

BIOSISTEMATIKA



Tim Penulis :

- Gigin Ginanjar
- Almira Ulimaz
- Philipus Uli Basa Hutabarat
- Ashari Bagus Setiawan
- Herlina Putri Endah Sari
- Muhammad Rifqi Hariri
- Hasmiwati
- Alexander Kurniawan Sariyanto Putera
- Dara Juliana

BIOSISTEMATIKA

Gigin Ginanjar

Almira Ulimaz

Philipus Uli Basa Hutabarat

Ashari Bagus Setiawan

Herlina Putri Endah Sari

Muhammad Rifqi Hariri

Hasmiwati

Alexander Kurniawan Sariyanto Putera

Dara Juliana



GET PRESS INDONESIA

BIOSISTEMATIKA

Penulis :

Gigin Ginanjar

Almira Ulimaz

Philipus Uli Basa Hutabarat

Ashari Bagus Setiawan

Herlina Putri Endah Sari

Muhammad Rifqi Hariri

Hasmiwati

Alexander Kurniawan Sariyanto Putera

Dara Juliana

ISBN : 978-634-255-530-9

Editor : Dr. Oktavianis, M.Bomed

Desain Sampul dan Tata Letak : Tri Putri Wahyuni, S. Pd.

PENERBIT : GET PRESS INDONESIA

Anggota IKAPI No. 033/SBA/2022

Jl. Palarik RT 01 RW 06 Kelurahan Air Pacah

Kecamatan Koto Tangah Padang Sumatera Barat

website: www.getpress.co.id

email: adm.getpress@gmail.com

Cetakan pertama, Juni 2026

Hak cipta dilindungi undang-undang

Dilarang memperbanyak karya tulis ini dalam bentuk
dan dengan cara apapun tanpa izin tertulis dari penerbit.

KATA PENGANTAR

Puji syukur ke hadirat Allah SWT atas selesainya buku ini, yang disusun sebagai panduan komprehensif untuk memahami dinamika klasifikasi makhluk hidup dari metode tradisional hingga pendekatan modern. Buku ini mengupas tuntas fondasi utama dalam biosistematika, mulai dari konsep perbedaan taksonomi dan sistematika, metode identifikasi melalui kunci dikotom, hingga aturan tatanama yang baku. Fokus utama buku ini adalah menjembatani pemahaman mengenai variasi intra-spesifik dan konsep spesies yang beragam, serta menyajikan analisis mendalam terkait pendekatan fenetik dan filogenetik yang menjadi tulang punggung dalam merekonstruksi sejarah evolusi organisme.

Lebih dari sekadar teori, buku ini juga mengeksplorasi berbagai bukti (evidence) sistematika yang mencakup aspek morfologi, perilaku, hingga molekuler, yang diperkaya dengan studi kasus relevan pada fauna endemik Indonesia. Semoga karya ini dapat menjadi referensi yang mencerahkan bagi mahasiswa dan peneliti, serta memberikan kontribusi nyata dalam upaya konservasi keanekaragaman hayati di masa depan.

Padang, Maret 2026

Penulis

DAFTAR ISI

KATA PENGANTAR.....	i
DAFTAR ISI.....	ii
DAFTAR GAMBAR	viii
DAFTAR TABEL.....	xi
BAB 1 KONSEP DAN PERBEDAAN TAKSONOMI DAN SISTEMATIKA	2
1.1 Konsep Pengelompokan Makhluk Hidup	2
1.2 Konsep Taksonomi.....	6
1.3 Konsep Sistematika.....	10
1.4 Perbedaan Taksonomi dan Sistematika.....	12
DAFTAR PUSTAKA	16
BAB 2 KLASIFIKASI DALAM BIOLOGI SISTEMATIKA.....	18
2.1 Konsep dan Hakikat Klasifikasi dalam Biologi Sistematika.....	18
2.2 Metode dan Pendekatan dalam Klasifikasi Organisme Modern.....	20
2.3 Konsep Spesies dalam Konteks Klasifikasi Modern.....	21
2.4 Sistem Klasifikasi Lima Kingdom hingga <i>Domain of Life</i>	23
2.5 Implikasi Klasifikasi terhadap Konservasi Keanekaragaman Hayati.....	24
2.6 Tantangan dan Prospek Klasifikasi di Era Genomik.....	26
2.7 Klasifikasi sebagai Alat Komunikasi Ilmiah dan Manajemen Pengetahuan	27
DAFTAR PUSTAKA	31
BAB 3 IDENTIFIKASI	34
3.1 Karakteristik Diagnostik.....	37
3.1.1 Analisis Karakter	38
3.1.2 Terminologi Karakter dan Keadaan Karakter.....	39

3.1.3 Perbandingan Karakter Utama antar Kerajaan Makhluk Hidup.....	40
3.2 Kunci Identifikasi.....	41
3.2.1 Format Umum Kunci Dikotom	42
3.2.2 Kunci Dikotom Bertakik (<i>Indented Key</i>).....	43
3.2.3 Kunci Dikotom Paralel Bertanda Kurung (<i>Parallel Bracketed Key</i>).....	44
3.3 Perlakuan Taksonomi	46
3.3.1 Deskripsi Diagnostik dan Diagnosa Berbasis DNA	48
3.4 Masalah Taksonomi dan Variasi Intra-Spesifik	53
3.4.1 Masalah Taksonomi dalam Identifikasi.....	53
3.4.2 Spesies Kriptik dan Batas Spesies yang Kabur	53
3.4.3 Overlap Variasi Intra dan Interspesifik	54
3.4.4 Subjektivitas dan “Noise” pada Keputusan Taksonomis.....	55
3.4.5 Taksonomi Integratif (<i>Integrative Taxonomy</i>).....	56
3.4.6 Variasi Intra-Spesifik	57
3.4.7 Variasi Intra-Spesifik Vs Spesies Kriptik.....	59
3.4.8 Polimorfisme Warna Sebagai Variasi Intra-Spesifik	60
3.4. Implikasi Variasi Intra-Spesifik Untuk Kunci dan Diagnosis	61
DAFTAR PUSTAKA	64
BAB 4 TATANAMA.....	72
4.1 Sejarah Perkembangan Tatanama	74
4.2 Prinsip dan Aturan Dasar Tatanama.....	78
4.3 Aturan Penamaan Organisme.....	82
4.3.1 Homonim dan Sinonim	87
4.3.2 Kesalahan Penulisan Nama Ilmiah yang Sering Terjadi.....	89
4.4 Tipifikasi dalam Tatanama	90

4.5 Publikasi Efektif dan Validitas Nama	97
4.6 Studi Kasus dan Penerapan Tatanama dalam Biosistematika	101
DAFTAR PUSTAKA	104
BAB 5 KONSEP SPESIES	113
5.1 Definisi Spesies	113
5.1.1 Spesies sebagai Konsep	113
5.1.2 Spesies sebagai Takson	114
5.1.3 Spesies sebagai Kategori	114
5.2 Awal Mula Istilah "Spesies"	114
5.3 Konsep Spesies Tipologi	115
5.4 Konsep Spesies Biologi	116
5.4.1 Spesies Sibling	118
5.4.2 Variasi Intraspesies	120
5.4.3 Hibridisasi	122
5.4.4 Spesies Aseksual	123
5.4.5 Ring Spesies	123
5.5 Konsep Spesies Pengenalan	125
5.6 Konsep Spesies Fenetik	126
5.7 Konsep Spesies Evolusi	127
5.8 Konsep Spesies Filogenetik	127
5.9 Konsep Spesies Kladistik	129
5.10 Konsep Spesies Hennigian	129
5.11 Konsep Spesies Ekologi	129
DAFTAR PUSTAKA	131
BAB 6 FENETIK	134
6.1 Prinsip Dasar Fenetik	135
6.2 Karakter dalam Analisis Fenetik	137
6.3 Metode Analisis Fenetik	138

6.4 Fenogram dalam Fenetik.....	139
6.5 Kelebihan Pendekatan Fenetik.....	141
6.6 Keterbatasan Pendekatan Fenetik.....	142
6.7 Penerapan Fenetik dalam Penelitian Biologi.....	143
6.8 Perbandingan Fenetik dengan Pendekatan Lain	145
DAFTAR PUSTAKA	147
BAB 7 FILOGENETIK.....	149
7.1 Analisis Filogenetik.....	149
7.1.1 Pentingnya Filogenetik dalam Penelitian Nyamuk.....	150
7.1.2 Metode Filogenetik yang Digunakan	152
7.1.3 Hubungan Evolusi di Antara Speseis Nyamuk.....	156
7.1.4 Koevolusi dengan Inang dan Pathogen.....	157
7.1.5 Analisis Filogeografis.....	158
7.2 Tantangan dan Batasan dalam Studi Filogenetik.....	160
7.3 Implikasi Sejarah Evolusi Terhadap Penularan Penyakit...	161
7.4 Studi Kasus	162
7.4.1 Pemilihan Lokasi Studi.....	162
7.4.2 Pengumpulan Data.....	163
7.4.3 Temuan Utama dan Implikasi	164
7.5 Implikasi bagi Kesehatan Masyarakat dan Pengendalian Penyakit.....	165
7.5.1 Peran Identifikasi Spesies yang Akurat dalam Pengendalian Vektor	165
7.5.2 Wawasan Filogenetik tentang Kompetensi Vektor dan Dinamika Penyakit.....	165
7.5.3 Strategi Pengelolaan Nyamuk Terpadu.....	166
7.6 Kemajuan Teknologi dan Arah Masa Depan	167
7.6.1 Inovasi dalam Teknologi Identifikasi (CRISPR, AI, dll).....	167
7.6.2 Tren Masa Depan dalam Penelitian Filogenetik	168

7.6.3 Potensi Integrasi Pendekatan Multi-Omics.....	168
---	-----

DAFTAR PUSTAKA	172
-----------------------------	------------

BAB 8 EVIDENCE DALAM SISTEMATIKA	178
---	------------

8.1 <i>Evidence</i> Morfologi	179
-------------------------------------	-----

8.1.1 Morfologi Eksternal	179
---------------------------------	-----

8.1.2 Homologi vs Homoplasi	180
-----------------------------------	-----

8.1.3 Morfometri Geometrik	180
----------------------------------	-----

8.2 <i>Evidence</i> Anatomi dan Histologi.....	180
--	-----

8.3 <i>Evidence</i> Embriologi dan Perkembangan.....	181
--	-----

8.4 <i>Evidence</i> Paleontologi.....	181
---------------------------------------	-----

8.5 <i>Evidence</i> Sitogenetika.....	182
---------------------------------------	-----

8.6 <i>Evidence</i> Molekuler	182
-------------------------------------	-----

8.6.1 Penanda Molekuler	182
-------------------------------	-----

8.6.2 Filogenetika Molekuler	183
------------------------------------	-----

8.7 <i>Evidence</i> Bioakustik	183
--------------------------------------	-----

8.8 <i>Evidence</i> Perilaku	184
------------------------------------	-----

8.9 <i>Evidence</i> Biogeografi.....	184
--------------------------------------	-----

8.10 <i>Evidence</i> Ekologi	185
------------------------------------	-----

8.11 <i>Integrative Taxonomy</i>	185
--	-----

8.12 Total Evidence vs Combined Evidence	186
--	-----

8.13 Evaluasi Kekuatan <i>Evidence</i>	186
--	-----

8.14 Studi kasus 1: Aramidopsis Plateni (Mandar Dengkur) ...	186
--	-----

8.14.1 <i>Evidence</i> Morfologi	187
--	-----

8.14.2 <i>Evidence</i> Bioakustik	187
---	-----

8.14.3 <i>Evidence</i> Molekuler	187
--	-----

8.14.4 Signifikansi Sistematis.....	187
-------------------------------------	-----

8.15 Studi Kasus 2: Macrocephalon Maleo (Maleo Senkawor).....	188
---	-----

8.16 Tabel Komparatif <i>Evidence</i>	188
---	-----

8.17 Contoh Matriks Morfologi (Sederhana)	189
8.18 Contoh Matriks Molekuler (Hipotetik SNP)	190
8.19 Isu Lanjutan dalam Sistematika Modern	190
8.20 <i>Evidence</i> dalam Era Genomik dan AI	191
8.21 Sintesis dan Prospek Masa Depan	191
DAFTAR PUSTAKA	193
BAB 9 BIOSISTEMATIKA DI ERA GENOMIK	195
9.1 Era Sistematis Molekuler	200
9.2 Konsep Genomik dalam Biosistematika	202
9.3 Filogenomik dan Rekonstruksi Pohon Evolusi	203
9.4 Pohon Barcoding dan Identifikasi Spesies	204
9.5 Tantangan Biosistematika di Era Genomik	205
9.6 Integrasi Pendekatan: Taksonomi Integratif	206
9.7 Implikasi Bagi Konservasi dan Biodiversitas	207
DAFTAR PUSTAKA	208
INDEKS	211
GLOSARIUM	214
BIODATA PENULIS	225

DAFTAR GAMBAR

Gambar 1. 1 Klasifikasi 5 Kingdom Berdasarkan Robert H. Whittaker (1969)	5
Gambar 1. 2 Pohon Filogenetik Manusia Berdasarkan Kesamaan DNA.....	11
Gambar 1. 3 Tingkatan Takson pada Kingdom	13
Gambar 3. 1 Plastisitas Morfologi pada <i>Chlorella vulgaris</i>	36
Gambar 4. 1 Carolus Linnaeus dan dua publikasinya diBidang Botani (Species Plantarum, 1753) Serta Zoologi (Systema Naturae, 1758)	75
Gambar 4. 2 Augustin Pyramus de Candolle dan Salah Satu Publikasinya, <i>Théorie Élémentaire de la Botanique</i> (1813)	77
Gambar 4. 3 Contoh spesimen Tipe yang Dijadikan Sebagai Acuan Dasar Publikasi Ilmiah. Spesimen Herbarium <i>Hibiscus Townsvillensis</i> (Craven 10469, Canb 875440) (A); Awetan Basah <i>Testudo Scabra</i> Linnaeus 1758:198.....	92
Gambar 4. 4 Lektotipe <i>Hoya diversifolia</i> Blume dari buku Herbarium Amboinense oleh Rumphius (1747), tab. 175, fig. 2	95
Gambar 4. 5 Spesimen yang Ditetapkan Sebagai Lektotipe <i>Caragana Opulens</i> yang Ditandai dalam Protolog dengan Tulisan ' <i>Designated Here</i> ' (Ditandai dengan Kotak)	97
Gambar 4. 6 Contoh Deskripsi Spesies Baru yang Dipublikasi Melalui Jurnal Ilmiah <i>Phytokeys</i> yang Dilengkapi dengan Komponen Berupa Nama Spesies Baru, Pertelaan Diagnosis dan Lengkap, dan Tipe. Singkatan Sp.Nov. Merupakan Jenis Baru (<i>Species Nova</i>).....	100
Gambar 5. 1 Satu Spesies Laba-Laba, <i>Selkirkella Alboguttata</i> , dengan Enam Variasi Morfologi	117
Gambar 5. 2 Terlihat Berbeda Namun Sejenis, <i>Papilio Polytes</i> . (A) Jantan; (B) Betina	118
Gambar 5. 3 Nyamuk <i>Anopheles Maculipennis s.l.</i> Dewasa dengan Morfologi yang Identik dan Perbedaan	

	Morfologi Berupa Corak Pada Telur Berbeda Spesies	119
Gambar 5. 4	<i>Sturnella Neglecta</i> dan <i>Sturnella Magna</i> dengan Penampilan yang Identik, Namun Terisolasi Secara Reproduksi Akibat Perbedaan Pola Kicauan	120
Gambar 5. 5	Spesies Dimorfisme Menunjukkan Adanya Dua Pola Morfologi dalam Satu Spesies, <i>Brachydiplax Chalybea</i> , (A) Jantan; (B) Betina	121
Gambar 5. 6	Perbedaan Morfologi Kupu-Kupu <i>Cyrestis Themire</i> Berdasarkan Tahapan Hidupnya Yang Menunjukkan Adanya Metamorfosis Sempurna	121
Gambar 5. 7	Perbedaan Morfologi Rayap <i>Nasutitermes</i> Berdasarkan Kasta. (A) Prajurit; (B) Pekerja	122
Gambar 5. 8	Salamander Genus <i>Ensatina</i> , Merupakan Contoh Ring Spesies yang Populer. Spesies Berdampingan Mampu Bereproduksi (Misalnya Antara <i>E. Xantoptica</i> Dengan <i>E. Eschscholtzii</i> Atau Antara <i>E. Oregonensis</i> Dengan <i>E. Croceater</i>), Namun Spesies yang Terdapat di Ujung Persebaran Mengakumulasi Perubahan Bertahap Sehingga Membentuk Dua Garis Keturunan yang Tidak Mampu Saling Kawin (<i>E. Eschscholtzii</i> Dengan <i>E. Klauberi</i>)	124
Gambar 5. 9	Persebaran Spesies <i>Euphorbia Tithymaloides</i> dARI Populasi di Daratan Utama (A), Berevolusi Secara Divergen Menjadi Dua Garis Keturunan Populasi (B dan C) yang Memiliki Karakter Morfologi, Ekologi dan Genetik yang Berbeda.	125
Gambar 5. 10	Berdasarkan Konsep Spesies Filogenetik, Salamander pada "Cabang" A dan B Merupakan Spesies yang Berbeda. Sementara Populasi- Populasi Pada "Cabang" C Merupakan Satu Spesies Meskipun Memiliki Morfologi yang Berbeda	128
Gambar 6. 1	Contoh Hasil BLAST	136
Gambar 6. 2	Contoh Hasil BLAST	140
Gambar 6. 3	Analisis Klaster Menggunakan Metode <i>Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean</i> (UPGMA) Berdasarkan 13 Karakter Daun pada <i>Ixora</i> dan <i>Psychotria</i>	144
Gambar 6. 4	Mandar Dengkur	186
Gambar 6. 5	Maleo Senkawor	188

Gambar 9. 1 Perkembangan Biosistematika: dari Morfologi ke Molekuler.....	197
Gambar 9. 2 a) Diagram Target yang Mencerminkan Prioritas Pengurutan Genom Menurut Nilai Taksonomi (Tertinggi di Tengah; Merah). b) Bagan Alir yang Mewakili Berbagai Definisi Tipe. Panah Hitam Menunjukkan Bahwa Lektotipe dan Paralektotipe Ditetapkan dari Seri Sintipe.....	198

DAFTAR TABEL

Tabel 1. 1 Perbedaan Taksonomi dan Sistematika.....	14
Tabel 3. 1 Karakter Kunci untuk Diagnosis Tingkat Kerajaan (<i>Kingdom</i>).....	62
Tabel 4. 1 Akhiran Resmi Nama Ilmiah Berdasarkan Tingkatan Takson pada Tumbuhan dan Hewan.....	80
Tabel 4. 2 Contoh Nama-Nama Ilmiah Disertai Nama Kepengarangan dan Interpretasinya.....	85
Tabel 8. 1 Perbandingan Jenis <i>Evidence</i> dalam Sistematika	188
Tabel 8. 2 Perbandingan Karakter pada Tiga Taksa	189
Tabel 8. 3 Perbandingan Posisi SNP pada Tiga Taksa.....	190

BAB 1

KONSEP DAN PERBEDAAN TAKSONOMI DAN SISTEMATIKA

1.1 Konsep Pengelompokan Makhluk Hidup

Ada begitu banyak makhluk hidup di dunia ini mulai dari yang ukuran sangat besar seperti paus, sampai dengan bakteri yang ukurannya mikroskopis. Jika dihitung-hitung, terdapat lebih dari satu juta spesies hewan yang sudah diketahui, dan kurang lebih setengah juta spesies tumbuhan dan makhluk hidup yang ukurannya sangat kecil sudah diidentifikasi. Makhluk hidup yang telah mati atau punah tentu lebih banyak lagi, jumlahnya diperkirakan bisa mencapai satu miliar spesies jika didata secara keseluruhan, itupun mungkin banyak juga spesies yang masih belum terdata.

Tiap spesies yang ada menunjukkan ciri dan karakter yang berbeda, mulai dari tampilan/bentuk tubuh, coraknya, perilaku, cara reproduksi, ukuran, adaptasi, kedudukannya di ekosistem, dan lainnya. Beberapa ada yang mampu beradaptasi di lingkungan terestrial (daratan), lainnya ada yang hidup pada lingkungan akuatik (air), tidak sedikit juga memiliki kemampuan terbang. Spesies yang hidup secara akuatik juga ada yang hidup disalininitas rendah seperti sungai dan danau, beberapa lagi teradaptasi di lingkungan dengan salinitas tinggi seperti lautan. Begitu banyaknya spesies yang ada di bumi ini dengan karakter yang begitu beragam, tidak

mungkin rasanya jika kita akan mempelajarinya tanpa mengelompokkan makhluk hidup itu dengan melihat kesamaan yang dimilikinya.

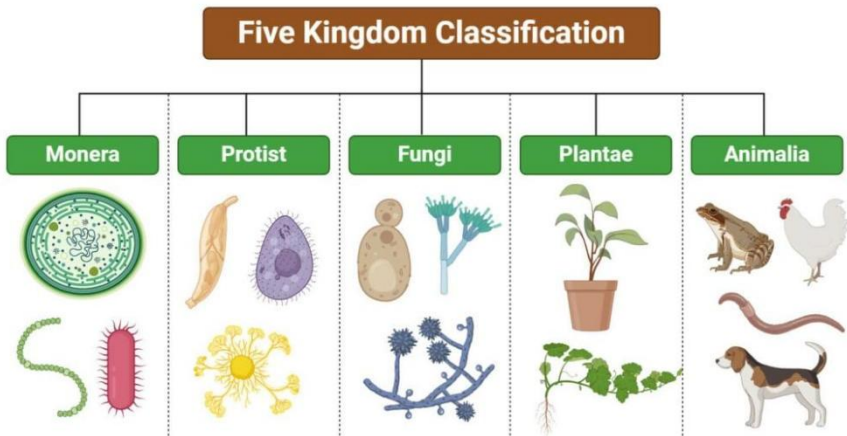
Pada makhluk hidup yang memiliki perbedaan secara morfologi, fisiologi, dan tingkah laku, tentu ada beberapa karakternya yang sama. Karakter yang sama ini tentu menjadi benang merah untuk melihat sejauh mana kedekatan antara spesies-spesies yang dipelajari. Saat kita melihat primata yang secara penampilan dapat berdiri secara bipedal dengan dua kakinya, bentuk tubuh yang hampir menyerupai manusia, lengan, kaki, dan perilaku sosial, tentu kita bisa meyakini bahwa manusia 'lebih' memiliki hubungan kekerabatan dengan primata dibandingkan saat kita melihat kekerabatannya dengan capung. Cara melihat hubungan ini sangat penting, karena akan memudahkan kita dalam mempelajari organisme tersebut. Salah satu cara untuk mempelajari hubungan kekerabatan ini yaitu dengan melakukan pengelompokan (klasifikasi).

Saat kita melihat begitu banyak serangga, rasanya sulit juga jika kita mempelajari satu persatu, karenanya dengan klasifikasi kita dapat mempelajari jenis serangga yang memiliki karakter yang sama sebagai sampelnya saja. Bagaimana kita mengelompokkannya, apa yang menjadi dasarnya, inilah yang nantinya menjadi dasar dari teori pengelompokan atau teori klasifikasi. Setiap kelompok dengan karakter yang begitu banyak persamaanya tentu akan diberikan nama tersendiri, dipisahkan dari kelompok yang berbeda karakternya.

Seorang yang tertarik dengan pengelompokan ini dan menjadikannya ahli di bidang pengelompokan ini yaitu Linneus (1707-1778). Dengan ilmu pengetahuan yang berkembang saat itu, dia mengelompokkan makhluk hidup ke dalam dua kelompok besar disebut dengan 2 kingdom (kerajaan) yaitu organisme yang bergerak akan masuk ke

dalam kelompok binatang (animalia), sementara yang tidak bergerak dimasukkan ke dalam kelompok tumbuhan (plantae). Seiring berkembangnya ilmu pengetahuan dan teknologi, pengelompokan dilakukan lebih spesifik lagi, misalnya oleh Robert H. Whittaker (1969) mengelompokan makhluk hidup menjadi lebih banyak, dikenal dengan sistem 5 kingdom yaitu: monera, protista, fungi, plantae, dan animalia. Plantae dan animalia menjadi anggota kerajaan tetap, tambahannya adalah kingdom monera, protista, dan fungi.

Adanya penambahan kerajaan baru dikarenakan ada beberapa makhluk hidup yang tidak lagi layak disebut sebagai tumbuhan atau hewan, karena ciri-ciri yang dimilikinya sudah sangat berbeda. Jamur mulanya dianggap sebagai tumbuhan, akan tetapi jika dilihat secara seksama, dia tidak memiliki zat hijau daun (klorofil) dan tidak menghasilkan makanannya sendiri (autotrof), karenanya dibentuk kerajaan baru yang berbeda dari kingdom animalia, yaitu kingdom fungi (jamur). Demikian halnya dengan protista dan monera, saat mikroskop sudah semakin baik dari mula penemuannya tahun 1590, kelompok hewan yang memiliki ciri seperti tumbuhan dan memiliki kemampuan mobilitas dikelompokkan menjadi hewan mirip tumbuhan (protista), sementara yang hewan yang ukurannya mikroskopis tetapi tidak mirip dengan tumbuhan maupun jamur dikelompokkan menjadi kingdom tersendiri yaitu kelompok bakteri (kingdom monera).



