalah ketersediaan kedelai. Situasi tersebut dapat menjadi ancaman jika terjadi krisis pangan global atau pembatasan ekspor oleh negara pemasok kedelai.

Kandungan protein pada koro pedang hampir sama dengan kedelai, yakni 30,36% koro pedang dan 35% kedelai. Biji koro pedang dapat dimanfaatkan untuk diolah menjadi tempe dengan rasa dan kualitas yang mirip dengan tempe kedelai (Herdiani, 2021). Selain itu, tepungnya juga dapat diolah menjadi berbagai produk makanan, seperti roti dan makanan ringan (Trustinah, 2021). Potensi tersebut menjadikan koro pedang sebagai kandidat unggul untuk sumber protein alternatif lokal yang terjangkau (Uge et al., 2023).

Studi genomik merupakan salah satu upaya yang dapat dilakukan

untuk meningkatkan pengembangan *C. ensiformis*. Studi genomik mampu menyediakan informasi dasar yang sangat penting untuk pemuliaan tanaman dan optimalisasi pemanfaatannya. Namun, informasi genomik yang tersedia pada pangkalan data NCBI hanya berupa data genom dengan perakitan yang sangat terfragmentasi. Genom *C. ensiformis* berukuran 535,5 Mb yang tersusun atas 1.061 contig dengan nilai N50 sebesar 1,2 Mb dan L50 sebanyak 122, serta kandungan GC sebesar 30% dengan *genome coverage* 9,5. Hingga saat ini, perakitan genom belum memiliki susunan kromosom lengkap, meskipun tanaman ini diketahui memiliki $2n = 22$ kromosom (Morris, 2006). Anotasi terhadap data genom tersebut belum pernah dilakukan sebelumnya. Akibatnya, pengembangan varietas unggul *C. ensiformis* berjalan lebih lambat dibandingkan komoditas utama lainnya dan potensinya sebagai sumber protein alternatif menjadi sulit dioptimalkan.

Analisis transkriptomik berbasis RNA-seq dapat menjadi salah satu solusi yang dapat membantu mengatasi keterbatasan informasi genom melalui anotasi genom. Analisis transkriptomik adalah studi menyeluruh terhadap transkriptom, yaitu seluruh kumpulan RNA (terutama mRNA) yang diekspresikan dalam suatu sel, jaringan, atau organisme pada kondisi tertentu. Melalui analisis transkriptomik, dapat diidentifikasi gen-gen penyandi protein pada *C. ensiformis* yang berperan penting untuk pengembangan varietas unggul. Dengan adanya data genom yang lebih lengkap, pemuliaan koro pedang dapat dilakukan dengan lebih terarah dan berbasis pada karakter genetik yang relevan untuk ketahanan pangan.

Studi genomika fungsional memerlukan gen kontrol internal yang akurat sebagai pembanding dalam mengukur ekspresi gen melalui analisis *real-time* PCR (RT-qPCR). Gen kontrol ini berfungsi sebagai acuan atau pembanding dalam mengukur ekspresi gen spesifik untuk memastikan bahwa data yang dihasilkan benar-benar mewakili kondisi fisiologis tanaman. Namun, hingga saat ini belum ada gen kontrol internal yang spesifik untuk *C. ensiformis*. Gen kontrol internal dari spesies lain (famili

Fabaceae) yang biasanya digunakan seringkali tidak optimal dan berpotensi menghasilkan data yang kurang akurat. Penggunaan gen kontrol yang tidak sesuai dapat menurunkan validitas data dan dapat menghambat kemajuan penelitian dalam pengembangan *C. ensiformis* (Meng et al., 2019).

Oleh karena itu, penelitian ini memiliki dua tujuan utama yang saling berkaitan. Pertama, melakukan analisis data transkriptomik *C. ensiformis* untuk menghasilkan perakitan transkrip dan melakukan anotasi genomik sebagai sumber informasi genomik spesies ini. Kedua, menggunakan data transkriptomik tersebut untuk mengidentifikasi kandidat gen kontrol internal yang potensial dan spesifik untuk *C. ensiformis*, yaitu gen aktin, ubiquitin, dan *glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase* (GAPDH). Dengan tersedianya anotasi genom dan kandidat gen kontrol yang andal, diharapkan penelitian ini dapat menjadi landasan ilmiah dalam mendukung upaya pemuliaan dan pengembangan *C. ensiformis* sebagai sumber pangan lokal guna mendukung ketahanan pangan.

1.2 Rumusan Masalah

Berdasarkan latar belakang di atas, maka permasalahan dalam penelitian dapat dirumuskan sebagai berikut:

- a. Bagaimana anotasi genom *Canavalia ensiformis* menggunakan analisis transkriptomik dengan pendekatan sekuensing RNA ?
- b. Bagaimana hasil identifikasi gen-gen penyandi aktin, ubiquitin, dan GAPDH pada genom *Canavalia ensiformis*?

1.3 Tujuan Penelitian

Tujuan dari penelitian ini antara lain:

- a. Menganotasi genom *Canavalia ensiformis* melalui analisis transkriptomik menggunakan pendekatan sekuensing RNA
- b. Mengidentifikasi gen-gen aktin, ubiquitin, dan GAPDH pada genom *Canavalia ensiformis*.

1.4 Manfaat Penelitian

Terdapat manfaat teoritis dan praktis dari penelitian ini. Manfaat dari penelitian ini antara lain:

Manfaat Teoritis

- a. Penelitian ini diharapkan dapat berkontribusi pada pengembangan ilmu pengetahuan di bidang biologi molekuler dan bioteknologi tanaman, khususnya dalam memperluas pemahaman mengenai genom dan ekspresi gen pada *Canavalia ensiformis*.
- b. Penelitian ini dapat menyediakan data informasi gen penyandi protein aktin, ubiquitin, dan GAPDH yang dapat digunakan untuk studi ekspresi gen pada *Canavalia ensiformis*.

Manfaat Praktis

- a. Penelitian ini berkontribusi dalam upaya untuk mempercepat proses pemuliaan tanaman *Canavalia ensiformis* melalui informasi genomik yang berguna untuk pengembangan varietas baru yang lebih unggul.
- b. Penelitian ini dapat mengidentifikasi gen-gen yang dapat digunakan sebagai gen kontrol internal dalam validasi analisis ekspresi gen menggunakan *real-time* PCR (RT-qPCR) pada *Canavalia ensiformis*.