Gambar 1. 1 Klasifikasi 5 Kingdom Berdasarkan Robert H. Whittaker (1969)

Sumber: Microbe Notes, 2024

(<https://microbenotes.com/organisms-classification/>)

Pengelompokan tidak selesai sampai disitu, Woese (1977) membagi makhluk hidup kedalam 6 kingdom, monera yang mulanya menjadi kingdom tersendiri, kemudian terbagi menjadi dua kingdom baru yaitu eubacteria dan archabacteria, sementara protista, fungi, plantae, dan animalia tetap. Tahun 1993, Cavalier-Smith melakukan pengengalomookan menjadi 8 kingdom, protista yang mulanya kingdom tersendiri, terbagi menjadi tiga yaitu archezoa, protozoa dan chromista. Ke 8 kingdom tersebut yaitu eubacteria, archaebacteria, archezoa, protozoa, chromista, fungi, plantae, dan animalia. Walaupun pada akhirnya Cavalier-Smith (1998) merevisi sistem 8 kingdom ini kembali lagi menjadi 6 kingdom, dengan menggabungkan archezoa dan protozoa menjadi satu kingdom yang sama yaitu protozoa.

1.2 Konsep Taksonomi

Kata taksonomi datang dari bahasa Yunani yang terdiri dari dua suku kata yaitu *taxis* yang bermakna susunan atau tingkatan dan *nomos* yang bermakna hukum atau aturan. Taksonomi sudah berkembang saat filsuf kenamaan Aristoteles hidup (384-322 BC), dia menyatakan bahwa hewan dapat dikelompokkan berdasarkan beberapa ciri seperti: cara hidup, habitat, kebiasaan, perilaku, dan bagian tubuh (Simpson, 2010).

Orang yang pertama kali mengusulkan istilah ini adalah Augustin Pyrame De Candolle tahun 1813, seorang Botanis berkebangsaan Swiss yang melakukan sistematisasi klasifikasi tumbuhan. Ditemukannya banyak spesies yang beragam pada hewan menjadikan istilah taksonomi tidak hanya dipakai untuk tumbuhan saja, dia bertransformasi menjadi bentuk pengelompokan untuk makhluk hidup yang lain. Kemudian semakin berkembang saat Linneus, dan pada akhirnya mendapat pengaruh yang begitu besar saat era teori evolusi Darwin. Taksonomi kemudian berkembang menjadi sebuah teori dan praktek untuk mengelompokkan berbagai macam makhluk hidup.

Taksonomi saat itu terspesifikasi menjadi dua cabang, yaitu taksonomi mikro dan taksonomi makro. Taksonomi mikro mengkaji pada tingkat spesies saja, sementara taksonomi makro mengkaji pada tingkatan takson yang lebih tinggi lagi (Rosadi & Pramoto, 2014). Taksonomi merupakan kajian ilmu yang fokus mempelajari hubungan tiap kelompok takson dan prinsip dalam proses klasifikasi sistematika makhluk hidup. Proses klasifikasi makhluk hidup dimulai dari memasukan individu ke dalam kelompok yang memiliki persamaan ciri. Kelompok yang terbentuk berdasarkan hasil pengklasifikasian spesies ini dikenal dengan istilah takson. Pada tingkatan lebih rendah, takson mempunyai persamaan

karakter yang banyak, sementara takson pada tingkatan lebih tinggi mempunyai persamaan karakter yang sedikit.

Taksonomi dalam ilmu biologi menjadi cabang ilmu yang mempelajari pengelompokan atau sistematika makhluk hidup (Rudyshyan & Samilyk, 2015). Cara atau pendekatan yang digunakan untuk memberikan nama yaitu dengan dua sebutan, sistem ini dikenal sebagai tata nama *binomial* atau *binomial nomenklatur* yang digagas oleh naturalis Swedia, Carl Von Linne atau Carolus Linneus (Gayatri, 2003).

Pada kegiatan Taksonomi kegiatan identifikasi merupakan kegiatan mendasar. Proses identifikasi meliputi dua aspek penting yaitu klasifikasi dan tata nama. Selama kegiatan identifikasi ini, proses untuk mencari dan menentukan adanya persamaan dan perbedaan yang dimiliki dari dua makhluk hidup, setelah itu ditentukan sama tidaknya kedua makhluk hidup tersebut, langkah selanjutnya yaitu diberikan nama.

Makhluk hidup yang sudah ditemukan dan belum diidentifikasi butuh alat pembanding, biasanya berupa: gambar, realia, spesimen atau awetan, makhluk hidup lain yang namanya sudah tercatat, atau dapat juga memakai kunci identifikasi. Penyebutkan kunci identifikasi untuk memberi nama spesies biasa dikenal dengan istilah kunci determinasi (Rudyshyan & Samilyk, 2015). Untuk mengidentifikasi makhluk hidup yang memiliki data dalam jumlah besar perlu waktu yang lama dan ketelitian yang luar biasa. Proses ini butuh waktu yang tidak sebentar karena banyaknya karakter yang dimiliki untuk dilakukan identifikasi pada setiap level taksonomi.

Sistem klasifikasi yang muncul pertama kali berdasar kepada karakter khusus yaitu habitus atau bentuk tubuh (perawakan), kemudian berganti menjadi sistem numerik, dan berkembang lagi menjadi sistem filogenetik. Saat ini

proses taksonomi didukung oleh perkembangan teknologi, peralatan optik, dan komputer yang lebih canggih. Selain itu, perkembangan ilmu biologi molekuler memiliki kontribusi signifikan pada sistem klasifikasi modern.

Kunci identifikasi pertama yang pernah dibuat adalah Flore Francoise (1778) yang dibuat oleh Lamarcks dan Candolle's. Struktur kunci melakukan identifikasi yaitu kunci dikotomi yang memiliki dua pernyataan berbeda tetapi setara, masing-masing pernyataan adalah petunjuk untuk mengaitkan dengan petunjuk lain. Petunjuk ini mesti sederhana, dan apabila memungkinkan berasal dari kata yang sama. Ciri yang digunakan juga mesti kontras dan harus dapat diamati dan bukan ciri yang sukar diamati.

Terdapat dua jenis kunci dikotom, yaitu tipe sejajar (*parallel*) dan tipe berpasangan (*idented key*). Keduanya membutuhkan ciri yang sama yaitu ciri diagnostik. Kendati begitu, kunci dikotom tipe berpasangan perlu banyak ruang dan cukup mahal biaya cetaknya. Contoh kunci dikotom tipe sejajar dan berpasangan mmisalnya pada invertebrata dan vertebrata sebagai berikut:

Contoh kunci dikotom tipe sejajar

- 1 A Memiliki tulang belakang.....2
 - B Tidak memiliki tulang belakang.....3
- 2 A Berkembang biak dengan cara bertelur.....Ovivar
 - B Berkembang biak dengan cara melahirkan.....Vivipar
- 3 A Memiliki permukaan tubuh lunak.....Molusca
 - B Memiliki permukaan tubuh yang keras.....Arhtropoda

Contoh Kunci dikotomi tipe berpasangan

- 1 Memiliki tulang belakang.....2
 - 2 Berkembang biak dengan cara bertelur.....Ovivar
 - 2 Berkembang biak dengan cara melahirkan.....Vivipar
- 1 Tidak memiliki tulang belakang.....3
 - 3 Memiliki permukaan tubuh lunak.....Molusca
 - 3 Memiliki permukaan tubuh yang keras.....Arhtropoda

Cara mengklasifikasikan atau mengelompokkan makhluk hidup berdasarkan ciri atau karakter yang dimiliki mahluk hidup mencangkup sifat khusus, bentuk/morfologi, fisiologi, dan anatomi, serta karakteristik genetik (Hidayat, 2017). Pengklasifikasian makhluk hidup pada tahapan pertama yaitu kingdom, setiap kingdom nantinya akan semakin mengerucut menjadi filum (untuk hewan) atau divisi (untuk tumbuhan). Jika filum atau devisinya sudah ditentukan maka akan dikelompokkan lagi menjadi beberapa ordo, setiap ordo nantinya akan terpisah kembali menjadi beberapa genus. Setiap genus nantinya akan semakin menyempit ke tingkatan spesies. Semakin tinggi tingkat takson, maka kesamaan ciri yang dimiliki akan sedikit (Ruggiero, 2015).

Peran taksonomi dalam biologi yaitu dapat menyediakan gambaran yang jelas terkait keanekaragaman hayati yang ada di bumi, menjadi informasi untuk rekontruksi filogeni kehidupan, informasi untuk seluruh cabang biologi, eksponen awal dari sistematika, dan berkontribusi bagi para ahli biologi ekperimental (Hidayat & Pangsuma, 2023). Taksonomi memiliki kontribusi yang signifikan dalam bidang biologi secara keseluruhan (Rosadi & Pratomo, 2014). Tujuannya tentu saja agar makhluk hidup terklasifikasi

secara sistematis, sehingga memudahkan untuk dipelajari. Informasi yang baik dan sistematis ini tentu dapat diakses dan digunakan oleh masyarakat, peneliti, atau siapapun yang memiliki kepentingan.

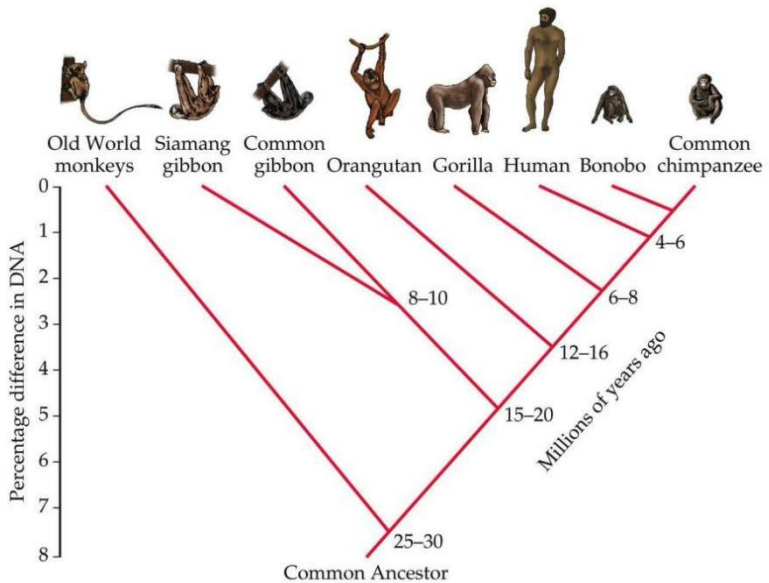
Taksonomi akan terus berkembang secara dinamis dan tidak berhenti selama semua spesies atau makhluk hidup yang ada di bumi ini belum selesai teridentifikasi secara sempurna (Rosadi & Pratomo, 2014). Kendati sudah selesai diidentifikasi, saat spesies dipelajari kembali dengan melihat kembali hubungan kekerabatannya, maka peluang atau kemungkinan ada revisi sangat mungkin terjadi. Tidak dapat dipungkiri, perkembangan ilmu pengetahuan seperti rekayasa seperti *Scanning Electron Microscope* (SEM), *Transmission Electron Microscope* (TEM), DNA sekuensing, dan rekayasa komputer akan semakin menyingkap bukti taksonomi yang tentu menuntun kegiatan pengklasifikasian menjadi lebih modern.

1.3 Konsep Sistematika

Istilah sistematika berasal dari bahasa Yunani yaitu *systema*. Kata *systema* digunakan 1735 oleh *Carolous Linneus* pada judul karyanya yang monumental berupa buku yang diberi judul *Systema Nature*. Sementara ilmuwan lain, Simpson tahun 1961 juga mempopulerkan istilah sistematika dan mengartikannya sebagai kajian terkait dengan makhluk hidup, keanekaragamannya, dan keterkaitan biologi diantara spesies tersebut. Sistematika atau biosistematika dapat diartikan sebagai kajian ilmu yang mengkaji keanekaragaman spesies di bumi, baik pada masa lampau maupun masa saat ini. Sistematika juga mempelajari taksonomi dan tata nama makhluk hidup, karakteristik suatu spesies, hubungan spesies dengan lainnya, juga keterkaitan antar makhluk hidup sepanjang sejarah perkembangannya. Berangkat dari sinilah,

sistematika dapat dikatakan sebagai dasar bagi evolusi kehidupan.

Hubungan atau keterkaitan antar makhluk hidup ini biasanya digambarkan dalam pohon filogenetik, misalnya hubungan kekerabatan antara manusia dengan spesies lain, seperti primata. Berdasarkan kesamaan DNA, Simpanse dan Bonobo memiliki karakteristik genetik yang hampir sama dengan manusia, dibandingkan dengan primata lainnya. Hubungan kekerabatan ini dapat dilihat dari perbedaan DNA sebagai berikut:



Gambar 1. 2 Pohon Filogenetik Manusia berdasarkan kesamaan DNA

Sumber: Biological Psychology, 2007

(Link: <https://image.slideserve.com/1152213/slide5-l.>)

Kelompok manusia secara sistematika memiliki kekerabatan dengan kelompok primata lain, hal ini karena manusia dan primata memiliki kesamaan gen, semakin

sedikit perbedaannya maka secara sistematika kekerabatannya sangat dekat, begitu pula sebaliknya, semakin besar presentase perbedaan DNA nya maka kekerabatannya semakin jauh. Kelompok bonobo dan nenek moyang simpanse memiliki hubungan kekerabatan paling dekat dengan manusia, dibandingkan dengan siamang, kera gibbon, dan kera ekor panjang.

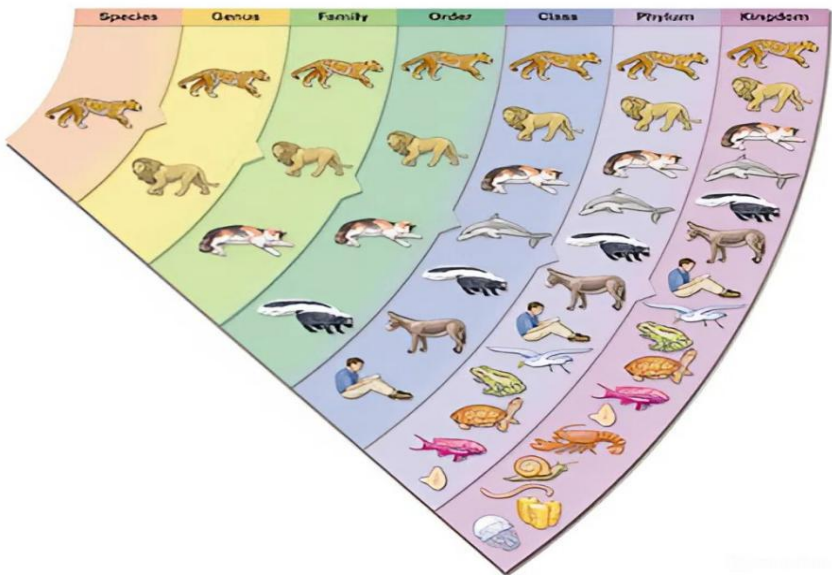
Kesamaan genetik (DNA) antara manusia dengan primata lain mengindikasikan bahwa manusia dan primata lain berasal dari nenek moyang yang sama (*common ancestor*) yang mengalami evolusi sekitar 25-30 miliar tahun yang lalu, sementara perbedaan gen manusia dengan Bonobo dan Simpanse diperkirakan bervolusi 4-6 miliar tahun lalu. Proses perubahan lingkungan dan adaptasi mengubah makhluk hidup menjadi fenotip nya saat ini. Fenotip merupakan hasil perpaduan antara faktor genetik (gen) dengan lingkungan.

Sistematika berupaya melakukan pengelompokan mahluk hidup yang karakternya bervariasi, mengembangkan sebuah cara atau pendekatan untuk melakukan kegiatan tersebut. Dalam perjalanannya, sistematika mengalami perluasan objek yang menjadi kajiannya. Perluasan ilmu sistematika pada akhirnya mengubah padangan taksonomi dan sistematika yang semula dianggap sama. Pada akhirnya sistematika memiliki arti yang lebih luas terkait kajiannya mengenai keanekaragaman makhluk hidup.

1.4 Perbedaan Taksonomi dan Sistematika

Taksonomi dan sistematika sering dianggap sinonim, karenanya sering dianggap memiliki makna yang sama, padahal kenyataannya berbeda. Taksonomi fokus kepada identifikasi, deskripsi, pemberian nama (nomenklatur), dan pengelompokan (pengklasifikasian) makhluk hidup dengan

melihat kesamaan dan ciri yang membedakannya. Taksonomi memiliki ruang lingkup lebih sempit, yang berfokus kepada proses identifikasi. Proses ini menentukan identitas atau nama sesuai dengan aturan internasional suatu organisme (nomenklatur) dengan cara mengelompokkan makhluk hidup ke dalam hierarki yang luas menjadi lebih spesifik mulai dari kerajaan (kingdom), bangsa (filum untuk hewan dan divisio untuk tumbuhan), kelas, ordo, famili, genus, hingga spesies.



Gambar 1. 3 Tingkatan Takson pada Kingdom

Sumber: (Generasi Biologi, 2016)

(Link : <https://generasibiologi.com/sistematika-dan-taksonomi/>)

Tujuan taksonomi menyamakan penyebutan atau identitas dari sebuah spesies dimanapun mereka berada, penyamaan ini pada akhirnya akan membuat keseragaman penamaan diberbagai daerah di seluruh dunia. Bisa terbayangkan, betapa membingungkan jika kita menyebut

tanaman singkong tanpa menggunakan bahasa yang seragam. Singkong di Prancis disebut *manioc*, berbeda dengan di Brazil disebut *macaxeira*, di negara Amerika Selatan lain disebut juga *mandio* dan lain sebagainya. Belum lagi dari negara-negara lain yang penyebutannya berbeda, sehingga memungkinkan kesalahfahaman dari makhluk hidup yang dimaksud.

Proses penyeragaman nama ini tentu tidak asal, tetapi menggunakan kesamaan ciri-ciri yang dimiliki. Sementara sistematika lebih luas dari taksonomi, sistematika mempelajari keanekaragaman organisme dan hubungan kekerabatan evolusionernya. Sistematika tidak terbatas pada pengelompokan saja, dia mengkaji juga sejarah evolusinya, bagaimana hubungan dengan leluhurnya terdahulu. Ruang lingkup sistematika fokus pada keanekaragaman hayati, analisis hubungan evolusi, integrasi data morfologi, molekuler, ekologi, dan genetika.

Tujuan dari sistematika yaitu fokus kepada pola evolusi dari organisme, hubungan kekerabatan antar spesies, dan klasifikasi yang mengindikasikan adanya sejarah evolusi. Taksonomi bagian dari sistematikan, dan sistematika memiliki bagian lebih luas dari pada taksonomi, dia mencakup evolusi dan filogeni spesies. Perbedaan taksonomi dan sistematika dapat dilihat pada tabel berikut:

Tabel 1. 1 Perbedaan Taksonomi dan Sistematika

Aspek	Taksonomi	Sistematika
Fokus	Identifikasi, penamaan dan klasifikasi	Hubungan evolusi dan kekerabatan
Cakupan	Lebih sempit	Lebih luas

Aspek	Taksonomi	Sistematika
Dasar Pengelompokan	Persamaan ciri seperti morfologi, anatomi, fisiologi dan lainnya	Filogeni (evolusi dan leluhur bersama)
Tujuan	Menyusun dan menamai organisme	Memahami sejarah evolusi dan keanekaragaman
Hubungan keduanya	Bagian dari sistematika	Mencangkup taksonomi

Berdasarkan tabel tersebut, dapat disimpulkan bahwa taksonomi fokus pada pengelompokan dan penamaan organisme secara terstruktur melalui mekanisme tata nama *binomial nomenklatur*, sedangkan sistematika memiliki kajian lebih jauh dan lebih luas lagi, sistematika mencangkup hubungan evolusi dan sejarah kehidupan organisme. Cabang ilmu biologi lain seperti genetika dan biologi sel dan molekuler dapat mendukung sistematika dimasa depan, hal ini karena dia membangun sebuah klasifikasi yang lebih tepat dan akurat karena menggunakan data berbasis DNA makhluk hidup.

DAFTAR PUSTAKA

- Hidayat, Taufik. 2017. Menggairahkan pembelajaran taksonomi di kelas menggunakan metode fenetik. ResearchGate, 5(1).
<https://www.researchgate.net/publication/313525815>
- Hidayat, T & Pangsuma. 2023. The Urgency Of Understanding Taxonomy In Learning Biology. Jurnal Ilmiah Pendidikan Biologi 9 (4): 96-110.
- Gayathri. T. S. R. 2003. Biology (Zoology). Chennai, India: Tamil Nadu TextBook Corporation.
- Rosadi, B., & Pratomo, H. 2014. Modul 1 Taksonomi Secara Umum. Universitas Terbuka Pers.
- Rudyshyn, S & Samilyk, V. 2015. Development Of Knowledge of The Taxonomy and Phylogeny Of Living Organisms for Future Biology Teachers. Adv. Sci. J. 2015(1): 75–82.
- Ruggiero, M. A. 2015. A Higher Level Classification of All Living Organisms. Plus one Open Access J: 1–60.
- Simpson, M. G. 2010. Plant systematics in Science and Technology Book, Second., Academic Press is an imprint of Elsevier.

BAB 2

KLASIFIKASI DALAM BIOLOGI SISTEMATIKA

2.1 Konsep dan Hakikat Klasifikasi dalam Biologi Sistematika

Klasifikasi organisme merupakan proses pengelompokan makhluk hidup ke dalam kategori-kategori hierarkis yang mencerminkan hubungan kekerabatan dan sejarah evolusi mereka. Dalam biologi sistematika, klasifikasi bukan sekadar aktivitas intelektual yang bersifat administratif, melainkan merupakan upaya ilmiah untuk menemukan pola-pola keteraturan dalam keanekaragaman hayati yang sesungguhnya. Wilkins (2020) mendefinisikan sistematika sebagai ilmu yang bertujuan untuk mendeskripsikan, mengelompokkan, dan menginterpretasikan keanekaragaman organisme baik yang makro maupun yang mikro dalam konteks evolusioner dan ekologisnya.

Hierarki taksonomi yang digunakan dalam klasifikasi modern merupakan warisan intelektual dari Carl Linnaeus yang pertama kali memperkenalkan sistem binomial nomenclature dan tingkatan taksa yang terstruktur. Sistem ini mengorganisasi organisme ke dalam kategori-kategori berjenjang mulai dari yang paling inklusif hingga yang paling eksklusif, yaitu domain, kerajaan (kingdom), filum (phylum),

kelas (class), ordo (order), famili (family), genus, dan spesies. Adl *et al.* (2019) dalam revisi komprehensif mereka terhadap klasifikasi eukariota merevisi secara fundamental banyak kelompok taksonomi berdasarkan data filogenetik terkini dan terbaru, menunjukkan betapa dinamisnya sistem klasifikasi seiring berkembangnya pemahaman kita tentang hubungan evolusioner.

Dalam perspektif filosofis, klasifikasi organisme mencerminkan asumsi-asumsi ontologis tentang hakikat keanekaragaman hayati dan sifat entitas biologis. Terdapat perbedaan mendasar antara pandangan yang menganggap spesies sebagai entitas alami yang memiliki keberadaan independen dari pengamatan manusia (realisme spesies) dengan pandangan yang menganggap spesies sebagai konstruksi intelektual yang diciptakan manusia untuk kemudahan komunikasi (nominalisme spesies). Perdebatan filosofis ini tidak hanya bersifat akademis, tetapi memiliki implikasi praktis yang langsung terhadap cara ahli taksonomi mendefinisikan dan membatasi spesies.

Biologi sistematika modern mengintegrasikan tiga komponen utama yang saling terkait, yaitu taksonomi (penamaan dan deskripsi spesies), sistematika filogenetik (rekonstruksi sejarah evolusi), dan biogeografi (distribusi geografis organisme). Integrasi ketiga komponen ini menghasilkan pemahaman yang jauh lebih kaya dan komprehensif tentang keanekaragaman hayati dibandingkan jika masing-masing komponen dikaji secara terpisah. Purvis dan Hector (2020) menegaskan bahwa pendekatan terpadu ini merupakan fondasi ilmiah yang kokoh bagi pengukuran dan pemantauan keanekaragaman hayati dalam konteks krisis kepunahan global yang sedang berlangsung.

2.2 Metode dan Pendekatan dalam Klasifikasi Organisme Modern

Perkembangan biologi sistematika ditandai oleh kemunculan berbagai pendekatan metodologis yang mencerminkan kemajuan teknologi dan pergeseran paradigma ilmiah. Sistematika morfologi klasik yang mengandalkan karakter eksternal organisme tetap menjadi titik awal yang penting, namun kini telah diperkaya dengan data dari berbagai sumber lain. Dayrat (2023) dalam ulasannya tentang taksonomi integratif mengusulkan kerangka kerja yang mensintesis data morfologi, molekuler, ekologi, dan perilaku untuk menghasilkan delimitasi spesies yang lebih robust dan reproduibel.

Filogenetik molekuler telah merevolusi cara ahli sistematika merekonstruksi pohon kehidupan. Dengan menggunakan algoritma-algoritma canggih seperti maximum likelihood dan Bayesian inference, peneliti dapat menganalisis ribuan karakter genetik secara simultan untuk menghasilkan estimasi pohon filogenetik yang statistik-terpercaya. Rambaut *et al.* (2022) dalam pengembangan perangkat lunak Tracer untuk analisis Bayesian menunjukkan bagaimana kemajuan komputasi telah memungkinkan analisis dataset yang sebelumnya tidak mungkin dilakukan. Pohon-pohon filogenetik yang dihasilkan tidak hanya menjadi dasar klasifikasi, tetapi juga menjadi kerangka referensi untuk menginterpretasikan berbagai pola biologis lainnya.

DNA barcoding merupakan salah satu inovasi metodologis paling berpengaruh dalam taksonomi modern. Teknologi ini memanfaatkan fragmen pendek dari gen-gen yang telah distandarisasi untuk identifikasi spesies secara cepat, akurat, dan terstandarisasi. Hebert *et al.* (2022) melaporkan bahwa database DNA barcode yang terus berkembang kini mencakup jutaan sekuens dari ratusan ribu spesies yang telah ada, menjadikannya alat identifikasi yang

semakin komprehensif. Namun demikian, Ebach dan Holdrege (2022) mengingatkan bahwa DNA barcoding memiliki keterbatasan konseptual yang fundamental, terutama dalam menangani fenomena spesies kriptik, hibridisasi, dan variasi intra-spesifik yang tinggi.

Pendekatan kladistika atau sistematika filogenetik yang dirintis oleh Willi Hennig menekankan pentingnya karakter turunan yang dimiliki bersama (synapomorphy) sebagai dasar pengelompokan organisme ke dalam kelompok-kelompok monofiletik. Berbeda dengan pendekatan fenetik yang mengelompokkan organisme berdasarkan kemiripan keseluruhan, kladistika secara eksplisit berupaya mencerminkan sejarah evolusi dalam sistem klasifikasi. Wheeler *et al.* (2022) menegaskan bahwa penggunaan kladistika sebagai filosofi dan metodologi dalam sistematika telah menghasilkan revisi besar-besaran terhadap banyak kelompok taksonomi, yang meskipun kadang kontroversial, pada akhirnya menghasilkan sistem klasifikasi yang lebih informatif secara biologis.

2.3 Konsep Spesies dalam Konteks Klasifikasi Modern

Konsep spesies merupakan salah satu permasalahan paling fundamental dan paling kontroversial dalam biologi sistematika. Spesies sebagai unit dasar keanekaragaman hayati dan unit dasar klasifikasi memerlukan definisi yang jelas dan operasional, namun kenyataannya para ahli biologi telah mengajukan lebih dari 30 konsep spesies yang berbeda tanpa konsensus yang tercapai. Mishler dan Wilkins (2023) berargumen bahwa pluralitas konsep spesies ini bukan merupakan kegagalan ilmu pengetahuan, melainkan mencerminkan kompleksitas biologis yang nyata dari proses spesiasi yang berjalan di alam.

Konsep spesies biologis yang diajukan oleh Ernst Mayr mendefinisikan spesies sebagai kelompok populasi alam yang saling kawin dan menghasilkan keturunan fertil, yang secara reproduktif terisolasi dari kelompok lain. Konsep ini sangat berpengaruh dan masih banyak digunakan, terutama dalam biologi hewan. Namun, konsep ini menghadapi berbagai kritik karena tidak dapat diterapkan pada organisme aseksual, fosil, maupun organisme yang menunjukkan hibridisasi luas. Wilkins (2020) mencatat bahwa konsep spesies biologis mencerminkan bias terhadap organisme hewan seksual dan tidak cukup akomodatif terhadap keanekaragaman strategi reproduksi yang terdapat di alam.

Konsep spesies filogenetik mengusulkan bahwa spesies didefinisikan sebagai kelompok organisme terkecil yang monofiletik dan memiliki kombinasi karakter diagnostik yang khas. Konsep ini lebih inklusif dan dapat diterapkan pada berbagai kelompok organisme, termasuk organisme aseksual dan fosil. Namun, penerapan konsep ini sering menghasilkan proliferasi jumlah spesies yang sangat besar karena memecah banyak spesies yang sebelumnya didefinisikan secara luas menjadi banyak spesies yang lebih sempit. Zachos (2021) dalam kajiannya tentang taksonomi mamalia menunjukkan bahwa penerapan konsep spesies filogenetik secara konsekuen dapat melipatgandakan jumlah spesies mamalia yang diakui, dengan implikasi besar terhadap kebijakan konservasi.

Fenomena spesies kriptik, yaitu spesies-spesies yang secara morfologi tampak serupa tetapi secara genetik merupakan entitas yang berbeda, telah mengubah secara fundamental pemahaman kita tentang keanekaragaman hayati. Fiser *et al.* (2023) melaporkan bahwa keberadaan spesies kriptik ditemukan di berbagai kelompok organisme, dari serangga hingga vertebrata, dan memiliki implikasi penting tidak hanya bagi taksonomi tetapi juga bagi ekologi, biogeografi, dan konservasi. Penemuan spesies kriptik melalui analisis DNA secara konsisten menunjukkan bahwa

keanekaragaman hayati sesungguhnya jauh lebih tinggi dari yang sebelumnya diperkirakan berdasarkan pengamatan morfologi semata.

2.4 Sistem Klasifikasi Lima Kingdom hingga *Domain of Life*

Sejarah perkembangan sistem klasifikasi organisme mencerminkan perjalanan panjang pemahaman manusia tentang keanekaragaman hayati. Dari sistem dua kingdom yang memisahkan organisme menjadi hewan dan tumbuhan, berkembang menjadi sistem lima kingdom yang mencakup Monera, Protista, Fungi, Plantae, dan Animalia, hingga akhirnya sistem tiga domain yang membedakan Bacteria, Archaea, dan Eukarya. Adl *et al.* (2019) dalam revisi terbaru klasifikasi eukariota mengintegrasikan data filogenetik dari ratusan gen untuk menghasilkan gambaran yang jauh lebih akurat tentang hubungan evolusioner di antara kelompok-kelompok eukariota utama.

Sistem tiga domain yang diajukan oleh Carl Woese berdasarkan data sekuens ribosomal RNA merupakan salah satu revolusi terbesar dalam biologi sistematika abad ke-20. Penemuan bahwa Archaea merupakan domain terpisah yang lebih berkerabat dengan eukariota daripada dengan bakteri tidak hanya mengubah sistem klasifikasi, tetapi juga memiliki implikasi mendalam bagi pemahaman tentang asal-usul kehidupan dan evolusi sel eukariotik. Adl *et al.* (2019) melaporkan bahwa dengan semakin banyaknya data genomik dari berbagai organisme, batas-batas antara domain dan superkelompok utama dalam pohon kehidupan semakin diperjelas, meskipun beberapa aspek masih menjadi objek penelitian aktif.

Perkembangan metagenomik dan genomik lingkungan telah membuka cakrawala baru dalam pemahaman tentang keanekaragaman organisme hidup, terutama mikro-

organisme yang sebagian besar masih belum berhasil dikulturkan di laboratorium. Teknik-teknik ini memungkinkan analisis langsung terhadap materi genetik dari sampel lingkungan tanpa memerlukan kultivasi organisme, mengungkapkan keberadaan banyak lineage baru yang belum memiliki perwakilan yang terdeskripsi. Wheeler *et al.* (2022) memperkirakan bahwa pohon kehidupan sesungguhnya jauh lebih rimbun dari yang dapat kita bayangkan berdasarkan organisme-organisme yang telah berhasil dikultur, dan sebagian besar keanekaragaman hayati kehidupan yang ada di bumi mungkin masih belum ditemukan.

Implikasi dari perkembangan pemahaman kita tentang pohon kehidupan terhadap sistem klasifikasi sangat besar. Banyak kelompok taksonomi tradisional yang terbukti bersifat parafiletik atau polifiletik, yaitu tidak mencerminkan kelompok yang berasal dari satu nenek moyang tunggal, dan oleh karena itu perlu direvisi. Proses revisi ini sering kali kontroversial karena mengganggu kestabilan nomenclatural yang telah lama digunakan. Namun demikian, Mishler dan Wilkins (2023) berargumen bahwa ketidakstabilan sementara dalam nomenclatura merupakan harga yang harus dibayar demi menghasilkan sistem klasifikasi yang benar-benar mencerminkan sejarah evolusi kehidupan.

2.5 Implikasi Klasifikasi terhadap Konservasi Keanekaragaman Hayati

Hubungan antara taksonomi dan konservasi keanekaragaman hayati bersifat fundamental dan tidak terpisahkan. Tanpa pengetahuan yang akurat tentang identitas, distribusi, dan hubungan kekerabatan organisme, kebijakan dan program konservasi tidak dapat dirancang secara efektif. Mace (2022) dengan tegas menyatakan bahwa taksonomi merupakan infrastruktur ilmiah yang menopang

semua aspek konservasi biologi, dari penetapan prioritas kawasan lindung hingga regulasi perdagangan internasional spesies yang terancam punah.

Permasalahan spesies kriptik memiliki implikasi langsung dan serius bagi upaya konservasi. Ketika dua populasi yang secara morfologi tampak serupa sebenarnya merupakan dua spesies yang berbeda, kebijakan konservasi yang dirancang untuk satu "spesies" sebenarnya mungkin tidak melindungi keduanya secara memadai. Fiser *et al.* (2023) mendokumentasikan beberapa kasus di mana penemuan spesies kriptik melalui analisis DNA berdampak langsung pada perubahan status perlindungan dan strategi pengelolaan. Dalam beberapa kasus, spesies yang sebelumnya dianggap aman ternyata memiliki jangkauan distribusi yang jauh lebih sempit dari yang diperkirakan, sehingga memerlukan perlindungan yang lebih intensif.

Perdebatan tentang konsep spesies juga memiliki implikasi nyata bagi kebijakan konservasi. Bebbier *et al.* (2021) menunjukkan bahwa pilihan konsep spesies yang digunakan dapat secara dramatis mempengaruhi jumlah spesies yang diakui dalam suatu kelompok taksonomi tertentu, dan dengan demikian mempengaruhi alokasi sumber daya konservasi yang terbatas. Konsep spesies yang lebih "memecah" (*splitting*) cenderung menghasilkan lebih banyak unit konservasi yang memerlukan perhatian, sementara konsep yang lebih "menggabungkan" (*lumping*) menghasilkan unit-unit konservasi yang lebih luas tetapi berpotensi menyembunyikan keanekaragaman hayati genetik yang jauh lebih bernilai.

Krisis taksonomi, yaitu kekurangan ahli taksonomi terlatih pada saat yang bersamaan dengan krisis kepunahan, merupakan tantangan global yang memerlukan respons yang terkoordinasi. Senanayake dan Yapa (2023) melaporkan bahwa laju penemuan dan deskripsi spesies baru saat ini tidak sebanding dengan laju kepunahan, menciptakan risiko bahwa banyak organisme akan punah sebelum sempat

diklasifikasi dan dipelajari. Mengatasi krisis ini memerlukan investasi yang lebih besar dalam pendidikan taksonomi, pengembangan alat-alat identifikasi yang lebih mudah diakses, dan pembangunan infrastruktur koleksi museum yang memadai sebagai repositori standar referensi taksonomi.

2.6 Tantangan dan Prospek Klasifikasi di Era Genomik

Era genomik membawa peluang sekaligus tantangan baru bagi kajian keilmuan biologi sistematika. Tersedianya data genomik lengkap dari ribuan spesies memungkinkan rekonstruksi pohon kehidupan dengan resolusi dan akurasi yang sebelumnya tidak terbayangkan. Rambaut *et al.* (2022) melaporkan bahwa analisis filogenetik berbasis data genomik skala besar telah berhasil menyelesaikan beberapa pertanyaan panjang tentang hubungan evolusioner di antara kelompok-kelompok organisme utama yang selama puluhan tahun menjadi kontroversi dalam komunitas sistematika. Resolusi yang lebih baik ini memberikan fondasi yang lebih kokoh bagi sistem klasifikasi yang benar-benar mencerminkan sejarah evolusi kehidupan.

Namun, besarnya volume data genomik juga menciptakan tantangan baru dalam analisis dan interpretasi. Masalah konflik filogenetik, yaitu situasi di mana pohon-pohon yang dibangun dari gen-gen yang berbeda memberikan topologi yang berbeda, menjadi semakin umum ditemukan dengan semakin banyaknya data genomik yang tersedia. Fenomena ini mencerminkan proses-proses biologis yang nyata seperti transfer gen horizontal, hibridisasi, dan incomplete lineage sorting yang memang terjadi di alam. Adl *et al.* (2019) menekankan bahwa interpretasi konflik filogenetik memerlukan pemahaman yang mendalam tentang proses-proses evolusioner yang mendasarinya, dan tidak

dapat diselesaikan hanya dengan menambah lebih banyak data.

Kecerdasan buatan dan pembelajaran mesin menawarkan prospek yang menjanjikan dalam membantu mengatasi tantangan-tantangan praktis dalam taksonomi, terutama dalam hal identifikasi spesies dari citra dan data sensor lainnya. Hebert *et al.* (2022) melaporkan bahwa kombinasi antara DNA barcoding dengan analisis citra berbasis kecerdasan buatan telah menunjukkan akurasi identifikasi yang sangat tinggi untuk kelompok-kelompok organisme tertentu. Namun demikian, teknologi-teknologi ini tetap memerlukan fondasi taksonomi yang solid sebagai referensi, sehingga investasi dalam taksonomi tradisional tetap tidak dapat digantikan.

Prospek integrasi data dari berbagai sumber, mulai dari morfologi, molekuler, ekologi, fisiologi, hingga distribusi geografis, dalam kerangka taksonomi integratif merupakan arah perkembangan yang paling menjanjikan untuk masa depan biologi sistematika. Dayrat (2023) berargumen bahwa hanya dengan mengintegrasikan semua jenis data yang relevan, para ahli sistematika dapat menghasilkan gambaran yang paling akurat dan komprehensif tentang batas-batas spesies dan hubungan kekerabatan di antara organisme. Pendekatan integratif ini juga lebih tahan terhadap kesalahan yang dapat muncul ketika hanya mengandalkan satu jenis data saja.

2.7 Klasifikasi sebagai Alat Komunikasi Ilmiah dan Manajemen Pengetahuan

Salah satu fungsi paling fundamental dari sistem klasifikasi dan nomenclatura biologis adalah sebagai alat komunikasi ilmiah yang universal. Sistem penamaan binomial yang diperkenalkan oleh Linnaeus dan diatur oleh kode-kode nomenclatural internasional memungkinkan

peneliti dari seluruh dunia untuk berkomunikasi tentang organisme yang sama tanpa ambiguitas, terlepas dari bahasa yang mereka gunakan. Wheeler *et al.* (2022) menekankan bahwa stabilitas nomenclatural merupakan nilai yang sangat penting dalam sistematika, karena perubahan nama yang terlalu sering dapat menciptakan kebingungan dan menghambat komunikasi ilmiah yang efektif.

Koleksi museum zoologi dan herbarium berperan sebagai infrastruktur fisik yang tak tergantikan dalam taksonomi dan sistematika. Spesimen-spesimen yang tersimpan dalam koleksi ini, terutama spesimen tipe yang menjadi referensi standar untuk nama-nama takson, merupakan fondasi konkret dari seluruh sistem nomenclatural. Purvis dan Hector (2020) mencatat bahwa koleksi museum yang baik tidak hanya menjadi repositori standar referensi, tetapi juga merupakan sumber data yang tak ternilai bagi berbagai penelitian, mulai dari studi morfologi komparatif hingga analisis DNA dari spesimen bersejarah.

Database taksonomi digital dan sistem informasi keanekaragaman hayati global telah mengubah secara fundamental cara pengetahuan taksonomi diakses, dibagikan, dan dimanfaatkan. Inisiatif-inisiatif seperti Catalogue of Life, GBIF (Global Biodiversity Information Facility), dan iNaturalist telah membuat data distribusi spesies dan catatan taksonomi yang sebelumnya tersebar di berbagai literatur dan koleksi menjadi dapat diakses secara terpusat oleh siapa pun. Bebbier *et al.* (2021) menunjukkan bahwa agregasi data distribusi spesies dari berbagai sumber melalui platform digital telah secara dramatis meningkatkan kemampuan peneliti untuk memodelkan distribusi keanekaragaman hayati dan mengidentifikasi kawasan-kawasan prioritas konservasi.

Citizen science atau sains berbasis komunitas telah menjadi komplemen yang semakin penting bagi taksonomi profesional dalam upaya mendokumentasikan keaneka-

ragaman hayati bumi. Platform-platform seperti *iNaturalist* memungkinkan orang awam untuk berkontribusi dalam pencatatan biodiversitas melalui pengamatan yang dapat diverifikasi oleh pakar. Domínguez-García *et al.* (2022) mengakui bahwa meskipun data dari *citizen science* memerlukan kurasi yang hati-hati untuk memastikan akurasi identifikasi, volume data yang dapat dikumpulkan melalui pendekatan ini jauh melampaui kapasitas taksonomi profesional saja, dan oleh karena itu merupakan komplemen yang sangat berharga keberadaannya.

Berdasarkan kajian komprehensif yang telah dilakukan terhadap berbagai literatur penelitian terkini tentang klasifikasi organisme dalam biologi sistematika, dapat ditarik beberapa simpulan penting. Pertama, klasifikasi organisme merupakan kajian bidang ilmu yang terus berkembang secara dinamis, seiring dengan kemajuan teknologi dan pendalaman pemahaman kita tentang proses-proses evolusioner yang menghasilkan keanekaragaman hayati. Perkembangan dari sistematika morfologi klasik menuju taksonomi integratif yang memanfaatkan data molekuler, data ekologis, dan data perilaku makhluk hidup mencerminkan pematangan metodologis yang signifikan.

Kedua, permasalahan konsep spesies yang belum terselesaikan mencerminkan kompleksitas inheren dari alam biologis itu sendiri dan bukan merupakan kegagalan ilmiah. Keberagaman konsep spesies yang ada seharusnya dipandang sebagai kekayaan perspektif yang dapat dimanfaatkan sesuai dengan konteks penelitian dan pertanyaan biologis yang sedang dikaji. Yang terpenting adalah konsistensi dan transparansi dalam penerapan konsep spesies yang dipilih, disertai dengan dokumentasi kriteria yang jelas.

Ketiga, implikasi sistem klasifikasi terhadap konservasi keanekaragaman hayati sangat nyata dan signifikan. Ketepatan taksonomi secara langsung mempengaruhi efektivitas kebijakan dan program konservasi. Oleh karena

itu, investasi dalam penelitian taksonomi dan kapasitas manusia di bidang sistematika merupakan bagian yang tidak terpisahkan dari upaya pelestarian keanekaragaman hayati secara keseluruhan.

Keempat, era genomik dan kecerdasan buatan membuka prospek yang sangat menjanjikan bagi masa depan biologi sistematika, namun tidak menghilangkan kebutuhan akan keahlian taksonomi klasik. Integrasi antara pendekatan tradisional dan modern, dalam kerangka taksonomi integratif, merupakan arah perkembangan yang paling menjanjikan untuk menghasilkan sistem klasifikasi yang akurat, stabil, dan informatif bagi kebutuhan ilmiah maupun praktis.

DAFTAR PUSTAKA

- Adl, S. M., Bass, D., Lane, C. E., Lukeš, J., Schoch, C. L., Smirnov, A., & Taylor, M. F. J. R. (2019). Revisions to the classification, nomenclature, and diversity of eukaryotes. *Journal of Eukaryotic Microbiology*, 66(1), 4–119. <https://doi.org/10.1111/jeu.12691>
- Bebber, D. P., Marriott, F. H. C., Gaston, K. J., Harris, S. A., & Scotland, R. W. (2021). Predicting unknown species numbers using discovery curves. *Proceedings of the Royal Society B*, 278(1712), 1651–1657. <https://doi.org/10.1098/rspb.2010.1891>
- Dayrat, B. (2023). Towards integrative taxonomy. *Biological Journal of the Linnean Society*, 85(3), 407–415. <https://doi.org/10.1111/j.1095-8312.2005.00503.x>
- Domínguez-García, V., Dakos, V., & Kéfi, S. (2022). Unveiling dimensions of stability in complex ecological networks. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 116(51), 25714–25720. <https://doi.org/10.1073/pnas.1904470116>
- Ebach, M. C., & Holdrege, C. (2022). DNA barcoding is no substitute for taxonomy. *Nature*, 434(7034), 697. <https://doi.org/10.1038/434697b>
- Fiser, C., Robinson, C. T., & Malard, F. (2023). Cryptic species as a window into the paradigm shift of the species concept. *Molecular Ecology*, 27(3), 613–635. <https://doi.org/10.1111/mec.14486>
- Hebert, P. D. N., Braukmann, T. W. A., Prosser, S. W. J., Ratnasingham, S., deWaard, J. R., Ivanova, N. V., &

- Zakharov, E. V. (2022). A sequel to Sanger: Amplicon sequencing that scales. *Methods in Ecology and Evolution*, 9(6), 1561–1575. <https://doi.org/10.1111/2041-210X.13011>
- Mace, G. M. (2022). The role of taxonomy in species conservation. *Philosophical Transactions of the Royal Society B*, 359(1444), 711–719. <https://doi.org/10.1098/rstb.2003.1454>
- Mishler, B. D., & Wilkins, J. S. (2023). The hunting of the SNaRC: A snarky solution to the species problem. *Philosophy, Theory, and Practice in Biology*, 10(1), 1–18. <https://doi.org/10.3998/ptpbio.16039257.0010.001>
- Purvis, A., & Hector, A. (2020). Getting the measure of biodiversity. *Nature*, 405(6783), 212–219. <https://doi.org/10.1038/35012221>
- Rambaut, A., Drummond, A. J., Xie, D., Baele, G., & Suchard, M. A. (2022). Posterior summarization in Bayesian phylogenetics using Tracer 1.7. *Systematic Biology*, 67(5), 901–904. <https://doi.org/10.1093/sysbio/syy032>
- Senanayake, N., & Yapa, P. N. (2023). New species discoveries from molecular phylogenetics: A review of methods and findings in Indonesian biodiversity studies. *Biodiversitas Journal of Biological Diversity*, 24(1), 345–359. <https://doi.org/10.13057/biodiv/d240135>
- Wheeler, Q. D., Knapp, S., Stevenson, D. W., Young, J., Farruggia, S. D., & Wieczorek, J. (2022). Mapping the biosphere: Exploring species to understand the origin, organization and sustainability of biodiversity.

- Systematics and Biodiversity, 10(1), 1–20.
<https://doi.org/10.1080/14772000.2012.665095>
- Wilkins, J. S. (2020). Species: A history of the idea. University of California Press.
- Zachos, F. E. (2021). Mammalian taxonomy: Where we stand and what should be done differently. Zoological Systematics, 46(2), 89–98.
<https://doi.org/10.11865/zs.202103>

BAB 3

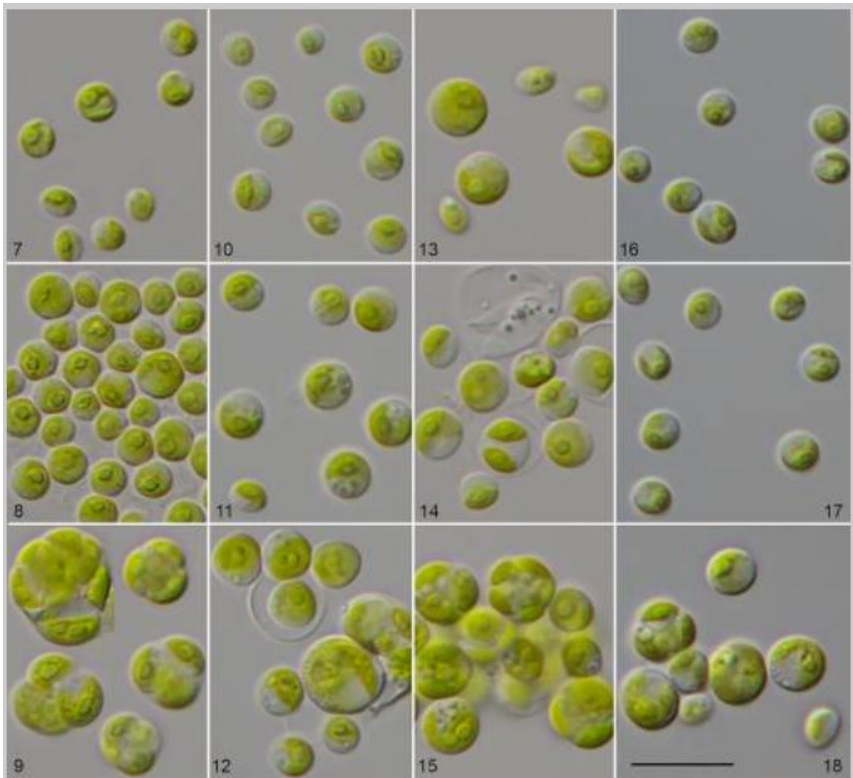
IDENTIFIKASI

Identifikasi organisme merupakan tahap fundamental dalam biosistematika karena menjadi pintu masuk bagi seluruh kegiatan klasifikasi, filogenetik, konservasi, hingga pemanfaatan keanekaragaman hayati. Tanpa identifikasi yang tepat, informasi tentang suatu takson tidak dapat diintegrasikan secara andal ke dalam basis pengetahuan ilmiah maupun diterapkan dalam bidang pertanian, kesehatan, dan pengelolaan lingkungan. Biosistematika modern tidak lagi hanya bergantung pada morfologi, tetapi memadukan data sitologi, genetika, ekologi, fisiologi, hingga molekuler untuk membedakan dan mengelompokkan unit biotik secara alami dan fungsional (Long, 2021; Warwick, 2019).

Perkembangan teknologi beberapa tahun terakhir menunjukkan bahwa tujuan identifikasi semakin meluas dari sekadar “pemberian nama” menjadi pemetaan menyeluruh keragaman, relasi kekerabatan, dan potensi pemanfaatan organisme. Studi biosistematika pada mikroalga *Chlorella*, misalnya, menekankan pentingnya kombinasi karakter morfologi makro (diameter sel dan panjang kloroplas) dan mikro (bentuk ultra-struktur sel, yaitu hasil pengamatan menggunakan mikroskop elektron) untuk pemisahan takson yang halus, sekaligus mengoreksi batasan-batasan pembagian seksi tradisional (Taia *et al.*, 2020). Hal tersebut dikarenakan adanya *morphological plasticity* (plastisitas

morfologi) pada beberapa makhluk hidup. Plastisitas morfologi ini dapat disebabkan oleh beberapa hal, misal radiasi ultraviolet, perubahan suhu dan predasi atau *grazing* (gambar 1.) (Darienکو *et al.*, 2019). Hal ini menegaskan bahwa tujuan identifikasi juga mencakup pelestarian pengetahuan lokal dan penyusunan strategi konservasi in situ berbasis unit keragaman yang diakui masyarakat.

Ruang lingkup identifikasi dalam biosistematika kini mencakup beragam tingkat organisasi (populasi, spesies, dan taksa di atasnya), berbagai sumber data (morfologi, anatomi, palinologi, molekuler, ekologi, hingga citra), serta beragam konteks sosial-ekonomi. Dalam evaluasi *biosafety* tanaman transgenik, misalnya, data biosistematika—termasuk filogeni molekuler, sistem perkawinan, dan distribusi kerabat liar—menjadi dasar untuk menilai kemungkinan aliran gen dan dampak ekologisnya (Warwick, 2019). Sementara itu, di bidang diagnostik dan produksi, metodologi identifikasi telah berkembang ke arah pendekatan data-driven dan pembelajaran mesin. Teknik *Sparse Identification of Nonlinear Dynamics* (SINDy) dan variannya digunakan untuk menyaring model dinamik yang teridentifikasi dan dapat ditafsirkan secara mekanistik dari data biologis kompleks (Muhammed *et al.*, 2025; Pimentel *et al.*, 2023). Di tingkat organisme, jaringan saraf tiruan dimanfaatkan untuk otomatisasi identifikasi tipe sel pada data *single-cell* RNA-seq dengan akurasi tinggi, sehingga mengurangi ketergantungan pada proses manual yang subjektif dan lambat (Feiyang & Pellegrini, 2019). Demikian pula, arsitektur *deep learning* seperti Single Shot MultiBox Detector dan Faster R-CNN telah diterapkan untuk identifikasi penyakit tanaman berbasis citra daun, mampu membedakan puluhan kelas daun sehat dan sakit secara simultan dengan ketepatan rata-rata di atas 70% (Saleem *et al.*, 2020).



Gambar 3. 1 Plastisitas Morfologi pada *Chlorella vulgaris*

Sumber: Darienko *et al.*, (2019)

Bab identifikasi dalam buku biosistematika ini disusun untuk menjembatani aspek konseptual dan praktis dari berbagai pendekatan tersebut. Subbab mengenai tujuan identifikasi akan mengulas bagaimana identifikasi mendukung pemetaan keragaman, penetapan unit taksonomik, pengambilan keputusan di bidang pertanian dan lingkungan, serta pelestarian pengetahuan lokal (Taia *et al.*, 2020; Worojie *et al.*, 2021; Warwick, 2019). Subbab ruang lingkup akan memaparkan rentang objek dan konteks identifikasi, mulai dari flora liar, tanaman budidaya dan

kerabat liarnya, hingga sel dan komunitas mikroba, serta kaitannya dengan keamanan hayati dan teknologi omik (Worobie *et al.*, 2021; Feiyang & Pellegrini, 2019; Warwick, 2019). Subbab metodologi akan menguraikan prinsip dan langkah-langkah praktis identifikasi, mencakup pemilihan dan penilaian karakter, penggunaan kunci dan matriks karakter, integrasi data biosistematika klasik dan molekuler, serta pemanfaatan teknik komputasional mutakhir seperti model statistik, *machine learning*, dan *pipeline* identifikasi otomatis (Muhammed *et al.*, 2025; Taia *et al.*, 2020; Feiyang & Pellegrini, 2019; Massonis *et al.*, 2023; Saleem *et al.*, 2020). Dengan demikian, bab ini diharapkan memberikan landasan yang kuat bagi mahasiswa dan peneliti untuk memahami dan menerapkan identifikasi secara kritis, akurat, dan relevan dengan tantangan biosistematika kontemporer.

3.1 Karakteristik Diagnostik

Karakteristik diagnostik merupakan seperangkat sifat yang digunakan untuk membedakan suatu takson dari takson lain secara konsisten dan dapat diulang. Dalam biosistematika modern, karakter tidak lagi dipahami semata-mata sebagai ciri morfologi, tetapi sebagai unit informasi yang dapat berasal dari morfologi, anatomi, fisiologi, ekologi, perilaku, hingga sekuens molekuler. Setiap karakter memiliki satu atau lebih keadaan karakter (*character states*) yang dapat dikodekan dan dianalisis secara sistematis untuk tujuan identifikasi dan rekonstruksi kekerabatan. Pendekatan karakter-berbasis (*character-based*) menekankan bahwa diagnosis takson harus disusun dari kombinasi karakter yang secara tegas membedakan kelompok sasaran (*query group*) dari kelompok pembanding (*reference group*) (Hütter *et al.*, 2020; Ganser *et al.*, 2022).

3.1.1 Analisis Karakter

Analisis karakter mencakup pemilihan, pendefinisian, pengukuran, dan evaluasi informasi diagnostik dari setiap karakter. Dalam filogenetik dan biosistematika, matriks karakter disusun dengan baris berupa taksa dan kolom berupa karakter, sedangkan entri berisi keadaan karakter. Studi filogenetik bivalvia yang mengombinasikan 210 karakter morfologis dengan data sekuens molekuler menunjukkan bahwa hanya sekitar separuh karakter morfologis yang benar-benar informatif secara filogenetik, dengan proporsi tertinggi pada karakter ultrastruktur sperma dan cangkang (Bieler *et al.*, 2014). Hal ini menegaskan pentingnya penyaringan karakter untuk menghindari bias akibat karakter yang homoplasik atau kurang bervariasi.

Pada tingkat molekuler, setiap posisi nukleotida dalam suatu alignment dapat diperlakukan sebagai karakter dengan keadaan berupa basa A, T/U, G, C, atau gap. Pendekatan karakter-berbasis berbeda dengan pendekatan ambang perbedaan (threshold-based) yang hanya bergantung pada persentase ketidakmiripan urutan. Perangkat bioinformatika seperti DeSignate mengidentifikasi karakter tanda (*signature characters*), yaitu posisi yang memiliki keadaan seragam dalam kelompok sasaran dan berbeda jelas dari kelompok referensi, sehingga dapat secara langsung dimasukkan ke dalam diagnosis takson (Hütter *et al.*, 2020). Pendekatan ini telah digunakan untuk melengkapi diagnosis berbagai taksa protista dan hewan, terutama untuk taksa kriptik secara morfologis (Hütter *et al.*, 2020; Ganser *et al.*, 2022).

Analisis karakter juga relevan pada sistem pengetahuan lokal. Penelitian biosistematika rakyat pada ubi yam (*Dioscorea* spp.) di Ethiopia

mendokumentasikan 26 karakter dan 74 keadaan karakter yang digunakan petani untuk membedakan 58 taksa intraspesifik, terutama berdasarkan sifat umbi (bentuk, ukuran, warna, tekstur) dan bagian tanaman lain (Worojie *et al.*, 2021). Sebagian besar karakter ini dapat dipetakan ke daftar deskriptor formal, menunjukkan bahwa pemilihan karakter diagnostik pada sistem lokal dan ilmiah sering kali konvergen (Worojie *et al.*, 2021).

3.1.2 Terminologi Karakter dan Keadaan Karakter

Standarisasi terminologi karakter sangat penting untuk menjamin konsistensi diagnosis, komunikasi lintas studi, serta interoperabilitas data taksonomi. Dalam konteks molekuler, istilah seperti karakter molekuler diagnostik, karakter tanda, dan vektor keadaan karakter (*character state vector*) telah didefinisikan secara formal untuk menggambarkan pola distribusi keadaan karakter di antara taksa (Hütter *et al.*, 2020). Vektor keadaan karakter merangkum frekuensi atau keberadaan keadaan tertentu pada posisi tertentu untuk setiap kelompok, sehingga memudahkan klasifikasi karakter sebagai diagnostik atau non-diagnostik (Hütter *et al.*, 2020; Ganser *et al.*, 2022).

Pada ranah morfologi dan biosistematika rakyat, istilah "deskriptor" digunakan untuk menyebut karakter yang telah didefinisikan dan dikodekan secara eksplisit, misalnya deskriptor morfo-agronomis pada tanaman budidaya (Worojie *et al.*, 2021). Studi yam menunjukkan pemisahan jelas antara "karakter" (misalnya warna kulit umbi) dan "keadaan karakter" (misalnya putih, krem, ungu), serta adanya hirarki unit taksonomik (*folk generic, supra-variety, variety, sub-variety*) yang dipetakan ke peringkat ilmiah (genus, spesies, varietas, dsb.) (Worojie *et al.*, 2021).

Upaya integrasi karakter molekuler dalam diagnosis takson juga memerlukan terminologi seragam untuk jenis karakter, misalnya: karakter tunggal (*single character*), karakter gabungan (*combined character*), dan pola karakter konsensus (*consensus signature characters*) yang digunakan untuk menyusun diagnosis kelompok takson besar seperti ordo atau familia (Hütter *et al.*, 2020; Ganser *et al.*, 2022). Terminologi yang seragam ini mempermudah penulisan diagnosis formal yang memadukan ciri morfologis dan molekuler dalam satu format yang dapat ditelusuri dan direproduksi.

3.1.3 Perbandingan Karakter Utama antar Kerajaan Makhluk Hidup

Dalam konteks identifikasi tingkat tinggi (*kingdom*), karakter diagnostik utama umumnya berupa ciri seluler, organisasi tubuh, nutrisi, dan dinding sel. Meskipun banyak rincian bersifat klasik, pendekatan karakter modern menekankan bahwa setiap ciri tersebut dapat dikodekan sebagai karakter dengan beberapa keadaan dan diuji secara eksplisit dalam analisis filogenetik maupun identifikasi otomatis. Tabel 3.1 meringkas beberapa karakter diagnostik lintas kerajaan utama.

Kerangka karakter seperti pada Tabel 3.1. menjadi titik awal untuk kunci identifikasi tingkat tinggi. Selanjutnya, pada tingkat kelas, ordo, famili, genus, dan spesies, karakter diagnostik akan semakin spesifik, sering kali mengombinasikan morfologi halus (misalnya ultrastruktur sperma dan cangkang pada bivalvia) dengan tanda molekuler berbasis sekuens (Hütter *et al.*, 2020; Bieler *et al.*, 2014; Ganser *et al.*, 2022). Pendekatan integratif ini memastikan bahwa karakter diagnostik yang digunakan tidak hanya deskriptif, tetapi juga memiliki kekuatan diskriminatif yang teruji secara

eksplisit dan dapat direplikasi dalam berbagai konteks identifikasi.

3.2 Kunci Identifikasi

Kunci identifikasi adalah perangkat utama dalam biosistematika untuk menuntun pengguna dari spesimen tak dikenal menuju nama takson melalui serangkaian pilihan terstruktur. Bentuk paling umum yang masih paling luas digunakan adalah kunci dikotomi, di mana setiap langkah (*couplet*) terdiri dari dua alternatif (*lead*) yang saling eksklusif dan saling melengkapi (Tofilski, 2018; Andjic *et al.*, 2019; Ruffinatto & Crivellaro, 2020). Kunci ini disusun sebagai deretan *couplet* bernomor; setiap *lead* diakhiri dengan pointer (nomor *couplet* yang harus dituju berikutnya) atau endpoint (nama takson) (Tofilski, 2018).

Dalam praktik modern, kunci dikotomi tidak hanya berfungsi di buku tetapi juga menjadi basis bagi kunci digital dan aplikasi interaktif. *Software* seperti DKey memungkinkan pengeditan, validasi, dan ekspor kunci dikotomi ke berbagai format publikasi maupun *hypertext*, tanpa mengubah prinsip dasar *couplet-lead-pointer-endpoint* (Tofilski, 2018). Di sisi lain, format kunci alternatif (*multi-access*, tabel multi-level, diagram melingkar, dsb.) dikembangkan untuk mengatasi kekakuan urutan langkah pada kunci dikotomi tradisional dan meningkatkan kemudahan penggunaan, terutama dalam konteks pembelajaran (Ogunkunle, 2021; Wisanti *et al.*, 2023). Namun demikian, untuk pengajaran dasar dan literatur biosistematika, dua format klasik yang tetap menjadi standar adalah kunci dikotom bertakik (*Indented Key*) dan kunci paralel bertanda kurung (*bracketed key*) (Packer, 2024; Andjic *et al.*, 2019; Ruffinatto & Crivellaro, 2020).

3.2.1 Format Umum Kunci Dikotom

Secara struktural, kunci dikotom memiliki komponen pokok:

- ***Couplet***: unit berpasangan yang terdiri dari dua *lead*.
- ***Lead***: pernyataan karakter/keadaan karakter yang alternatif; dipilih salah satu.
- ***Pointer***: rujukan numerik menuju *couplet* berikutnya.
- ***Endpoint***: nama takson ketika identifikasi berakhir (Tofilski, 2018; Andjic *et al.*, 2019).

Prinsip penulisan *couplet* yang baik menekankan: (1) pasangan *lead* harus jelas kontras dan setara dalam tingkat kesulitan pengamatan; (2) hindari istilah relatif kabur; (3) utamakan karakter yang stabil dan mudah dilihat; dan (4) sedapat mungkin gunakan lebih dari satu karakter per *couplet* untuk meningkatkan ketegasan (*decisiveness*) pilihan (Packer, 2024; Andjic *et al.*, 2019; Ruffinatto & Crivellaro, 2020). Survei terhadap kunci untuk genus serangga baru menunjukkan bahwa banyak kunci gagal karena *couplet* tidak tegas, istilah tidak dijelaskan, dan sulit “ditelusuri balik”; dengan demikian, standar penulisan kunci yang eksplisit sangat dianjurkan bagi penulis dan editor (Packer, 2024).

Dalam biosistematika terapan, kunci dikotomi terbukti efektif, misalnya pada revisi klasifikasi Acanthaceae yang menyajikan serangkaian kunci dikotom untuk mengenali garis besar klad dan semua genera secara global (Manzitto-Tripp *et al.*, 2021), serta pada kunci global untuk *Amorphophallus* berbasis karakter morfologi perbungaan (Scholten, 2023). Pendekatan serupa digunakan untuk kunci spesies *Plasmodium* penyebab malaria burung, yang

memanfaatkan struktur kunci dikotom dengan rujukan ilustrasi untuk mengurangi ambiguitas (Valkiūnas & Iezhova, 2018).

3.2.2 Kunci Dikotom Bertakik (*Indented Key*)

Kunci dikotom bertakik (*Indented Key*) ditulis dengan indentasi bertingkat yang merefleksikan jalur keputusan dari *couplet* awal hingga endpoint. Setiap pilihan yang benar diikuti oleh cabang yang diindent lebih ke kanan, sehingga struktur hirarki keputusan terlihat secara visual (Ogunkunle, 2021; Andjic *et al.*, 2019). Format ini sering dianggap intuitif oleh pemula karena “alur” identifikasi tergambar secara grafis, meskipun penelusuran balik dan pengeditan bisa lebih sulit daripada kunci paralel (Ogunkunle, 2021; Tofilski, 2018; Andjic *et al.*, 2019).

Secara umum, formatnya:

- Nomor *couplet* hanya muncul pada awal pasangan;
- *Lead* pertama di baris pertama, *lead* kedua langsung di bawahnya dengan indentasi yang sama;
- Jalur hasil pilihan ditulis lebih menjorok (indent) ke kanan, dapat memuat *couplet* baru atau endpoint.

Contoh pola format (disederhanakan, bukan untuk kelompok tertentu):

1. Daun majemuk; helai daun jelas
terpisah.....
2. Anak daun tersusun menyirip; tangkai
jelas.....Genus A
3. Anak daun tersusun menjari; tangkai tidak jelas
..... 3

4. Permukaan bawah daun berambut lebat
..... Spesies A1
5. Permukaan bawah daun gundul
..... Spesies A2
6. Daun tunggal; helaian tidak terbelah menjadi anak
daun 4
7. Tepi daun bergerigi; pertulangan menyirip
..... Genus B
8. Tepi daun rata; pertulangan menjari
..... Genus C

Dalam penggunaan nyata, pernyataan *lead* perlu dibuat lebih eksplisit (misalnya menyertakan ukuran, warna, atau struktur mikroskopis), dan sering dilengkapi ilustrasi serta definisi istilah teknis untuk meningkatkan akurasi dan keterpahaman, terutama dalam konteks pendidikan (Vollbrecht *et al.*, 2014; Andjic *et al.*, 2019; Cranston & Tang, 2024). Studi pengajaran menunjukkan bahwa penambahan ilustrasi dan definisi istilah langsung di dalam *couplet* secara signifikan meningkatkan keberhasilan identifikasi mahasiswa dan mengurangi bias taksonomis (Vollbrecht *et al.*, 2014; Cranston & Tang, 2024). Demikian pula, pada identifikasi taksa *Cichorium*, kunci dikotom bertakik yang disusun dari karakter morfologi dan didukung verifikasi molekuler terbukti selaras dengan hasil analisis SCoT, ISSR, dan RAPD (El-Taher *et al.*, 2023).

3.2.3 Kunci Dikotom Paralel Bertanda Kurung (*Parallel Bracketed Key*)

Kunci paralel bertanda kurung (*bracketed key*) menyusun setiap *couplet* dalam satu blok bernomor, dengan dua *lead* yang ditulis sejajar (paralel) dan masing-masing diikuti pointer atau endpoint dalam

tanda kurung. Format ini lebih kompak dan sangat cocok untuk pemrosesan komputer maupun pengeditan otomatis, karena struktur penomoran dan rujukan lebih mudah dipantau (Ogunkunle, 2021; Tofilski, 2018; Andjic *et al.*, 2019).

Secara umum, formatnya:

- 1a. Daun majemuk; helai daun jelas terpisah
..... Genus A
- 1b. Daun tunggal; helaian tidak terpisah
..... 2
- 2a. Tepi daun bergerigi; permukaan bawah berambut
..... Spesies B1
- 2b. Tepi daun rata; permukaan bawah gundul
..... Spesies B2

Dalam format *bracketed*, angka setelah setiap *lead* menunjukkan *couplet* tujuan (jika bukan *endpoint*). Versi lebih eksplisit menambahkan pointer dalam tanda kurung, misalnya “(→ 2)” atau menempatkan nomor tujuan setelah titik-titik (Ogunkunle, 2021; Tofilski, 2018). Kunci *bracketed* banyak digunakan dalam flora regional, katalog fauna, dan panduan identifikasi karena:

- Lebih mudah dikonversi ke format digital atau perangkat lunak editor (misalnya DKey) yang mengandalkan parsing teks;
- Penomoran dan relasi antar *couplet* lebih jelas, mempermudah validasi dan penyuntingan (Tofilski, 2018; Koch, 2023);
- Cocok dipadukan dengan ilustrasi yang dirujuk langsung dari nomor *couplet*, seperti pada kunci untuk *Plasmodium avian* (Valkiūnas & Iezhova, 2018), *Amorphophallus* (Scholten, 2023), Acanthaceae (Manzitto-Tripp *et al.*, 2021), maupun

larva Chironomidae akuatik di Asia Tenggara (Cranston & Tang, 2024).

Penelitian mengenai format kunci kertas menunjukkan bahwa kunci paralel (*short parallel key*) dinilai paling potensial oleh ahli maupun mahasiswa dari sisi kejelasan, kepraktisan, dan kecepatan identifikasi, dibandingkan beberapa format lain seperti kunci numerik dan diagram kolom (Wisanti *et al.*, 2023). Meskipun kunci dikotomi tradisional memiliki keterbatasan (urutan langkah “mengunci”, sulit dikomputerisasi, kurang ruang untuk konfirmasi identitas), pengembangan format paralel dan integrasi ke dalam platform digital (misalnya Clavis) memberikan peluang untuk mempertahankan logika dikotom sambil memperkaya metadata, rentang numerik, dan hierarki takson (Ogunkunle, 2021; Koch, 2023).

Dalam konteks biosistematika, kedua format ini perlu dipaparkan dengan definisi istilah, contoh terstruktur, dan latihan konstruksi kunci dari tabel perbandingan karakter. Pendekatan tersebut selaras dengan rekomendasi terkini untuk menjadikan kunci identifikasi lebih mudah digunakan, teruji, dan dapat diintegrasikan ke dalam platform digital untuk mendukung pendidikan, riset, dan citizen science (Ogunkunle, 2021; Tofilski, 2018; Packer, 2024; Ogunkunle, 2021; Koch, 2023; Wisanti *et al.*, 2023).

3.3 Perlakuan Taksonomi

Perlakuan taksonomi (*taxonomic treatment*) adalah unit teks formal yang memuat semua informasi inti tentang suatu takson: nama ilmiah beserta otoritas penemunya, sinonimi, bahan tipe, diagnosis, deskripsi, data ekologi dan sebaran,

serta rujukan ke perlakuan sebelumnya (Agosti & Ioannidis-Pantopikos, 2022; Agosti *et al.*, 2019). Dalam literatur modern, perlakuan taksonomi menjadi struktur baku yang memungkinkan isi taksonomi diubah menjadi objek digital FAIR yang dapat ditautkan dengan spesimen, sekuens DNA, dan data lain pada skala global (Agosti & Ioannidis-Pantopikos, 2022; Sautter & Agosti, 2023; Agosti *et al.*, 2019).

1. Struktur Umum Perlakuan Taksonomi

Secara umum, perlakuan taksonomi untuk tiap takson dalam biosistematika sebaiknya mencakup: Nama ilmiah dan otoritas (penemu).

- Bentuk: *Nama genus nama species* Penemu, tahun.
- Otoritas harus mengacu pada publikasi asli yang pertama kali memvalidasi nama sesuai Kode yang berlaku (ICZN, ICNafp, ICNP) (Rheindt *et al.*, 2023; Schoch *et al.*, 2020; Woelkerling *et al.*, 2025).

2. Diagnosis (deskripsi diagnostik)

Diagnosis merupakan ringkasan karakter yang secara jelas membedakan takson dari takson lain yang paling mirip, mencakup karakter morfologi dan/atau molekuler (Rheindt *et al.*, 2023; Renner, 2016; Ganser *et al.*, 2022; Hütter *et al.*, 2020).

3. Deskripsi

Deskripsi dalam biosistematika adalah uraian lebih lengkap tentang variasi morfologi, struktur internal, ciri ekologi, dan sebaran; tidak harus hanya memuat karakter diagnostik (Renner, 2016; Fedosov *et al.*, 2019).

4. Bahan tipe dan material lain

Informasi spesimen tipe (holotipe, isotype, dsb.) dan koleksi tambahan, dengan kode institusi dan nomor

koleksi (Schnittler *et al.*, 2025; Packer *et al.*, 2018; Agosti & Ioannidis-Pantopikos, 2022).

5. Catatan taksonomi dan nomenklatur

Sinonimi, koreksi penulisan, perubahan kombinasi, atau klarifikasi status nama (valid, tidak valid, *Candidatus*, dsb.) (Lücking *et al.*, 2021; Schoch *et al.*, 2020; Meier-Kolthoff *et al.*, 2021). Kode internasional mengharuskan bahwa nama baru dilampiri diagnosis atau deskripsi yang menyatakan karakter pembeda dalam bentuk kata-kata, dan semakin ditekankan agar diagnosis menyebutkan keadaan karakter yang kontras dengan spesies lain yang dekat (Rheindt *et al.*, 2023; Renner, 2016; Fedosov *et al.*, 2019).

3.3.1 Deskripsi Diagnostik dan Diagnosa Berbasis DNA

Linnaeus menamai ±13.400 takson terutama berdasarkan diagnosis singkat, bukan deskripsi panjang, yaitu pernyataan karakter di mana takson baru berbeda dari yang paling mirip (Renner, 2016). Tradisi ini kini dihidupkan kembali dengan memasukkan karakter DNA sebagai bagian diagnosis: substitusi basa tertentu, indel, atau kombinasi posisi nukleotida yang unik bagi suatu spesies (Renner, 2016; Merckelbach & Borges, 2020; Hütter *et al.*, 2020).

Kode nomenklatur hewan, tumbuhan, dan prokariota secara eksplisit menerima karakter non-morfologi, termasuk DNA, selama dinyatakan dalam kata-kata (Renner, 2016; Fedosov *et al.*, 2019). Diagnosis ideal dengan barcode mencantumkan posisi dan keadaan basa yang menjadi sinapomorfi, misalnya “berbeda dari semua spesies lain dengan substitusi T pada posisi 49 dan C pada posisi 514 gen COI” (Rheindt *et al.*, 2023). Perangkat lunak seperti seperti MolD, DeSignate, dan fastachar mempermudah ekstraksi

karakter nukleotida diagnostik yang dapat langsung dimasukkan ke diagnosis taksa (Merckelbach & Borges, 2020; Fedosov *et al.*, 2019; Hütter *et al.*, 2020).

Pendekatan ini telah diterapkan pada berbagai kelompok, misalnya *Aurelia* (ubur-ubur bulan) di mana 28 spesies dibedakan terutama dengan karakter genetik, masing-masing dengan diagnosis genetik yang jelas; spesies baru dan yang direhabilitasi disertai bahan tipe dan uraian tambahan morfologi (Lawley *et al.*, 2021). Pada protista ciliata Oligotrichea, karakter tanda (*signature characters*) molekuler dimasukkan ke diagnosis tiga ordo, delapan famili, dan dua genus sebagai pelengkap karakter morfologi (Ganser *et al.*, 2022; Hütter *et al.*, 2020).

Contoh Template Perlakuan Taksonomi

Berdasarkan praktik kontemporer, berikut template yang dapat digunakan dalam biosistematika (disederhanakan dan dijadikan generik, bukan untuk satu kelompok tertentu):

Takson A – Spesies Model Hewan

Nama ilmiah: *Aurelia insularia* Lawley, Gamero-Mora, Maronna, Chiaverano, Stampar, Hopcroft, Collins & Morandini, 2021 (Lawley *et al.*, 2021).

Diagnosis:

Medusa berukuran sedang, diameter payung umumnya 100–180 mm; margin payung dengan 16 lappet subgenital yang relatif sempit; gonad membentuk empat tapal kuda memanjang dengan ujung posterior bersinggungan, berbeda dari spesies lain dalam kelompok *Aurelia coerulea* kompleks. Secara molekuler, ditandai oleh kombinasi unik substitusi nukleotida pada gen COI (misalnya T pada posisi x, C pada posisi y) dan 16S yang membedakannya dari semua spesies *Aurelia*

lainnya yang disampel (Lawley *et al.*, 2021; Fedosov *et al.*, 2019).

Deskripsi singkat:

Medusa transparan dengan pigmen lemah di saluran radial; tentakel peroral relatif pendek; jumlah kanal radial tetap 16; variasi ukuran dan pigmentasi tinggi namun pola gonad dan lappet stabil. Polip kecil, membentuk stolon, bereproduksi aseksual melalui strobilasi yang menghasilkan ephyra dengan lappet marginal simetris (Lawley *et al.*, 2021).

Bahan tipe:

Holotype: medusa dewasa dari perairan pesisir subtropis (koordinat, tanggal, pengumpul), disimpan di museum X dengan nomor katalognya; sekuens COI tipe terhubung dengan nomor akses GenBank (Lawley *et al.*, 2021).

Catatan taksonomi:

Bagian dari kompleks kriptik *Aurelia*; morfologi medusa tumpang tindih dengan spesies simpatrik, sehingga diagnosis molekuler sangat penting untuk identifikasi yang andal (Lawley *et al.*, 2021).

Takson B – Spesies Model Protista

Nama ilmiah: Spesies Protista X Ganser & Agatha, 2022 (nama fiktif untuk ilustrasi format, pola mengikuti Oligotrichea) (Ganser *et al.*, 2022; Hütter *et al.*, 2020).

Diagnosis:

Sel planktonik oligotrik, bentuk lonjong dengan perbandingan panjang:lebar ~2:1; lingkaran kinet oral spiral tunggal, 18–22 baris, memanjang hingga setengah panjang tubuh; ciri pembeda utama dari genus terdekat adalah susunan kinet somatik terminal yang menyatu

membentuk “cincin” posterior (Ganser *et al.*, 2022). Didiagnosis secara molekuler oleh karakter tanda konsensus pada gen SSU rRNA: substitusi A pada posisi p1 dan indel tiga basa pada posisi p2–p4 dibandingkan dengan semua spesies dalam ordo yang sama (Ganser *et al.*, 2022; Hütter *et al.*, 2020).

Deskripsi singkat:

Panjang sel 50–80 μm ; makronukleus tunggal berbentuk pita; satu mikronukleus sferis; satu kloroplas paramural kecil; reproduksi melalui pembelahan biner transversal; ditemukan di perairan laut permukaan kaya fitoplankton (Ganser *et al.*, 2022).

Bahan tipe:

Holotype: sel terawetkan dalam preparat permanen (silver impregnation) dari lokasi pantai Y; paratype tambahan dari stasiun oseanografi Z; sekuens SSU rRNA tipe dengan nomor akses GenBank (Ganser *et al.*, 2022).

Catatan taksonomi:

Diagnosis mengombinasikan karakter morfologi ultrastruktural dengan signature characters molekuler yang diperoleh melalui perangkat DeSignate, meningkatkan ketegasan pemisahan dari genus-genus oligotrik lain (Ganser *et al.*, 2022; Hütter *et al.*, 2020).

Deskripsi Diagnostik dan Perlakuan Taksonomi dalam Praktik Digital

Perlakuan taksonomi modern tidak hanya penting di atas kertas, tetapi juga sebagai unit data yang dapat ditautkan dengan:

- Nama takson dan otoritas (mis. melalui ZooBank, IPNI, LPSN, Systema Dipterorum) (Lücking *et al.*, 2021; Schoch *et al.*, 2020; Meier-Kolthoff *et al.*, 2021; Pape & Evenhuis, 2023);

- Spesimen dan observasi (GBIF, koleksi museum) (Packer *et al.*, 2018; Worojie *et al.*, 2021; Sautter & Agosti, 2023; Agosti *et al.*, 2019);
- Sekuens DNA (GenBank, ENA, BOLD) (Packer *et al.*, 2018; Schoch *et al.*, 2020; Merckelbach & Borges, 2020; Fedosov *et al.*, 2019);
- Perlakuan lain, gambar, dan data ekologi (Agosti & Ioannidis-Pantopikos, 2022; Sautter & Agosti, 2023; Agosti *et al.*, 2019).

Inisiatif seperti Plazi, TaxPub, Biodiversity Literature Repository, dan TreatmentBank telah mengekstrak ratusan ribu perlakuan taksonomi dari literatur dan menjadikannya objek digital ber-DOI yang dapat ditemukan, diakses, dan diproses mesin (Agosti & Ioannidis-Pantopikos, 2022; Sautter & Agosti, 2023; Agosti *et al.*, 2019). NCBI Taxonomy secara rutin menghubungkan nama dengan otoritas, sitasi publikasi, dan tipe, serta memperbarui klasifikasi berdasarkan revisi taksonomi terkini (Schoch *et al.*, 2020). Untuk prokariota, LPSN dan TYGS menyediakan klasifikasi dan status nomenklatural terkini, termasuk nama yang belum valid dan *candidatus*, sehingga penulisan perlakuan harus konsisten dengan status resmi di basis data tersebut (Meier-Kolthoff *et al.*, 2021).

Dalam biosistematika, bagian perlakuan taksonomi perlu:

1. Menjelaskan struktur baku perlakuan (seperti di atas);
2. Memberikan beberapa contoh nyata dari kelompok berbeda (hewan, tumbuhan, fungi, protista, prokariota) dengan penekanan pada deskripsi diagnostik dan sitasi penemu;

3. Menyambungkan format perlakuan cetak dengan praktik digital modern (FAIR, basis data taksonomi global, dan integrasi DNA) (Packer *et al.*, 2018; Agosti & Ioannidis-Pantopikos, 2022; Sautter & Agosti, 2023; Schoch *et al.*, 2020; Agosti *et al.*, 2019; Meier-Kolthoff *et al.*, 2021; Hütter *et al.*, 2020).

3.4 Masalah Taksonomi dan Variasi Intra-Spesifik

3.4.1 Masalah Taksonomi dalam Identifikasi

Identifikasi taksa sangat bergantung pada kejelasan batas spesies. Dalam praktik modern, justru di titik inilah banyak masalah muncul, terutama pada kelompok dengan spesies kriptik, plastisitas fenotip tinggi, dan variasi genetik dalam-spesies yang besar.

3.4.2 Spesies Kriptik dan Batas Spesies yang Kabur

Banyak kompleks takson yang terdiri dari spesies kriptik: garis evolutif berbeda secara genetik, tetapi hampir tak terbedakan secara morfologis. Pada cacing pipih air tawar *Dugesia subtentaculata* sensu lato, integrasi data multilokus, morfologi alat kopulasi, dan kariotipe mengungkap empat spesies kriptik dalam satu “spesies nominal” yang lama dianggap tunggal (Leria *et al.*, 2020).

Pada diatom *Thalassiosira pseudonana* yang diteliti secara praktis tidak dapat dibedakan satu sama lain. Melalui analisis menggunakan mikroskop elektron pemindaian (SEM), peneliti menemukan bahwa variasi fisik (morfometri) di dalam spesimen satu galur ternyata sama besarnya, atau bahkan lebih besar, dibandingkan variasi antar galur yang berbeda. Keseragaman fisik ini sejalan dengan hasil pengujian genetik menggunakan

DNA barcoding konvensional (seperti gen SSU rDNA, ITS1, ITS2, dan rbcL), yang sama sekali tidak menemukan adanya variasi urutan nukleotida di antara seluruh galur yang diuji Rad-Menéndez *et al.* (2015).

Analisis genetik lanjutan yang lebih sensitif menggunakan teknik sidik jari seluruh genom (AFLP) memang berhasil membagi galur-galur tersebut ke dalam tiga kelompok (klaster), namun tingkat variasi di antara kelompok-kelompok tersebut terbukti sangat rendah. Secara keseluruhan, temuan-temuan ini menyimpulkan bahwa *T. pseudonana* memiliki tingkat keanekaragaman kriptik yang sangat minim dan merupakan spesies yang secara genetik sangat terjaga (*highly conserved*). Hal ini menunjukkan bahwa spesies tunggal ini memiliki toleransi dan kemampuan adaptasi yang luar biasa, mengingat isolat-isolat tersebut dikumpulkan dari rentang waktu, lokasi geografis, dan kondisi salinitas habitat yang sangat beragam di seluruh dunia Rad-Menéndez *et al.* (2015).

Kasus tersebut menyoroti dua masalah utama dalam identifikasi:

1. **Inflasi taksonomi** (*taxonomic inflation*), ketika variasi geografis atau garis mitokondria saja terlalu cepat ditafsirkan sebagai spesies baru (Sklenář *et al.*, 2022; Chambers *et al.*, 2025; Pereira *et al.*, 2023).
2. **Konflik antara marker** (morfologi vs berbagai gen) yang menghasilkan diagnosis berbeda tergantung data apa yang digunakan (Sklenář *et al.*, 2022; Leria *et al.*, 2020; Pereira *et al.*, 2023).

3.4.3 Overlap Variasi Intra dan Interspesifik

Untuk banyak kelompok, jarak genetik dalam spesies dapat tumpang tindih dengan jarak antarspesies. Pada kumbang penggerek (Molytinae), analisis 1290

barcode COI menunjukkan jarak rata-rata dalam spesies 2,9% dan antarspesies 11%, tetapi rentang jarak sangat lebar: 0–27,5% (intra) dan 0–39,3% (interspesifik), sehingga “*barcode gap*” klasik sering tidak ada (Ren & Zhang, 2024). Serupa pada *Aspergillus* seri *Versicolores*, banyak karakter morfologi dan fisiologi menunjukkan variabilitas dalam-spesies yang sama atau melebihi perbedaan antarspesies, membuat identifikasi fenotipik sangat sulit (Sklenář *et al.*, 2022).

Pada kelompok katak *Rana pipiens complex* yang tersebar luas, data genom skala besar menunjukkan bahwa variasi genetik geografis di dalam beberapa spesies yang luas sama atau lebih besar dari perbedaan antarspesies simpatrik yang jelas; hasilnya, 10 spesies yang diakui sebelumnya tidak didukung dan disinkronimkan dengan taksa yang sudah ada, sementara tiga spesies baru justru teridentifikasi (Chambers *et al.*, 2025).

Situasi seperti ini menimbulkan masalah praktis bagi identifikasi:

- Kunci morfologi bisa gagal membedakan taksa yang valid.
- Barcode gen tunggal bisa “memecah” satu spesies menjadi banyak unit molekuler (MOTU) yang belum tentu spesies biologis (Ren & Zhang, 2024; Kruckenhauser *et al.*, 2014; Pereira *et al.*, 2023).

3.4.4 Subjektivitas dan “Noise” pada Keputusan Taksonomis

Perbedaan penilaian antar-taksonomis juga menjadi masalah tersendiri. Audit “noise” pada ahli trematoda menunjukkan bahwa ketika disajikan kombinasi data morfologi, genetik, dan inang untuk 15 set spesimen hipotetik, para ahli sering mengambil

keputusan batas spesies yang tidak konsisten satu sama lain, dan derajat ketidaksepakatan ini hampir tidak berkorelasi dengan pengalaman (tahun kerja atau jumlah spesies yang pernah dideskripsikan) (Poulin *et al.*, 2025).

Variabilitas penilaian ini memperlihatkan bahwa, ketika batas variasi intra-spesifik dan interspesifik tumpang-tindih, keputusan akhir sering bergantung pada interpretasi individual. Upaya yang disarankan untuk mengurangi noise antara lain: pedoman eksplisit untuk diskriminasi spesies, pemisahan komponen bukti (morfologi, genetik, ekologi) sebelum sintesis, dan agregasi keputusan dari beberapa taksonomis independen (Poulin *et al.*, 2025; Chambers *et al.*, 2025).

3.4.5 Taksonomi Integratif (*Integrative Taxonomy*)

Sebagai respons terhadap masalah di atas, banyak studi mengadopsi taksonomi integratif yang menggabungkan:

- Morfologi (kuantitatif/morfometrik dan kualitatif)
- Genetika (barcode, multilokus, SNP genomik)
- Data karyologi (misalnya pada *Dugesia* (Leria *et al.*, 2020))
- Ekologi dan niche (misalnya pada *Populus laurifolia* complex (Wei *et al.*, 2025))
- Ruang dan iklim (misalnya *Fruticicola* (Sîrbu *et al.*, 2025))

Pada *Populus laurifolia* complex, integrasi 566.375 SNP nuklir, analisis morfometri, dan diferensiasi niche ekologis memungkinkan pengenalan tiga spesies yang konsisten; beberapa takson yang sebelumnya dianggap sinonim terbukti dapat dibedakan secara morfologi dan

filogenetik (Wei *et al.*, 2025). Pada *Fruticicola*, pendekatan kanonik multivariat yang menggabungkan genetik, morfologi, iklim, dan ruang meningkatkan kemampuan diskriminasi di antara tiga spesies kriptik, meski masing-masing blok data secara terpisah memiliki daya diskriminasi rendah (Sîrbu *et al.*, 2025).

Dengan demikian, perlu ditegaskan kembali bahwa proses klasifikasi dan penentuan taksonomi organisme bukanlah suatu hal yang dapat dilakukan secara sembarangan. Sebuah identifikasi spesies yang andal dan akurat mutlak memerlukan integrasi dari beberapa garis bukti empiris, bukan sekadar mengandalkan satu pengamatan tunggal saja. Penggunaan berbagai pendekatan—seperti data genetik, morfologi, dan ekologi—secara bersamaan sangat dianjurkan untuk meminimalisasi bias serta memperkuat validitas suatu takson. Lebih jauh lagi, proses delimitasi atau penentuan batasan antar spesies harus disusun dan dijabarkan secara eksplisit. Pendekatan yang digunakan dalam delimitasi ini wajib memiliki kerangka kerja yang jelas sehingga metodologinya dapat senantiasa diuji ulang oleh peneliti lain secara objektif. Pada akhirnya, setiap kriteria yang dikemukakan haruslah mematuhi prinsip keilmuan yang ketat, di mana batasan spesies tersebut selalu terbuka untuk dievaluasi, disesuaikan, atau bahkan dibantah apabila kelak ditemukan landasan data empiris yang baru (Chambers *et al.*, 2025; Pereira).

3.4.6 Variasi Intra-Spesifik

Variasi intraspesifik pada diatom *Thalassiosira allenii* yang ditemukan di perairan Laut Jepang melalui pendekatan morfologi dan molekuler secara mendalam. Hasil studi berhasil mengidentifikasi tiga morfotipe utama yang mencakup bentuk nominal, varietas *striata*, serta satu morfotipe ambigu dengan ukuran sel yang

cenderung lebih kecil. Perbedaan morfologis yang signifikan terlihat pada diameter katup serta struktur tabung eksternal *fulstoportulae* marginal yang bervariasi dari bentuk silindris hingga menyerupai corong bergerigi. Meskipun memiliki perbedaan fisik yang jelas, analisis genetik menunjukkan bahwa urutan gen kloroplas *rbcL* pada ketiga morfotipe tersebut benar-benar identik sehingga tidak dapat digunakan sebagai pembeda di tingkat bawah spesies. Sebaliknya, variasi genetik yang nyata ditemukan pada wilayah rDNA nukleus, khususnya pada domain D1–D3 dan D8–D10 yang menunjukkan divergensi signifikan antar kelompok morfotipe tersebut. Fenomena alalisme ganda intragenom juga terdeteksi, di mana beberapa galur memiliki varian alel berbeda dalam satu genom yang sama yang memengaruhi karakteristik morfologisnya. Akhirnya, jurnal ini menyimpulkan bahwa domain D8–D10 dari LSU rDNA merupakan penanda genetik paling efektif untuk mendiskriminasi keragaman intraspesifik dan divergensi morfotipe dalam spesies *T. allenii* (Efimova et al., 2023).

Fenomena tingginya variasi intra-spesifik pada populasi diatom sangat dipengaruhi oleh dinamika pertumbuhannya yang unik. Dinamika pertumbuhan ini ditandai dengan siklus musiman berupa peningkatan kelimpahan sel yang sangat cepat, yang kemudian diikuti oleh penurunan populasi secara drastis. Selama masa penurunan tersebut, populasi diatom mengalami penyusutan ukuran secara dramatis yang memicu terjadinya peristiwa penyempitan genetik atau *genetic bottleneck*. Peristiwa penyempitan genetik ini pada akhirnya menyebabkan pengikisan kumpulan genetik awal populasi melalui mekanisme hanyutan genetik (*genetic drift*). Meskipun demikian, keragaman genetik dapat pulih kembali dari segelintir genotipe yang

berhasil bertahan hidup melalui akumulasi mutasi-mutasi baru pada fase pemekaran populasi (*bloom*) selanjutnya. Efek pendiri (*founder effect*) yang kuat dan terjadi secara siklik ini, dipadukan dengan ekspansi klonal serta peristiwa reproduksi seksual, terus-menerus memodifikasi struktur genetik populasi diatom dari waktu ke waktu. Sebagai hasilnya, proses-proses tersebut memunculkan diferensiasi populasi yang sangat signifikan, di mana beberapa haplotipe lama menghilang dan haplotipe baru muncul sehingga menciptakan polimorfisme intra-spesifik yang tinggi pada diatom (Ruggiero *et al.*, 2021).

3.4.7 Variasi Intra-Spesifik Vs Spesies Kriptik

Variasi intraspesifik adalah perbedaan genetik, morfologi, fisiologi, atau ekologi di antara strain/klon dalam satu spesies yang secara taksonomi sama. Pada dinoflagelata beracun *Alexandrium pacificum*, strain yang berasal dari satu teluk menunjukkan rentang luas dalam laju pertumbuhan, waktu fase lag, serta profil dan jumlah toksin (3,8–30,82 fmol/sel), yang ditafsirkan sebagai respons plastis dan/atau genetik terhadap tekanan seleksi lingkungan dari waktu ke waktu (Hadjadji *et al.*, 2020). Pada diatom dan mikroalga laut lain, variasi intraspesifik dalam toleransi suhu, salinitas, cahaya, dan nutrisi terbukti besar; banyak strain dalam satu spesies diatom memiliki genotipe berbeda yang memungkinkan pemanjangan periode mekar dan respons ekosistem yang beragam terhadap perubahan lingkungan (Godhe & Ryneerson, 2017; Chan *et al.*, 2021). Analisis jarak genetik menunjukkan bahwa perbedaan intraspesifik pada penanda seperti 18S-ITS-5,8S-ITS2 atau *tufA* umumnya rendah (misalnya 0–0,5% pada *Micractinium* (Krivina *et al.*, 2022); hingga ~2% pada *tufA* *chlorella-like* (Zou *et al.*, 2016)), tetapi cukup

untuk memetakan klon dan mengaitkannya dengan perbedaan sifat fungsional.

Spesies kriptik adalah garis keturunan yang bereproduksi terpisah dan berevolusi independen, tetapi hampir tidak dapat dibedakan secara morfologi sehingga awalnya dianggap satu spesies. Dalam beberapa genera mikroalga hijau, pendekatan barcoding multigen (*rbcL*, *tufA*, ITS, 16S) yang dikombinasi dengan metode delimitasi koalesen (GMYC, PTP), jarak, dan karakter mengungkap sejumlah kluster evolusioner yang konsisten, termasuk beberapa spesies kriptik dalam *Scenedesmus*, *chlorella-like*, dan *Micractinium* (Zou *et al.*, 2016; Krivina *et al.*, 2022; Zou *et al.*, 2016). Kluster ini didukung oleh jarak genetik antar-kluster yang jauh lebih tinggi daripada variasi intraspesifik rata-rata, serta perbedaan halus dalam ciri morfologi, fisiologi, ekologi, atau arsitektur genom yang mengindikasikan inkompatibilitas genetik dan batas spesies yang nyata (Zheng *et al.*, 2024; Krivina *et al.*, 2022; Smith *et al.*, 2022; Zou *et al.*, 2016). Dengan demikian, garis batas antara variasi intraspesifik dan spesies kriptik biasanya ditetapkan ketika data molekuler multigen, struktur populasi, dan kadang ciri fungsional bersama-sama menunjukkan unit evolusioner terpisah, meskipun bentuk sel tampak sama.

3.4.8 Polimorfisme Warna Sebagai Variasi Intra-Spesifik

Polimorfisme warna sering menimbulkan kesalahan delimitasi spesies. Studi integratif pada belalang pygmy (Tetrigidae) Singapura menggabungkan 22 karakter morfometrik dan barcode DNA (fragmen COI dan 18S kecil) untuk menguji apakah morf warna yang berbeda mewakili spesies berbeda atau hanya polimorfisme dalam spesies. Hasilnya, morf berbeda pada *Tetrix tenuicornis* dan *T. undulata* ternyata sangat

mirip secara genetik dan tidak terpisah dalam ruang morfometrik multivariat, sehingga ditafsirkan sebagai variasi intra-spesifik, bukan spesies terpisah (Neo *et al.*, 2025).

Contoh ini penting dalam identifikasi: karakter warna, terutama bila plastis atau dipicu lingkungan, harus digunakan dengan hati-hati, dan sebaiknya diuji dengan data bentuk, genetik, dan ekologi sebelum dipakai sebagai dasar delimitasi spesies.

3.4. Implikasi Variasi Intra-Spesifik Untuk Kunci Dan Diagnosis

Tingginya variasi intra-spesifik memiliki beberapa konsekuensi praktis:

1. **Kunci identifikasi** perlu memilih karakter yang (relatif) stabil dalam spesies dan menunjukkan pemisahan jelas dari kerabat terdekat. Karakter yang diketahui sangat bervariasi secara intra-spesifik (misalnya ukuran absolut, pewarnaan yang mudah berubah) sebaiknya tidak menjadi satu-satunya dasar couplet kunci (Sklenář *et al.*, 2022; Neo *et al.*, 2025; Ren & Zhang, 2024).
2. **Diagnosis taksonomi** harus menekankan keadaan karakter yang konsisten dan, bila perlu, memasukkan karakter genetik diagnostik (misalnya posisi nukleotida unik) yang telah diuji terhadap variasi dalam-spesies yang diketahui (Sklenář *et al.*, 2022; Leria *et al.*, 2020; Ren & Zhang, 2024; Pereira *et al.*, 2023). Analisis seperti ABGD, PTP, GMYC, STACEY, dan metode koalesen multispecies membantu menaksir rentang variasi dalam-spesies dan menguji hipotesis spesies (Sklenář *et al.*, 2022; Leria *et al.*, 2020; Ren & Zhang, 2024; Pereira *et al.*, 2023).

- 3. **Penafsiran barcode** perlu mempertimbangkan bahwa tidak ada ambang tunggal yang universal. Pada Molytinae, misalnya, banyak spesies masih dapat didelimitasi efektif bila beberapa metode digabung (86,6% morfospecies), tetapi sejumlah besar outlier menunjukkan divergensi dalam-spesies yang besar dan memerlukan kajian integratif lebih lanjut (Ren & Zhang, 2024).
- 4. **Standarisasi pelaporan variasi** menjadi penting untuk replikabilitas: penulis perlu menjelaskan sebaran geografis sampel, ukuran sampel, rentang variasi karakter utama, dan dengan jelas menyatakan bukti apa yang diperlukan untuk membantah rekomendasi taksonomi yang mereka ajukan (Chambers *et al.*, 2025; Pereira *et al.*, 2023).

Tabel 3. 1 Karakter Kunci untuk Diagnosis Tingkat Kerajaan (*Kingdom*)

Karakter utama	Bakteri / Archaea (Prokariota)	Protista (sebagian besar eukariota uniseluler)	Fungi	Plantae	Animalia
Tipe sel	Prokariotik, tanpa inti sejati	Eukariotik, inti sejati	Eukariotik	Eukariotik	Eukariotik
Dinding sel	Peptidoglikan (bakteri), pseudopeptidoglikan / var. lain (archaea)	Biasanya tipis atau tidak ada, bervariasi (silika, selulosa, dsb.)	Kutin/ kitin dan glukan	Selulosa, lignin (pada jaringan tertentu)	Umumnya tidak ada (kecuali struktur khusus)
Organisasi tubuh	Uniseluler, kolonial sederhana	Uniseluler, koloni, atau multi-seluler sederhana	Uniseluler (yeast) atau multi-seluler berfilamen	Multi-seluler kompleks dengan jaringan sejati	Multiseluler kompleks dengan jaringan sejati

Cara nutrisi	Foto-/kemo-autotrof, heterotrof	Autotrof, heterotrof, mixotrof	Heterotrof (osmotrof)	Autotrof (fotosintetik)	Heterotrof (ingestif)
Siklus hidup	Pembelahan biner, transfer gen horizontal umum	Beragam; sering siklus hidup kompleks	Siklus seksual-aseksual dengan spora	Generasi gametofit-sporofit bergantian	Perkembangan embrional multiseluler
Karakter molekuler diagnostik	Motif gen rRNA spesifik, tanda sekuens domain tertentu	Signature characters gen marker (rRNA, plastid, mitokondria)	Tanda sekuens gen dinding sel, metabolisme	Barcode DNA (rbcL, matK, dll.)	Barcode DNA (COI, 16S organel, dll.)

DAFTAR PUSTAKA

- Agosti, D., & Ioannidis-Pantopikos, A. (2022). Taxonomic treatments as open FAIR digital objects. *Research Ideas and Outcomes*, 8, e93937.
- Agosti, D., Catapano, T., Sautter, G., Kishor, P., Nielsen, L., Ioannidis-Pantopikos, A., Bigarella, C., Georgiev, T., Penev, L., & Egloff, W. (2019). Biodiversity Literature Repository (BLR), a repository for FAIR data and publications. *Biodiversity Information Science and Standards*, 3, e37220.
- Andjić, B., Cvjetićanin, S., Hayhoe, S., Grujičić, R., & Stešević, D. (2019). Dichotomous keys in the botanical learning of non-visual (blind) people. *Journal of Baltic Science Education*, 18(5), 682–694.
- Andjić, B., Cvjetićanin, S., Lavičza, Z., Maričić, M., Novović, T., & Stešević, D. (2020). Mobile and printed dichotomous keys in constructivist learning of biology in primary school. *Research in Science & Technological Education*, 38(4), 431–453*.
- Chambers, E., Lara-Tufiño, J. D., Campillo-García, G., Cisneros-Bernal, A. Y., Dudek, D. J., Règagnon, V. L., Townsend, J. H., Flores-Villela, O., Hillis, D. M., Barley, A., Botello, C., Castro, E. J., ... Nieto-Montes de Oca, A. (2025). Distinguishing species boundaries from geographic variation. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 122(19), e2315871122.
- Darienko, T., Rad-Menéndez, C., Campbell, C., & Pröschold, T. (2019). Are there any true marine *Chlorella* species? Molecular phylogenetic assessment and ecology of marine *Chlorella*-like organisms, including a description of *Droopiella* gen. nov. *Systematics and biodiversity*, 17(8), 811-829.

- El-Taher, A., Elzilal, H. A., Abd El-Raouf, H. S., Mady, E., Alshallash, K. S., Alnefaie, R. M., Mahdy, E., Ragab, O. G., Emam, E., Alaraidh, I. A., Randhir, T., & Ibrahim, M. (2023). Characterization of some *Cichorium* taxa grown under Mediterranean climate using morphological traits and molecular markers. *Plants*, 12(2), 291.
- Efimova, K. V., Shulgina, M. A., & Shevchenko, O. G. (2023). Intraspecific heterogeneity, multiple allelism and morphological divergence between morphotypes of *Thalassiosira allenii* (Bacillariophyta) from the Sea of Japan. *Phycologia*, 62(4), 352-365.
- Fedosov, A., Achaz, G., & Puillandre, N. (2019). Revisiting use of DNA characters in taxonomy with MolD – a tree independent algorithm to retrieve diagnostic nucleotide characters from monolocus datasets. *bioRxiv*.
- Ganser, M., Santoferrara, L., & Agatha, S. (2022). Molecular signature characters complement taxonomic diagnoses: A bioinformatic approach exemplified by ciliated protists (Ciliophora, Oligotrichea). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 168, 107392.
- Hütter, T., Ganser, M., Kocher, M., Halkic, M., Agatha, S., & Augsten, N. (2020). DeSignate: Detecting signature characters in gene sequence alignments for taxon diagnoses. *BMC Bioinformatics*, 21, 149.
- Koch, W. (2023). Capturing and using taxonomic knowledge for species identification. *Biodiversity Information Science and Standards*, 7, e110957.
- Kruckenhauser, L., Duda, M., Bartel, D., Sattmann, H., Harl, J., Kirchner, S., & Haring, E. (2014). Paraphyly and budding speciation in the hairy snail (*Pulmonata*, *Hygromiidae*). *Zoologica Scripta*, 43(3), 273–288.

- Lawley, J. W., Gamero-Mora, E., Maronna, M., Chiaverano, L., Stampar, S. N., Hopcroft, R. R., Collins, A. G., & Morandini, A. C. (2021). The importance of molecular characters when morphological variability hinders diagnosability: Systematics of the moon jellyfish genus *Aurelia* (Cnidaria: Scyphozoa). *PeerJ*, 9, e11954.
- Leria, L., Vila-Farré, M., Álvarez-Presas, M., Sánchez-Gracia, A., Rozas, J., Sluys, R., & Riutort, M. (2020). Cryptic species delineation in freshwater planarians of the genus *Dugesia* (Platyhelminthes, Tricladida): Extreme intraindividual genetic diversity, morphological stasis, and karyological variability. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 143, 106672.
- Lücking, R., Aime, M. C., Robbertse, B., Miller, A. N., Aoki, T., Ariyawansa, H. A., Cardinali, G., Crous, P. W., Druzhinina, I. S., Geiser, D. M., Hawksworth, D. L., Hyde, K. D., Irinyi, L., Jeewon, R., Johnston, P. R., Kirk, P. M., Malosso, E., May, T. W., Meyer, W., ... Schoch, C. L. (2021). Fungal taxonomy and sequence-based nomenclature. *Nature Microbiology*, 6, 540–548.
- Ma, F., & Pellegrini, M. (2019). Automated identification of cell types in single cell RNA sequencing. *bioRxiv*. <https://doi.org/10.1101/532093>
- Manzitto-Tripp, E. A., Darbyshire, I., Daniel, T. F., Kiel, C. A., & McDade, L. A. (2021). Revised classification of Acanthaceae and worldwide dichotomous keys. *Taxon*, 70(6), 1273–1314.
- Meier, J. P., Carbasse, J. S., Peinado-Olarte, R., & Göker, M. (2022). TYGS and LPSN: A database tandem for fast and reliable genome-based classification and nomenclature of prokaryotes. *Nucleic Acids Research*, 50(D1), D801–D807.

- Merckelbach, L. M., & Borges, L. M. S. (2020). Make every species count: fastachar software for rapid determination of molecular diagnostic characters to describe species. *Molecular Ecology Resources*, 20(5), 1238–1248.
- Muhammed, I., Manias, D. M., Goussis, D. A., & Hatzikirou, H. (2025). Data-driven identification of biological systems using multi-scale analysis. *PLOS Computational Biology*. (in press).
- NCBI Resource Coordinators (Schoch, C., Ciufo, S., Domrachev, M., Hotton, C., Kannan, S., *et al.*). (2020). NCBI Taxonomy: A comprehensive update on curation, resources and tools. *Database*, 2020, baaa062.
- Neo, I., Loh, R. K., Cho, T. J. Y., Puniamoorthy, N., Yeo, D. C. J., & Tan, M. K. (2025). First DNA barcodes and morphometric analysis of Singaporean Tetrigidae (Orthoptera, Caelifera) support color variations as intraspecific polymorphism through integrative taxonomy. *ZooKeys*, 1200, 1–25.
- Ogunkunle, A. T. J. (2021a). Solving the mystery of the construction and elucidating the structural and functionality attributes of dichotomous key, a widely used tool for plant identification. *African Journal of Plant Science*, 15(2), 37–47.
- Ogunkunle, A. T. J. (2021b). The multi-level table and circular diagnostic chart as alternative taxonomic key formats for plant identification. *African Journal of Plant Science*, 15(3), 96–106.
- Packer, L. (2024). A survey of keys for the identification of newly described insect genera: Recommendations for authors, reviewers, editors, and publishers. *ZooKeys*, 1203, 1–35.

- Pape, T., & Evenhuis, N. L. (2023). *Systema Dipterorum. Biodiversity Information Science and Standards*, 7, e111283.
- Pereira, D. S., Hilário, S., Gonçalves, M. F. M., & Phillips, A. (2023). *Diaporthe* species on palms: Molecular re-assessment and species boundaries delimitation in the *D. arecae* species complex. *Microorganisms*, 11(11), 2730.
- Peters, M. D. J., Marnie, C., Colquhoun, H., Garritty, C., Hempel, S., Horsley, T., Langlois, E. V., Lillie, E., O'Brien, K. K., Tunçalp, Ö., Wilson, M. G., Zarin, W., & Tricco, A. C. (2021). Scoping reviews: Reinforcing and advancing the methodology and application. *Systematic Reviews*, 10, 263. <https://doi.org/10.1186/s13643-021-01821-3>
- Pimentel, G. A., Dewasme, L., & Wouwer, A. V. (2023). On the number of reactions and stoichiometry of bioprocess macroscopic models: An implicit sparse identification approach. *IFAC-PapersOnLine*, 56(2), 1899–1904. <https://doi.org/10.1016/j.ifacol.2023.10.521>
- Poulin, R., Bennett, J., & Presswell, B. (2025). Variability among taxonomists in helminth species discrimination decisions: A noise audit. *International Journal for Parasitology*, 55(6), 345–356.
- Rad-Menéndez, C., Stanley, M., Green, D. H., Cox, E. J., & Day, J. G. (2015). Exploring cryptic diversity in publicly available strains of the model diatom *Thalassiosira pseudonana* (Bacillariophyceae). *Journal of the Marine Biological Association of the United Kingdom*, 95(6), 1081–1090.
- Ren, J., & Zhang, R. (2024). Delimiting species, revealing cryptic diversity in Molytinae (Coleoptera:

- Curculionidae) weevil through DNA barcoding. *Journal of Insect Science*, 24(4), 1–14.
- Renner, S. S. (2016). A return to Linnaeus's focus on diagnosis, not description: The use of DNA characters in the formal naming of species. *Systematic Biology*, 65(6), 1085–1095.
- Rheindt, F. E., Bouchard, P., Pyle, R. L., Welter-Schultes, F. W., Aesch, E., Ah Yong, S. T., Ballerio, A., Bourgoin, T., Ceríaco, L. M. P., Dmitriev, D. A., Evenhuis, N. L., Grygier, M. J., Harvey, M. S., Kottelat, M., Kluge, N. J., Krell, F.-T., Kojima, J., Kullander, S. O., Lucinda, P. H. F., ... Pape, T. (2023). Tightening the requirements for species diagnoses would help integrate DNA-based descriptions in taxonomic practice. *PLOS Biology*, 21(8), e3002246.
- Saleem, M. H., Khanchi, S., Potgieter, J., & Arif, K. M. (2020). Image-based plant disease identification by deep learning meta-architectures. *Plants*, 9(11), 1417. <https://doi.org/10.3390/plants9111417>
- Sautter, G., & Agosti, D. (2023). Bidirectional linking: Benefits, challenges, pitfalls, and solutions. *Biodiversity Information Science and Standards*, 7, e104786.
- Schnittler, M., Leontyev, D., Yatsiuk, I., & Ronikier, A. (2025). Species descriptions in myxomycetes – Can we settle on rules for good taxonomic practice? *IMA Fungus*, 16, 1–17.
- Scholten, J. (2023). An updated identification guide to the species of *Amorphophallus* (Araceae): New synonyms and a set of global dichotomous keys. *Blumea*, 68(2), 147–194.
- Șirbu, I., Benedek, A., Hofman, S., Jaszczyńska, A., & Falniowski, A. (2025). Delineation in fuzzy boundaries: Canonical ordination analysis

discriminates between cryptic species by linking taxonomy to genetics, morphology, climate, and space. *PLOS ONE*, 20(10), e0305678.

- Sklenář, F., Glässnerová, K., Jurjević, Ž., Houbraken, J., Samson, R. A., Visagie, C. M., Yilmaz, N., Gené, J., Cano, J., Chen, A. J., Nováková, A., Yaguchi, T., Kolářik, M., & Hubka, V. (2022). Taxonomy of *Aspergillus* series Versicolores: Species reduction and lessons learned about intraspecific variability. *Studies in Mycology*, 102, 53–93.
- Taia, W. K., Shehata, A. I., Elshamy, E. M., & Ibrahim, M. (2020). Biosystematic studies for some Egyptian *Amaranthus* L. taxa and their significance in their identification. *[Nama jurnal tidak tercantum]*.
- Tofilski, A. (2018). DKey software for editing and browsing dichotomous keys. *ZooKeys*, 735, 131–140.
- Tyagi, B. K., Munirathinam, A., & Venkatesh, A. (2015). A catalogue of Indian mosquitoes. *International Journal of Mosquito Research*, 2(3), 01–65.
- Valkiūnas, G., & Iezhova, T. A. (2018). Keys to the avian malaria parasites. *Malaria Journal*, 17, 212.
- Villaverde, A. F., Massonis, G., & Banga, J. R. (2023). Distilling identifiable and interpretable dynamic models from biological data. *PLOS Computational Biology*, 19(3), e1010944.
<https://doi.org/10.1371/journal.pcbi.1010944>
- Wei, X., Cui, X., Yuan, F., Zhou, K., Zhou, L., Zhao, C., Guo, S., Shang, C., & Zhang, Z. (2025). Species delimitation in the *Populus laurifolia* complex (Salicaceae) based on phylogenetic and morphometric evidence. *Frontiers in Plant Science*, 16, 1432105.

- Wisanti, W., Zubaidah, S., Lestari, S. R., Indah, N. K., & Putri, E. K. (2023). The five key types of *Marsilea crenata* as a potential identification tool for biology students. *JPBI (Jurnal Pendidikan Biologi Indonesia)*, 9(3), 269–284.
- Worojie, T. B., Asfaw, B. T., & Mengesha, W. (2021). Indigenous biosystematics of yams (*Dioscorea* spp.) in Southwest Ethiopia: Folk taxonomy, ethnolinguistic analysis, and folk descriptors. *Journal of Ethnobiology and Ethnomedicine*, 17, 2.
- Worojie, T. B., Asfaw, B. T., & Mengesha, W. A. (2021). Indigenous biosystematics of yams (*Dioscorea* spp.) in Southwest Ethiopia: Folk taxonomy, ethnolinguistic analysis, and folk descriptors. *Journal of Ethnobiology and Ethnomedicine*, 17, 2. <https://doi.org/10.1186/s13002-020-00431-0>

BAB 4

TATANAMA

Sejak manusia diciptakan oleh Tuhan, sudah menjadi naluri baginya dalam memberikan nama kepada objek yang ada di sekitarnya. Nama merupakan hal mutlak dalam kehidupan sehari-hari, sebab tanpa nama—baik pada objek konkret seperti organisme maupun konsep abstrak—komunikasi tidak dapat terjalin dengan baik. Oleh karena itu, tidak mengherankan bila pelbagai organisme biologi memiliki nama daerah atau nama sehari-hari yang berbeda sesuai dengan tempat tinggalnya. Beranekaragamnya makhluk hidup di bumi memiliki karakteristik yang unik. Untuk mempelajari dan menyampaikan informasi tentang organisme tersebut secara sistematis, biosistematika hadir sebagai kerangka ilmiah yang menggabungkan deskripsi, identifikasi, klasifikasi, dan tatanama (Rifai, 2015). **Tatanama** berfungsi memberikan nama ilmiah yang sah, baku, dan dapat diterima secara universal (Rifai, 1973; Calisher, 2007; Simpson, 2019).

Sebelum adanya sistem penamaan ilmiah yang terstandar, penamaan organisme dilakukan secara bebas dan tidak konsisten. Akibatnya, satu spesies dapat memiliki banyak nama, atau sebaliknya, satu nama digunakan untuk beberapa spesies. Misalnya, istilah *gedhang* bagi orang Madura berarti pisang, sedangkan bagi orang Sunda adalah pepaya yang dimaksud. Beragam nama daerah seperti *gelinggam*, *galuga*, *kesumba*, *pacar keling*, dan *buya prada* semuanya merujuk pada satu spesies yang sama, yaitu *Bixa*

orellana (Rifai, 2015). Ketidaksesuaian seperti ini menimbulkan kebingungan dalam komunikasi ilmiah internasional. Permasalahan tersebut mulai terpecahkan pada abad ke-18 ketika **Carolus Linnaeus**, seorang pendeta dan ilmuwan Swedia, memperkenalkan sistem *binomial nomenclature* melalui karyanya *Systema Naturae* (Linnaeus, 1758). Sistem dua nama ini—yang terdiri atas nama marga dan penunjuk spesies—menjadi dasar bagi seluruh sistem penamaan ilmiah hingga saat ini, misalnya *Homo sapiens* untuk manusia dan *Oryza sativa* untuk padi. Sistem ini kemudian disempurnakan dalam penerapan berbagai **kode internasional tatanama**, termasuk *International Code of Zoological Nomenclature* (ICZN, 1999) dan *International Code of Nomenclature for algae, fungi, and plants* yang terakhir disempurnakan melalui keputusan kongres di Madrid (Madrid Code) menggantikan Shenzhen Code, dengan penerapan aturan baru yang mulai berlaku sejak 27 Juli 2024 (Turland *et al.*, 2025).

Dalam perkembangan biologi modern, tatanama tidak hanya berperan sebagai alat penamaan, tetapi juga mencerminkan pemahaman ilmiah tentang kekerabatan, evolusi, dan sejarah taksonomi suatu organisme (Stuessy, 2009). Kemajuan di bidang biologi molekuler dan genomik telah mengubah cara pandang ilmuwan dalam memahami hubungan antarspesies, sehingga studi sistematika melalui revisi perlu dilakukan sebagai upaya untuk memperbarui tatanama agar mencerminkan pemahaman ilmiah yang dinamis terhadap keanekaragaman dan evolusi organisme (Tautz *et al.*, 2003; Gavade *et al.*, 2019; Wang *et al.*, 2024). Oleh karena itu, mahasiswa maupun peneliti biologi diharapkan memahami prinsip, filosofi, dan aturan tatanama yang bertujuan dapat menggunakan serta menafsirkan nama ilmiah dengan benar dalam kegiatan riset biosistematika. Bab ini akan menjelaskan tentang: sejarah perkembangan tatanama, prinsip dan aturan dasar tatanama, aturan

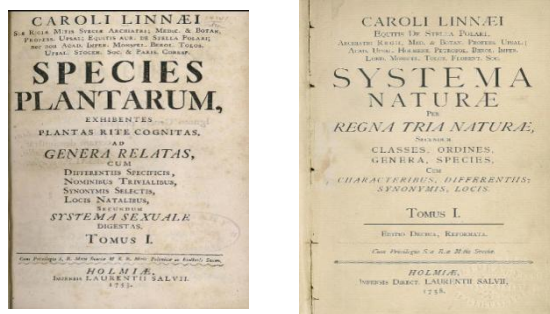
penamaan organisme, tipifikasi dalam tatanama, publikasi efektif dan validitas nama, studi kasus dan penerapan tatanama dalam biosistematika, serta ketika nama harus diubah: tantangan dan revisi dalam tatanama.

4.1 Sejarah Perkembangan Tatanama

Kemunculan sistem penamaan organisme dengan dua kata atau tatanama binomial memiliki sejarah panjang yang melibatkan berbagai tokoh dan kongres ilmiah dunia. Sebelum abad ke-18, para ahli menamai sekaligus mendeskripsikan organisme dengan kalimat yang panjang dan sulit diingat. Jauh sebelum itu, masyarakat tradisional telah menggunakan sistem *folk taxonomy*, yaitu pemberian nama berdasarkan ciri dan kegunaan organisme. Nama-nama tersebut bersifat lokal dan deskriptif, serta berkembang di berbagai budaya seperti Tiongkok (Shennong), India (Chakara dan Susruthra), dan Yunani (Aristoteles dan Theophrastus) (Mayr, 1982; Winston, 2018). Sebagai contoh, tanaman rosela dahulu dikenal dengan nama *Hibiscus inermis foliis serratis inferiobus obovatis integris superiobus trilobis*. Nama ini berarti “*Hibiscus* yang tidak berduri dengan daun bergerigi; bagian bawahnya rata dan membulat telur sungsang, sedangkan bagian atasnya bercuping tiga.” Nama semacam ini pada dasarnya merupakan uraian ciri morfologi tanaman tersebut. Dapat dibayangkan, betapa sulitnya mengomunikasikan suatu spesies apabila setiap kali disebut harus menggunakan nama ilmiah yang begitu panjang dan rumit (Stearn, 1959; Rifai, 2015). Kondisi ini menunjukkan bahwa pada abad pertengahan, perkembangan ilmu biologi berjalan lambat karena keterbatasan standar penamaan ilmiah.

Ketika memasuki masa *Renaissance* (abad ke-15 hingga 17), ilmu biologi mulai berkembang dengan kemunculan ahli seperti Andrea Caesalpino (1583), John Ray (1682), dan

Gaspard Bauhin (1653) yang mulai mengenalkan upaya klasifikasi dan penamaan yang lebih teratur. Bauhin merupakan pelopor yang mengenalkan sistem penamaan dua kata latin meskipun belum sistematis. Upaya ini dijadikan sebagai cikal bakal dasar sistem binomial yang kelak disempurnakan oleh Linnaeus (Stafleu & Cowan, 1976). Kemunculan Carl Von Linnae (1707-1778), seorang naturalis asal Swedia, menjadi angin segar dalam perkembangan ilmu sistematika. Linnaeus menyadari bahwa penggunaan frasa panjang dalam penamaan spesies ini menghambat dalam komunikasi ilmiah (Mayr, 1982). Beliau memperkenalkan sistem *binomial nomenclature*, yakni pemberian nama spesies dengan dua kata latin, kata pertama merujuk pada genus dan kata kedua merujuk pada epitet penunjuk spesies (misalnya *Homo sapiens* untuk manusia, *Panthera leo* untuk singa). Dalam karyanya, *Systema Nature* (edisi ke-10, 1758) untuk hewan dan *Species Plantarum* (1753) untuk tumbuhan, Linnaeus menerapkan sistem binomial secara konsisten (Linnaeus, 1753; Linnaeus, 1758) (Gambar 4.1). Dua karya ini menjadi titik awal dalam penamaan binomial dalam botani dan zoologi modern.



Gambar 4. 1 Carolus Linnaeus dan dua publikasinya di Bidang Botani (*Species Plantarum*, 1753) Serta Zoologi (*Systema Naturae*, 1758)
(Sumber: Müller-Wille, 2025)

Linnaeus juga memperkenalkan sistem klasifikasi hierarkis, dimana organisme dikelompokkan dalam tingkatan seperti kingdom, kelas, ordo, genus, dan spesies. Beliau menekankan pentingnya penggunaan bahasa Latin agar penamaan ini dapat diterima secara universal. Meskipun sistem klasifikasi ini bersifat artifisial, langkah Linnaeus berhasil menciptakan standar global yang digunakan dan menjadi fondasi utama dari sistematika biologi modern (Stearn, 1959; Mayr, 1982; Cain, 2025).

Kegiatan mendeskripsikan spesies baru berkembang sangat pesat setelah era Linnaeus. Sayangnya, pada masa itu komunikasi ilmiah antarpeneliti belum cukup baik untuk mencegah perbedaan dalam penamaan. Dengan kata lain, keterbatasan sarana komunikasi membuat banyak penulis menamai organisme yang sama tanpa saling mengetahui. Ditambah ketiadaan aturan penamaan universal di zaman tersebut menyebabkan banyak nama yang diberikan secara terpisah untuk organisme yang sama, sehingga timbul duplikasi nama dan kebingungan dalam sinonim maupun homonim (Krauss, 2008). Sejumlah ahli berupaya menyempurnakan sistem tatanama agar lebih stabil dan mengikuti aturan ilmiah. Tokoh berpengaruh dalam periode ini adalah Augustin Pyramus de Candolle (1778-1841). Dalam karya monumentalnya *Théorie élémentaire de la Botanique* (1813), de Candolle menegaskan bahwa penamaan spesies harus mengikuti aturan prioritas—nama yang dipublikasikan dan harus disertai dengan diagnosis dan deskripsi ilmiah yang jelas, termasuk konsep *nomen nudum* dan homonim. Ia juga menolak penggunaan sinonim yang berlebihan dan menekankan pentingnya publikasi yang valid (de Candolle, 1813) (Gambar 4.2). Pemikiran de Candolle ini menjadi dasar aturan tatanama formal yang disusun oleh putranya, Alphonse de Candolle, yang disahkan pada *International Botanical Congress* (IBC) di Paris pada 1867. Seiring waktu, sistem ini disahkan dalam *International Botanical Code of*

Nomenclature (ICBN) (Sosef *et al.*, 2020), hingga berganti nama menjadi *International Code of Nomenclature for algae, fungi, and plants* (ICN) sejak 2011 hingga sekarang (Nicolson, 1991; Turland *et al.*, 2024).



THÉORIE
ÉLÉMENTAIRE
DE LA BOTANIQUE,
OU
EXPOSITION DES PRINCIPES
DE LA CLASSIFICATION NATURELLE
ET DE L'ART
DE DÉCRIRE ET D'ETUDIER LES VÉGÉTAUX;

PAR M. A. P. DE CANDOLLE,

Professeur de Botanique aux Facultés de Médecine et des Sciences,
Directeur du Jardin des Plantes, et Membre du Conseil de
l'Académie de Montpellier; Professeur honoraire à l'Académie
de Göttinge; Correspondant de l'Institut; des Académies Impériales
des Sciences de Munich, Impériale de Turin, de Gênes, des
Sociétés Pétersbourg de Sciences, de Berlin, de Vienne,
Philosophique de Paris, de Philosophie et d'histoire naturelle,
Sciences Physiques et Mathématiques, de l'École de Médecine de Paris,
de Médecine de Bordeaux, d'Agriculture de la Seine et de
l'Étendue, des Sciences Lettres et Arts de Montpellier; Rouen,
etc. etc.

A PARIS,

Chez DÉTERVILLE, Libraire, rue Haute-École, n.º 6.

1813.

Gambar 4. 2 Augustin Pyramus de Candolle dan salah satu publikasinya, *Théorie Élémentaire de la Botanique* (1813)

(Sumber: de Candolle, 1813; Smith, 2005)

Berbeda dengan aturan penamaan ilmiah pada tumbuhan, untuk dunia hewan terdapat kode aturan berupa *International Code of Zoological Nomenclature* (ICZN), yang edisi pertamanya diterbitkan pada 1961 oleh *International Commission of Zoological Nomenclature* (ICZN) (International Commission on Zoological Nomenclature, 1961). Dalam bidang mikrobiologi, dikembangkan pula *International Code of Nomenclature of Prokaryotes* (ICNP) (Parker *et al.*, 2019). Ketiga kode ini—ICN, ICZN, dan ICNP—menjadi fondasi tatanama biosistematika modern yang menjamin keseragaman dan stabilitas penamaan seluruh makhluk hidup.

4.2 Prinsip dan Aturan Dasar Tatanama

Kode internasional tatanama dibuat dengan tujuan menyediakan sistem yang mantap dalam pemberian nama bagi satuan taksonomi. Kode ini menolak penggunaan nama yang dapat menimbulkan kesalahan, keraguan, atau kekacauan dalam ilmu pengetahuan. Kode tatanama juga bertujuan untuk mencegah terciptanya nama-nama baru yang tidak diperlukan. Selain itu, kode ini menjamin bahwa setiap spesies memiliki nama ilmiah yang unik, sah, dan diakui secara internasional (Rifai, 1973; Winston, 1999; McNeill, 2000; Silalahi, 2017; Turland *et al.*, 2024).

Agar tujuan tersebut dapat tercapai, kode tatanama didasarkan pada sejumlah prinsip utama yang berlaku umum bagi semua kelompok organisme yang bersifat mutlak. Prinsip-prinsip tersebut antara lain (Simpson, 2019; Turland *et al.*, 2024):

1. Tatanama tumbuhan (termasuk alga dan fungi) berdiri sendiri dengan tatanama hewan dan organisme prokariot. Kode ini berlaku bagi nama-nama kelompok taksonomi yang diperlakukan sebagai alga, fungi, atau tumbuhan, baik kelompok tersebut awalnya dikategorikan demikian maupun tidak;
2. Penerapan nama kelompok taksonomi didasarkan atas tipe tatanama berupa spesimen atau ilustrasi yang sah (tipifikasi);
3. Penamaan ilmiah kelompok taksonomi didasarkan pada prioritas publikasi, artinya nama yang pertama kali diterbitkan secara sah memiliki kedudukan utama dan harus diutamakan sebagai nama yang valid;
4. Masing-masing kelompok taksonomi dengan batasan, posisi, dan peringkat tertentu hanya boleh memiliki satu nama yang benar, yaitu nama yang paling awal diterbitkan sesuai dengan ketentuan kode, kecuali pada kasus-kasus tertentu yang telah diatur secara khusus;

5. Semua nama ilmiah kelompok taksonomi diperlakukan sebagai bahasa latin tanpa memandang asal katanya. Hal ini untuk menjaga keseragaman dan universalitas dalam penggunaan ilmiah;
6. Aturan dalam tatanama berlaku surut terhadap semua yang telah diterbitkan sebelumnya, kecuali apabila secara tegas dinyatakan sebaliknya.

Di dalam kode tatanama terbagi menjadi beberapa bagian, yaitu aturan yang terorganisasi pada setiap pasal, rekomendasi, dan catatan penjelas disertai dengan contoh.

Bagian awal dari kode tatanama membahas mengenai tingkatan-tingkatan taksonomi dalam klasifikasi. Setiap individu organisme dianggap termasuk ke dalam sejumlah kategori yang tersusun secara bertingkat, berdasarkan urutan menurun, meliputi: kerajaan (*kingdom/ regnum*), divisi atau filum (*division/ phylum*), kelas (*classis*), ordo (*ordo*), famili (*familia*), genus (*genus*), dan spesies (*species*). Setiap spesies yang sebagai satuan dasarnya termasuk ke dalam suatu genus, setiap genus termasuk dalam famili, setiap famili termasuk dalam ordo, dan seterusnya hingga tingkat tertinggi yaitu kerajaan (Sivarajan, 1991; Turland *et al.*, 2024). Setiap nama ilmiah pada tingkatan takson tertentu memiliki akhiran khas (*suffix*) yang telah ditetapkan sesuai dengan aturan dan rekomendasi dalam kode internasional tatanama (Tabel 4.1). Akhiran tersebut berfungsi untuk menunjukkan peringkat taksonomi dari suatu kelompok, sehingga kedudukan relatifnya dalam hierarki klasifikasi dapat segera dikenali hanya dari bentuk akhir namanya. Sebagai contoh, nama pada tingkat famili berakhiran *-aceae* (misalnya *Rosaceae*), tingkat ordo berakhiran *-ales* (misalnya *Rosales*), sedangkan tingkat kelas menggunakan akhiran *-opsida* (misalnya *Liliopsida*) (Simpson, 2019).

Tabel 4. 1 Akhiran Resmi Nama Ilmiah Berdasarkan Tingkatan Takson pada Tumbuhan dan Hewan

Tingkat taksonomi	Akhiran resmi tumbuhan, alga, fungi	Akhiran resmi hewan
Kerajaan (kingdom)	-phyta (kadang tanpa akhiran baku)	-zoa (tidak selalu wajib)
Divisi/filum (<i>division/phylum</i>)	-phyta (tumbuhan), -mycota (fungi), -ta (alga)	-a
Subdivisi/subfilum	-phytina, -mycotina	-ina
Kelas (<i>class</i>)	-opsida (tumbuhan), -mycetes (fungi), -phyceae (alga)	-ea
Subkelas (<i>subclass</i>)	-idae	-idea
Bangsa (<i>order</i>)	-ales	-iformes (khusus vertebrata), lainnya bervariasi
Subordo (<i>suborder</i>)	-ineae	-ineae (atau tanpa pola tetap)
Suku (<i>family</i>)	-aceae	-idae
Subsuku (<i>subfamily</i>)	-oideae	-inae
Puak (<i>tribe</i>)	-eae	-ini
Subpuak (<i>subtribe</i>)	-inae	-ina
Marga (<i>genus</i>)	Tidak memiliki akhiran tetap	Tidak memiliki akhiran tetap

Tingkat taksonomi	Akhiran resmi tumbuhan, alga, fungi	Akhiran resmi hewan
Spesies (<i>species</i>)	Dua kata: <i>genus + epitet spesifik</i>	Dua kata: <i>genus + epitet spesifik</i>
Subspesies/ varietas/forma	subsp., var., f.	subsp.

Sumber: ICZN, 1999; de Queiroz, 2012; Turland *et al.*, 2024

Pada kasus tatanama tumbuhan, terdapat sembilan nama suku yang telah lama digunakan sebelum penetapan aturan modern, yaitu *Compositae* (= *Asteraceae*, tipe: *Aster* L.), *Cruciferae* (= *Brassicaceae*, tipe: *Brassica* L.), *Gramineae* (= *Poaceae*, tipe: *Poa* L.), *Guttiferae* (= *Clusiaceae*, tipe: *Clusia* L.), *Labiatae* (= *Lamiaceae*, tipe: *Lamium* L.), *Leguminosae* atau *Papilionaceae* (= *Fabaceae*, tipe: *Faba* L.), *Palmae* (= *Areaceae*, tipe: *Areca* L.), dan *Umbelliferae* (= *Apiaceae*, tipe: *Apium* L.). Pengecualian ini menunjukkan bahwa tatanama ilmiah tidak hanya bersifat teknis dan mengikuti aturan formal, tetapi juga mempertimbangkan aspek historis serta stabilitas tatanama (Turland *et al.*, 2024).

Selain prinsip-prinsip di atas, kode tatanama juga mengatur kategori di bawah tingkat spesies. Terdapat tiga kategori tambahan yang digunakan dalam mengidentifikasi variasi dalam spesies, yaitu subspesies, varietas, dan forma (Stuessy, 2009). **Subspesies** digunakan ketika terdapat populasi berbeda secara geografis yang masih mampu melakukan kawin silang dengan populasi lain dalam spesies yang sama. **Varietas** digunakan untuk variasi yang lebih kecil, biasanya menyangkut perbedaan morfologi yang konsisten tetapi tidak selalu memiliki pemisahan geografis yang jelas. **Forma** digunakan untuk perbedaan minor, seperti variasi warna bunga atau daun, yang tidak begitu signifikan dalam

isolasi reproduksi. Penggunaan kategori infraspecies tidak semata-mata berfungsi dalam penamaan formal, tetapi juga merefleksikan makna biologis dan evolusioner. Variasi infraspecies mencerminkan diferensiasi genetik awal yang mungkin menjadi langkah awal menuju spesiasi. Oleh karena itu, pengelompokan infraspesifik berperan penting dalam kajian biosistematika untuk memahami dinamika evolusi dalam suatu spesies (Stuessy, 2009; Turland *et al.*, 2024).

4.3 Aturan Penamaan Organisme

Dalam tatanama ilmiah, semua nama dianggap sebagai bahasa Latin, meskipun asal katanya dapat berasal dari bahasa lain atau merupakan nama seseorang. Tradisi ini berasal dari penggunaan Latin sebagai *lingua franca* dalam dunia akademik sejak abad pertengahan. ICN juga menetapkan bahwa diagnosis takson baru harus menggunakan bahasa Latin (aturan sebelum 2012) atau bahasa Latin dan Inggris sesuai revisi kode terbaru (Singh, 2010; Turland *et al.*, 2018). Penggunaan Latin memberikan stabilitas dan konsistensi karena merupakan bahasa yang tidak lagi berkembang sehingga makna kata tidak berubah dari waktu ke waktu. Latin juga memiliki struktur gramatikal yang jelas, termasuk aturan perubahan kata berdasarkan gender. Sebagai contoh, kata sifat seperti *albus* (maskulin), *alba* (feminin), dan *album* (netral) harus disesuaikan dengan gender dari nama genus yang menyertainya. Kejelasan ini membuat penulisan nama ilmiah lebih teratur dan mudah difafsirkan (Singh, 2010).

Penamaan spesies mengikuti sistem binomial (dua kata) yang pertama kali digunakan secara konsisten oleh Carolus Linnaeus. Dalam sistem ini, nama ilmiah terdiri atas dua bagian: kata pertama menunjukkan nama genus, sedangkan kata kedua merupakan epitet spesifik atau penunjuk jenis. Penulisan nama ilmiah umumnya dicetak

miring untuk membedakannya dari teks biasa. Sebagai contoh, tumbuhan *kamandin saebo*, anggota suku *Asteraceae* yang ditemukan di Madura, memiliki nama ilmiah *Glossocardia leschenaultii* (Simpson, 2019; Hariri *et al.*, 2021). Kata *Glossocardia* menunjukkan nama genus dan ditulis dengan huruf pertama kapital. Nama genus dapat disingkat menjadi G. (*G. leschenaultii*) setelah disebutkan secara lengkap pada kemunculan pertama, selama tidak menimbulkan ambiguitas. Kata kedua, *leschenaultii*, merupakan epitet spesifik yang selalu ditulis dengan huruf kecil seluruhnya. Baik nama genus maupun epitet spesifik dicetak miring atau digarisbawahi jika pengetikan tidak memungkinkan penggunaan huruf miring.

Beberapa spesies memiliki variasi morfologi atau geografis yang memerlukan pengelompokan pada tingkat yang lebih rendah daripada spesies. Nama suatu takson infraspesies tersusun dari nama spesies diikuti oleh epitet infraspesies, dengan menggunakan istilah penghubung (*connecting term*) untuk menunjukkan peringkatnya. Istilah penghubung yang dimaksud adalah subspecies (subsp.), varietas (var.), dan forma (f.). Sebagai contoh, *Salvia grandiflora* subsp. *willeana*. Kata *willeana* merupakan subspecies dari *Salvia grandiflora*, *Lycopodium inundatum* var. *bigelovii*, yang mana *bigelovii* merupakan nama varietas dari *Lycopodium inundatum*. Hal ini berlaku juga untuk penulisan forma (Turland *et al.*, 2024). Pada kasus tumbuhan, terdapat istilah hibrida. Hibrida dalam tumbuhan mencakup semua keturunan yang berasal dari persilangan antara dua individu yang berbeda, baik secara alami maupun buatan. Perbedaan tersebut dapat berupa persilangan antarspesies, persilangan antarmarga, persilangan antar taksa budi daya, dan persilangan antar bentuk infraspesifik. Penulisan nama hibrid biasanya diberikan tanda x dalam penulisan nama ilmiahnya. Hal ini telah diatur dalam kode internasional tatanama tanaman budi daya (ICNCP) (Bisby,

1994; Brickell *et al.*, 2016). Sebagai contoh *Nepenthes × hookeriana* merupakan hasil hibrida alami dari *Nepenthes ampullaria* dan *Nepenthes rafflesiana* (Jebb & Cheek, 1997).

Setelah nama genus dan penunjuk spesies ditulis, biasanya disertai nama kepengarangan (*author*) yang pertama kali mendeskripsikan takson tersebut. *Author* biasanya ditulis setelah nama ilmiah tetapi tidak dicetak miring (tetap ditulis tegak). Penulisan nama kepengarangan ini bertujuan memberikan kejelasan historis dan menghindari ambiguitas ketika dua penulis berbeda pernah menggunakan epitet yang sama pada genus berbeda (Turland *et al.*, 2024). Penulisan *author* untuk nama ilmiah tumbuhan dilakukan sesuai standar singkatan yang diterbitkan oleh Brummitt & Powell (1992). Singkatan tersebut biasanya terdiri dari nama keluarga (*surname*) atau bentuk yang disingkat, kadang dengan inisial *forename* untuk membedakan nama kepengarangan lain dengan nama keluarga yang sama dan diakhiri dengan tanda titik (.) (Tabel 4.2). Daftar singkatan yang diperbarui dan dikelola secara berkelanjutan dapat dilihat di IPNI (<https://www.ipni.org/>) yang terus diperbarui oleh Herbarium Kew. Pada kasus di hewan, penulisan nama ilmiah mengikuti kaidah ICZN, tidak disingkat, dan tidak ada standar singkatan resmi. Beberapa contoh nama ilmiah disertai dengan nama kepengarangan dapat dilihat pada Tabel 4.2 berikut.

Tabel 4. 2 Contoh Nama-Nama Ilmiah Disertai Nama Kepengarangan dan Interpretasinya

Nama ilmiah dengan nama kepengarangan	Interpretasi
<i>Quercus robur</i> L.	<i>Quercus</i> adalah nama genus, <i>robur</i> adalah penunjuk jenis, dan L. merujuk pada nama Carolus Linnaeus
<i>Panthera leo</i> , Linnaeus 1758	Pada hewan, penulisan nama ilmiah ditulis lengkap dan diberi tahun publikasi terbit. 1758 merupakan publikasi Linnaeus berjudul <i>Systema Naturae</i>
<i>Danaus chrysippus</i> (Linnaeus, 1758)	Terjadi kombinasi baru. Dalam kasus ini, nama kepengarangan pertama tetap ditulis menggunakan tanda kurung
<i>Zingiber baumii</i> Chatan & Promprom	Tanda & menunjukkan bahwa spesies ini dipublikasikan oleh dua orang, yaitu Wannachai Chatan (Chatan) dan Wilawan Promprom (Promprom)
<i>Homalomena atrox</i> P.C.Boyce, S.Y.Wong & Fasih.	Spesies ini dipublikasikan lebih dari dua orang yaitu P.C. Boyce, S.Y. Wong, dan Fasihudin (Fasih.)

Nama ilmiah dengan nama kepengarangan	Interpretasi
<i>Nepenthes gymnamphora</i> Reinw. ex Nees	Keberadaan ex menunjukkan bahwa spesies ini awalnya dipublikasikan oleh C.P. Reindwart, namun publikasi tersebut tidak memenuhi persyaratan sesuai kaidah tatanama. Akhirnya diselesaikan oleh Christian G.D. Nees von Essenbeck (Nees), sehingga nama kepengarangan tetap mencantumkan Reinwardt, diberi tanda ex, kemudian diikuti nama Nees
<i>Sulettaria burttii</i> (R.M.Sm.) A.D.Poulsen & M.F.Newman	Terdapat dua nama kepengarangan dari spesies ini, yaitu Rosemary Margaret Smith (R.M.Sm.) dan dua nama kepengarangan Axel D. Poulsen dan Mark F. Newman. Perbedaan terletak pada tanda kurung () pada nama (R.M.Sm.). Ini menunjukkan bahwa spesies ini mengalami perubahan nama, yang sebelumnya memiliki nama ilmiah <i>Amomum burttii</i>. Berdasarkan studi yang dilakukan oleh A.D. Poulsen dan M.F.Newman, spesies

Nama ilmiah dengan nama kepengarangan	Interpretasi
	ini dimasukkan ke dalam genus <i>Sulettaria</i> , sehingga A.D. Poulsen dan M.F.Newman membuat kombinasi baru dari genus <i>Amomum</i> ke <i>Sulettaria</i> . Nama spesies yang dihasilkan adalah <i>Sulettaria burttii</i> (R.M.Sm.) A.D.Poulsen & M.F.Newman

Sumber: (Linnaeus, 1753, 1758; Jeeb & Cheek, 1997; Boyce *et al.*, 2010; Poulsen *et al.*, 2018; Promprom *et al.*, 2024; Turland *et al.* 2024)

4.3.1 Homonim dan Sinonim

Dalam tatanama, dua persoalan penting yang sering muncul adalah kasus homonim dan sinonim. Keduanya berkaitan dengan stabilitas nama dan diatur secara ketat dalam kode tatanama. **Homonim** merupakan salah satu dari dua (atau lebih) nama ilmiah yang memiliki ejaan sama (tanpa memperhitungkan nama kepengarangan), tetapi masing-masing didasarkan pada spesimen tipe yang berbeda. Nama yang muncul kemudian dianggap tidak sah, kecuali jika nama tersebut ditetapkan sebagai nama yang dilestarikan (Simpson, 2019). Sebagai contoh, kasus pada *Cryptantha foliosa* Reiche dan *Cryptantha foliosa* Greene yang memiliki perbedaan morfologi. Nama yang diberikan oleh Reiche merupakan homonim yang terbit pada publikasi tahun 1907 (Anales Univ. Chile 121: 827) sehingga dianggap tidak sah, sedangkan *Cryptantha foliosa* Greene telah

dipublikasikan lebih dahulu (pada 1887, Pittonia 1: 113). Kedua nama tersebut mewakili taksa yang berbeda.

Setelah memahami kasus homonim, penting juga meninjau sinonim, yang mencerminkan nama-nama alternatif untuk takson yang sama. **Sinonim** adalah nama yang tidak digunakan sebagai nama yang diterima oleh seorang penulis atau kelompok penulis, meskipun merujuk pada takson yang sama dengan nama yang dianggap benar. Sebuah nama dapat menjadi sinonim karena (1) tidak sah menurut kode tatanama, atau (2) penilaian taksonomi berbeda (Simpson, 2019). Nama sinonim terbagi menjadi dua macam, yaitu sinonim homotipik (tipe sama) dan sinonim heterotipik (tipe beda). Contoh kasus sinonim homotipik terdapat pada *Krynitzkia decipiens*, dipublikasikan oleh M.E. Jones pada tahun 1910 dalam *Contributions from the Western Botany*. Dua tahun kemudian, A. Heller kemudian memindahkan spesies ini ke genus *Cryptantha*, sehingga menjadi *Cryptantha decipiens* (M.E. Jones) A.Heller, yang kini diterima luas (Heller, 1912). Meskipun genusnya berubah, spesimen tipe yang menjadi acuan takson tetap sama. Kasus sinonim heterotipik dijumpai pada *Amsinckia douglasiana* A. DC. (1846) ditemukan dan dipublikasikan oleh de Candolle. Kemudian pada tahun 1916, Macbride mendeskripsikan *A. lemmonii* J.F.Macbr. berdasarkan spesimen lain. Hasil penelitian ini menetapkan bahwa kedua nama tersebut merujuk pada satu dan spesies sama yang kini dikenal sebagai *A. douglasiana*, sehingga *A. lemmonii* menjadi sinonim heterotipik (Macbride, 1916).

4.3.2 Kesalahan Penulisan Nama Ilmiah yang sering Terjadi

Dalam praktik penulisan nama ilmiah, sejumlah kesalahan teknis sering ditemukan baik dalam tulisan ilmiah, laporan penelitian, hingga tugas akhir. Kesalahan ini terjadi karena ketidaktelitian atau kurangnya pemahaman terkait aturan dasar tatanama. Beberapa kesalahan yang biasa dijumpai antara lain:

1. Penggunaan huruf kapital yang tidak tepat. Nama genus selalu diawali huruf kapital, sedangkan penunjuk spesies selalu huruf kecil. Contoh: *Homo sapiens* (benar), bukan *Homo Sapiens* (salah);
2. Penggunaan huruf miring yang tidak konsisten. Nama ilmiah harus ditulis miring secara keseluruhan, termasuk penggunaan tanda x pada hibrida bila terintegrasi dengan nama genus dan spesies. Contoh: *Nepenthes x hookeriana* (benar), bukan *Nepenthes x hookeriana* (tanda x tidak dimiringkan). Tanda x harus ditempatkan di depan penunjuk spesies atau di depan genus jika hibrida antarmarga; seperti pada kasus x *Sorbaronia* (hibrida antarmarga *Sorbus x Aronia*) (Conolly, 2009);
3. Penunjuk spesies tidak mengikuti gender. Contoh: *Fagus sylvatica* (benar), bukan *Fagus sylvaticus* (tidak sesuai gender);
4. Penulisan singkatan sp., spp., subsp., var., dan f. menggunakan huruf miring. Penulisan *Ficus* sp. merupakan penulisan yang tepat;
5. Penempatan tanda kurung pada nama kepengarangan yang tidak tepat. Tanda kurung biasanya digunakan jika terjadi kombinasi nama baru (pemindahan nama genus). Contoh: *Mangifera indica* L., bukan *Mangifera indica* (L.);

6. Epitet (penunjuk spesies) yang berasal dari nama orang tetap ditulis dengan huruf kecil. Contoh : *Rafflesia arnoldii* (benar), bukan *Rafflesia Arnoldii*.
7. Penulisan nama kepengarangan tidak perlu pada penelitian non-sistematika (ekologi, fisiologi, farmakologi), karena tidak menambah informasi penting. Nama kepengarangan hanya wajib dalam penelitian sistematika atau taksonomi, misalnya saat mendeskripsikan spesies baru, revisi genus, atau membahas sinonim/homonim. Contoh: dalam penelitian ekologi, cukup menulis *Syzygium densiflorum* tanpa nama kepengarangan.

4.4 Tipifikasi dalam Tatanama

Prinsip tatanama kedua menyatakan bahwa penerapan nama takson pada semua tingkatan di bawah suku ditentukan berdasarkan tipe tatanama. Proses ini disebut **tipifikasi**. Tipifikasi merupakan prinsip dasar dalam tatanama. Prinsip ini menetapkan bahwa penerapan nama suatu takson ditentukan oleh tipe tatanama. Selanjutnya, kegiatan tipifikasi bertujuan untuk memastikan bahwa setiap nama ilmiah memiliki rujukan yang objektif. Oleh karena itu, penggunaan nama tersebut tetap stabil meskipun konsep takson berubah. Di sisi lain, tipifikasi juga penting dalam pengajuan pelestarian nama takson. Konsep tipifikasi berkembang di Amerika pada akhir abad ke-19. Para taksonomis menghadapi kesulitan ketika genus dipecah sehingga interpretasi batasan takson menjadi tidak seragam. Untuk mengatasi hal ini, mereka menekankan penggunaan “spesies tipe” sebagai standar untuk mendefinisikan dan membatasi genus. Gagasan ini muncul pertama kali dalam Rochester Code (1892) dan kemudian diperkuat dalam American Code (1907), yang dianggap sebagai Kode berbasis tipe pertama (Rao, 2018; Turland *et al.*, 2024). Selain itu,

proses ini dapat dipublikasikan secara mandiri untuk menyediakan nama takson yang sah dan dapat diterima sesegera mungkin (de Oliveira *et al.*, 2009; Haevermans *et al.*, 2013). Tipifikasi dapat dilakukan bersamaan dengan kegiatan revisi taksonomi, penyusunan sinopsis, penulisan monografi, dan pembuatan *checklist*. Selanjutnya, tipifikasi juga berperan dalam pemulihan atau penghidupan kembali taksa yang sebelumnya dianggap sinonim, pengembalian status taksonomi yang telah hilang, serta penyusunan kombinasi nama baru (Damayanto *et al.*, 2023).

Tipe yang digunakan dalam menetapkan suatu takson didasarkan pada spesimen herbarium, ilustrasi, atau awetan basah yang telah dipilih dan ditetapkan dalam publikasi ilmiah (Gambar 4.3). Tipe ini sifatnya wajib pada klasifikasi tingkat famili ke bawah. Wujud sebuah tipe berupa spesimen herbarium atau awetan basah yang disimpan pada lembaga terindeks (Thiers-diperbarui, 2023). Sebagai tambahan, pada beberapa takson yang usianya sudah tua, penunjukan sebuah tipe merujuk pada ilustrasi atau gambar. Gambar yang digunakan berasal dari gambar yang sudah atau belum dipublikasikan.



A



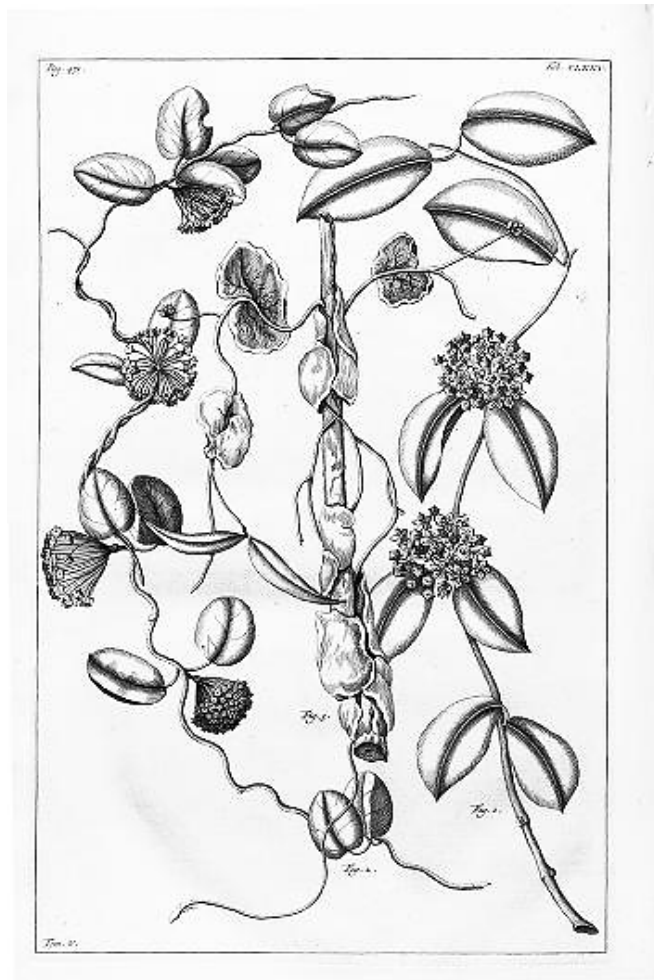
B

Gambar 4. 3 Contoh spesimen tipe yang dijadikan sebagai acuan dasar publikasi ilmiah. Spesimen herbarium *Hibiscus townsvillensis* (Craven 10469, Canb 875440) (A); awetan basah *Testudo scabra* Linnaeus 1758:198. (Sumber: Rhodin & Carr, 2009; Craven *et al.*, 2016)

Saat akan mempublikasikan spesies baru, seorang peneliti harus menentukan satu spesimen acuan yang dijadikan sebagai rujukan utama yang disebut sebagai **holotipe**. Spesimen holotipe berfungsi sebagai sumber acuan definitif untuk setiap pertanyaan mengenai identitas atau nomenklatur yang biasanya didepositkan di herbarium terindeks (Simpson, 2019). Spesimen holotipe biasanya berjumlah satu atau dua eksemplar serta memiliki kolektor dan nomor spesimen. Misalnya spesimen dengan nomor koleksi *MR Hariri 795* yang tersimpan di Herbarium Bandungense (FIPIA) ditunjuk sebagai spesimen holotipe dari *Homalomena renda* A.S.D.Irsyam & M.R.Hariri (Irsyam *et al.*, 2025). Selanjutnya, spesimen ini ternyata memiliki duplikat dan disimpan di lembaga herbarium lain (Herbarium Bogoriense, BO). Salinan spesimen ini disebut dengan **isotipe** (Sosef *et al.*, 2020; Irsyam *et al.*, 2025). Di sisi lain, isotipe berharga karena merupakan duplikat yang dapat diandalkan dari takson yang sama dan dapat didistribusikan ke banyak herbarium lain, sehingga memudahkan taksonomis dari berbagai wilayah untuk memperoleh spesimen dari takson baru (Simpson, 2019).

Seorang peneliti mengamati satu atau lebih duplikat spesimen yang digunakan sebagai acuan dalam menentukan batasan spesies yang diajukan, namun bukan merupakan spesimen utama. Spesimen ini disebut dengan **paratipe** (Sosef *et al.*, 2020). Selain itu, kadang-kadang seorang penulis mendeskripsikan spesies baru tanpa menunjuk satu spesimen sebagai tipe utama. Semua spesimen yang digunakan sebagai dasar deskripsi disebut **sintipe**. Sintipe merupakan materi asli dari takson tersebut, dan masing-masing spesimen memiliki peranan yang sama pentingnya dalam mendukung identifikasi takson baru (Sosef *et al.*, 2020). **Lektotipe** merupakan spesimen yang dipilih dari materi asli untuk dijadikan tipe ketika holotipe tidak ditetapkan pada saat publikasi, hilang, atau ketika tipe asli

terdiri dari lebih dari satu spesimen atau takson. Pemilihan lektotipe biasanya dilakukan dari antara isotipe, sintipe, atau isosintipe (Simpson, 2019; Sosef *et al.*, 2020). Penunjukan lektotipe banyak diperlukan untuk nama-nama yang diterbitkan pada awal abad ke-18 dan ke-19, karena penulis awal umumnya mencantumkan beberapa bahan tanpa menetapkan satu spesimen sebagai holotipe. Contoh pada kasus ini adalah *Hoya diversifolia*, yang mana Blume mempertelakan ini pada abad ke-19 tanpa menetapkan spesimen holotipe. Untuk menegaskan identitas takson, Rodda (2017) kemudian menetapkan ilustrasi klasik dari abad ke-18 melalui publikasi *Rumphius, Herbarium Amboinense* (1747), tab. 175, fig. 2. sebagai lektotipe (Gambar 4.4).



Gambar 4. 4 Lektotipe *Hoya diversifolia* Blume dari buku Herbarium Amboinense oleh Rumphius (1747), tab. 175, fig. 2

(Sumber: Rodda, 2017)

Terkadang spesimen tipe yang ada—baik holotipe, lektotipe, maupun neotipe—tidak cukup jelas untuk memastikan identitas atau diagnosis suatu takson. Untuk mengatasi hal ini, digunakan **epitipe**, yaitu spesimen atau ilustrasi tambahan yang berfungsi sebagai tipe interpretatif. Epitipe membantu menegaskan ciri-ciri takson dan memastikan bahwa tidak ada keraguan mengenai identitas spesies tersebut (Simpson, 2019; Sosef *et al.*, 2020). Kasus kebakaran hebat Herbarium Berlin (B) pada perang dunia II di tahun 1943 menyebabkan spesimen holotipe hilang. Oleh karena itu, peneliti sistematika harus menentukan tipe pengganti dari koleksi non-asli yang memiliki karakteristik yang mirip dengan spesimen holotipe dan berasal dari lokasi yang sama atau dekat dengan lokasi tipe asli, jika memungkinkan. Spesimen pengganti ini disebut dengan **neotipe**. Pemilihan neotipe bertujuan supaya stabilitas nomenklatur tetap terjaga dan identitas takson dapat diverifikasi meskipun holotipe asli telah musnah (Eggli & Leuenberger, 2008; Simpson, 2019; Sosef *et al.*, 2020). Dalam melakukan pemilihan tipe, baik pada lektotipe dan neotipe, indikasi pemilihannya harus dinyatakan dengan '*designated here*' pada protolognya (Gambar 4.5). Dengan memahami prinsip tipifikasi dan berbagai jenis tipe, termasuk holotipe, lektotipe, neotipe, dan epitipe, peneliti biosistematika dapat memastikan identitas takson tetap jelas dan nama ilmiah digunakan secara stabil, meskipun materi asli hilang atau konsep takson berubah.

Taxonomic treatment

Types of *Caragana opulens* and its synonyms

Caragana opulens Kom., Trudy Imp. S.-Peterburgsk. Bot. Sada. 29: 208. 1908.

Type. CHINA. Kansu: Bara-Topra, 26 April 1880, *N.M. Przewalski* 42 (**lectotype** LE [barcode LE01024209, image!], **designated here**, Fig. 1). Remaining syntypes: CHINA. Kan-

Gambar 4. 5 Spesimen yang Ditetapkan Sebagai Lektotipe *Caragana Opulens* yang Ditandai dalam Protolog dengan Tulisan 'Designated Here' (Ditandai dengan Kotak)
(Sumber: Rather *et al.*, 2023)

4.5 Publikasi Efektif dan Validitas Nama

Stabilitas nama ilmiah merupakan fondasi dalam biosistematika, karena nama ilmiah berfungsi sebagai penghubung universal yang memungkinkan komunikasi ilmiah yang konsisten. Oleh karena itu, kode internasional tatanama organisme menetapkan aturan ketat mengenai bagaimana suatu nama “lahir” secara sah melalui proses publikasi efektif, publikasi valid, dan sah (Turland *et al.*, 2018; Turland *et al.*, 2024).

Sebelum digunakan sebagai identitas takson dalam ilmu pengetahuan, sebuah nama harus terlebih dahulu diterbitkan secara efektif, kemudian valid, dan selanjutnya dinilai legitimasinya berdasarkan prinsip-prinsip tatanama, termasuk prinsip prioritas (Singh, 2010). Terdapat empat kriteria utama untuk publikasi valid suatu nama yaitu (Simpson, 2019; Turland *et al.*, 2024):

1. Nama harus efektif diterbitkan melalui distribusi bahan cetak (melalui penjualan, pertukaran, atau pemberian) kepada publik umum atau setidaknya kepada lembaga-lembaga ilmiah yang memiliki perpustakaan yang dapat diakses secara umum. Sejak 1 Januari 2012, publikasi

efektif juga diakui melalui media cetak daring berekstensi .pdf yang dilengkapi dengan nomor ISSN atau ISBN. Meskipun bukan syarat nomenklatural, keberadaan *Digital Object Identifier* (DOI) dianggap sebagai standar ilmiah modern karena menjamin keterlacakan dan keberlanjutan akses data (Hariri, 2025);

2. Nama harus diterbitkan menggunakan bahasa Latin atau dilatinkan dan mencantumkan peringkat taksonnya di belakang nama spesies (misalnya *sp. nov.*, *gen. nov.*, *subsp. nov.*, *comb. nov.*, *nom. nov.*, *stat. nov.*);
3. Nama harus disertai dengan deskripsi atau diagnosis dalam bahasa Latin atau Inggris, atau mencantumkan rujukan ke diagnosis/deskripsi yang sudah ada. Diagnosis memberikan karakter pembeda (*differential characters*), sedangkan deskripsi berisi pertelaan ciri lengkap. Kedua komponen ini dapat disertai atau digantikan oleh rujukan eksplisit ke diagnosis atau deskripsi yang telah diterbitkan secara efektif sebelumnya. Sebelum tahun 2012, penulisan diagnosis harus dalam bahasa Latin mengacu pada Kode Melbourne (McNeill & Turland, 2011). Sejak 1 Januari 2012, penulisan diagnosis menggunakan bahasa Inggris. Elemen yang menyertai nama pada saat valid diterbitkan disebut protolog, yang mencakup diagnosis/deskripsi, tipe, ilustrasi yang dirujuk, sinonim, sitasi spesimen, data distribusi, dan diskusi taksonomi (Turland *et al.*, 2018);
4. Spesies baru yang diterbitkan harus memiliki tipe tatanama berupa spesimen herbarium sebagai acuan resmi, dan ini berlaku untuk tingkat spesies dibawahnya. Lokasi penyimpanan spesimen tipe harus dinyatakan dalam bentuk akronim herbarium yang dapat diakses melalui *Index Herbariorum* (Thiers-diperbarui, 2023). Tipe berfungsi sebagai rujukan tatanama permanen yang memastikan stabilitas interpretasi nama.

Publikasi nama genus baru mengikuti prinsip yang sama dengan publikasi nama spesies baru. Perbedaananya terletak pada penetapan tipe, di mana tipe untuk nama genus adalah satu spesies. Diagnosis genus harus menekankan ciri pemisah dari genus yang berkerabat dekat, dan dapat merujuk pada uraian sebelumnya yang telah diterbitkan secara efektif dan valid. Selama memenuhi syarat publikasi efektif, valid, dan legitimasi, nama genus baru diakui sebagai nama sah dalam sistem tatanama. Contoh protolog lengkap dan valid dapat dilihat pada Gambar 4.6, yang memuat komponen dasar berupa perlakuan taksonomi seperti nama baru, diagnosis, deskripsi, tipe, ilustrasi, dan informasi pendukung lainnya.

Di luar persyaratan dari kode internasional tatanama, artikel taksonomi modern umumnya mencakup beberapa elemen tambahan untuk memperkuat dokumentasi ilmiah dan memudahkan verifikasi di masa mendatang, di antaranya:

1. Nama takson baru beserta indikator nomenklatural (*sp. nov.*, *gen. nov.*);
2. Diagnosis morfologi yang membedakan dengan spesies terdekat;
3. Penetapan tipe (holotipe, isotipe, paratipe) beserta akronim herbarium penyimpanan;
4. Deskripsi morfologi lengkap;
5. Etimologi epitet spesifik atau nama genus;
6. Informasi distribusi geografis dan peta sebaran;
7. Ekologi dan habitat;
8. Status konservasi berdasarkan kriteria daftar merah IUCN;
9. Ilustrasi botani (foto dan/atau sketsa);
10. Tabel perbandingan dengan spesies berkerabat.

Komponen-komponen ini, meskipun tidak selalu wajib menurut kode tatanama, merupakan standar umum dalam jurnal sistematika bereputasi.

Pertelaan diagnosis menggunakan bahasa Inggris

Tipe spesimen dengan lokasi penyimpananny

Bosenbergia ganaensis N.F.Lam, sp. nov.
<https://doi.org/10.1111/phy.12733>
Figs 4, 5

Diagnosis. The new species resembles *B. burttiana* by having a narrowly ovate lamina and a similar plant height, but differs in having an obtuse leaf base, an acute leaf apex (vs. attenuate leaf base, slightly acuminate leaf apex), absence of ligule, a longer petiole (4 cm vs. 4–8 cm) and the anther thecae dehiscing by pores (vs. slit) (Table 2).

Type. *Malesia*. Borneo. Sabah. Cultivated at Kipandi Park, Moyog, 05°54'68"N, 116°06'27"E, 708 m elevation. 8 Aug 2016, *Lam Nyee Fan 348* (holotype BORHI, isotype SAN). Original material collected from Ranau, Gana-gana, by Linus Gokusing (BG-15), 05°53'16"N, 116°39'30"E, 700 m elevation, 2 February 2013.

Description. Terrestrial evergreen herb. **Rhizome** fibrous, subterranean, base ca. 0.4 cm in diameter, light brown, roots white, ca. 4 cm long. **Leafy shoots** ca. 14 cm tall, with 2–4 sheaths, ca. 3.5 × 2.5 cm, glabrous, green, margins entire. **Ligule** absent. **Petiole** 2.8–4 cm long, grooved, green. **Leafy shoots** 1–2. **Lamina** elliptic, 10–11.5 × 4–5.5 cm, dark green above, green beneath, glabrous, margin entire; base obtuse, apex acute with acumens ca. 1 mm. **Inflorescence** ca. 2.7 × 0.4 cm, peduncle ca. 0.35 cm with up to 10 flowers arranged in a one-sided spiral, one flower open at a time. **Fertile bracts** narrowly ovate, ca. 2.4 × 0.5 cm, white, outer and inner surfaces glabrous, almost translucent, margin entire, apex acute. **Bracteole** elliptic, ca. 1.8 × 0.5 cm, white, outer and

Nama ilmiah dengan tingkatan taksonnya yang merujuk pada spesies baru

Deskripsi lengkap spesies, ditulis menggunakan bahasa Inggris

Table 2. Distinguishing morphological characters of *B. ganaensis* and *B. burttiana*.

Characters	<i>B. ganaensis</i>	<i>B. burttiana</i>
Ligule	Absent	0.55 cm, acuminate, reddish, glabrous
Petiole	4 cm, green, grooved	1.0–1.8 cm, green, without winged
Lamina	Upper surface dark green	Upper surface light green
Leaf size	11.5 × 5.5 cm	12–20 × 1.5–3 cm
Leaf base	Obtuse	Attenuate
Leaf apex	Acute	Slightly acuminate
Bracts	2.4 cm long, white, narrowly ovate, almost translucent	4 cm long, cymbiform
Labellum	Yellow band from base in the middle, spreading to almost entire surface near apex with lighter yellow laterally, red bands from 2/3 of the centre yellow band towards side, 1.1 × 0.9 cm	White, with yellow in the centre, pink at the base, 2.5 × 2 cm
Lateral corolla lobe	Glabrous, white, 1.2 × 0.2 cm, emarginated, white with link pink ad yellowish at base, light pink patches towards lip	Slightly pubescent, pale yellow, 1.5 × 0.8 cm
Anther	reddish, pubescent	White, glabrous
Anther dehiscence	Pore	Slit
Stigma	Truncate	Rounded

Gambar 4. 6 Contoh Deskripsi Spesies Baru yang Dipublikasi Melalui Jurnal Ilmiah *Phytokeys* yang Dilengkapi dengan Komponen Berupa Nama Spesies Baru, Pertelaan Diagnosis dan Lengkap, dan Tipe. Singkatan Sp.Nov. Merupakan Jenis Baru (*Species Nova*)
(Sumber: Lam *et al.*, 2024)

4.6 Studi Kasus dan Penerapan Tatanama dalam Biosistematika

Penerapan tatanama dalam biosistematika berperan penting untuk menjamin bahwa setiap takson memiliki nama yang sah, stabil, dan digunakan secara konsisten oleh komunitas ilmiah. Melalui berbagai studi kasus, kita dapat melihat bagaimana informasi dari morfologi, anatomi, ekologi, hingga data molekuler saling melengkapi dalam proses penamaan. Interaksi berbagai jenis data ini membantu peneliti menetapkan nama yang valid sekaligus mencerminkan hubungan evolusioner suatu organisme secara lebih akurat. Dengan demikian, aplikasi tatanama menjadi landasan operasional yang menghubungkan hasil penelitian biosistematika dengan standar internasional penamaan takson, sehingga temuan ilmiah dapat diterapkan, dikomunikasikan, dan dibandingkan secara universal di berbagai bidang kajian biologi.

Revisi taksonomi. Revisi taksonomi merupakan proses kunci dalam biosistematika karena melalui kegiatan ini batas, hubungan, dan pola variasi suatu kelompok organisme ditinjau ulang berdasarkan data yang lebih lengkap. Menurut Maxted (1992) revisi dimulai dari penelusuran literatur untuk memahami sejarah penamaan dan permasalahan taksonomi, dilanjutkan dengan pemeriksaan spesimen herbarium, observasi lapangan, serta analisis karakter dari material hidup atau benih untuk memperoleh gambaran variasi yang komprehensif. Seluruh informasi ini kemudian dianalisis, baik secara fenetik maupun filogenetik, untuk mengidentifikasi kelompok ciri, menilai hubungan antar spesimen, serta menentukan apakah suatu takson perlu dipisah, disatukan, atau ditata ulang. Hasil analisis tersebut disintesis menjadi klasifikasi baru sebagai produk utama revisi dalam bentuk status baru seperti genus atau spesies baru, atau tingkatan spesies di bawahnya hingga kombinasi

baru. Sebagai contoh, *Sulettaria longituba* (Ridl.) A.D.Poulsen & Mathisen, **comb. nov.** yang merupakan spesies dari suku Zingiberaceae merupakan kombinasi baru dari spesies *Elettariopsis longituba* Ridl. (Poulsen *et al.* 2018). Nama Ridley tetap dicantumkan sebagai dasar pembuatan nama hasil kombinasi baru (ditandai dengan **comb. nov.** dibelakang nama *author* yang baru) yang masih berkaitan dengan stabilitas dan kejelasan sejarah penamaan, yang disebut dengan **basionim**.

Taxon reinstatement. Merupakan peristiwa ketika nama suatu takson yang sebelumnya diturunkan atau disinkronkan kembali diaktifkan karena bukti baru menunjukkan bahwa takson tersebut merupakan unit evolusioner yang sah. Salah satu contohnya adalah pembangkitan kembali genus *Hellwigia* Warb. dari suku Zingiberaceae (Senjaya *et al.* 2025). Pembangkitan nama ini didasarkan bahwa kelompok “*Carolinensis*” tidak sesuai ditempatkan dalam *Alpinia*, sehingga nama *Hellwigia*—yang merupakan nama tertua dan valid—perlu dipulihkan berdasarkan analisis morfologi dan molekuler. Proses ini disertai penyusunan kombinasi baru serta penetapan lektotipe untuk menjamin stabilitas dan kejelasan dari segi penamaannya.

Lektotipifikasi. Kasus ini umumnya ditemukan pada takson yang diterbitkan tanpa penunjukan holotipe yang jelas, atau ketika deskripsi awal merujuk pada beberapa spesimen sekaligus sehingga tidak ada satu pun yang berperan sebagai acuan utama. Situasi seperti ini banyak terjadi pada publikasi lama, termasuk pada era Linnaeus, ketika standar tipifikasi belum diterapkan secara ketat. Tanpa penetapan tipe yang pasti, interpretasi ciri suatu takson dapat berbeda antara peneliti dan berpotensi menimbulkan ketidakstabilan nama (Rao *et al.* 2017; Turland *et al.*, 2018). Dalam studi tipifikasi, peneliti menelusuri kembali seluruh materi yang disebutkan dalam protolog,

kemudian menilai kelengkapan karakternya, kesesuaiannya dengan deskripsi asli, serta ketersediaannya di herbarium. Dari kumpulan sintipe tersebut, dipilih satu spesimen yang paling representatif dan paling mencerminkan konsep penulis pertama untuk ditetapkan sebagai lektotipe. Penetapan ini memberikan dasar pemberian nama yang tegas, sehingga nama takson tersebut memiliki acuan tunggal yang jelas dan penggunaannya dapat menjadi lebih stabil serta bebas dari keraguan interpretatif (Bouman *et al.*, 2019; Kumar, 2020; Damayanto *et al.* 2023; Tavilla *et al.*, 2023).

Rejected name. Kasus penolakan nama dalam biosistematika menunjukkan bagaimana komunitas taksonomi menolak nama lama yang dinilai dapat mengganggu stabilitas penamaan berdasarkan aturan kode internasional tatanama. Mengacu pada McNeill *et al.* (2015), setiap usulan penolakan nama harus disertai alasan ilmiah yang kuat, mulai dari riwayat penggunaan nama, keberadaan dan kejelasan tipe, hingga potensi dampak penggunaan nama yang diusulkan apabila nama tua tersebut kembali diberlakukan. Panduan ini menegaskan bahwa penolakan nama bukanlah tindakan administratif semata, tetapi keputusan berbasis bukti yang bertujuan menjaga konsistensi penggunaan nama yang sudah mapan dalam literatur sistematik, ekologi, dan konservasi. Oleh karena itu, nama yang ditolak ini menjadi instrumen penting dalam biosistematika untuk memastikan bahwa penamaan takson tetap stabil, sejalan dengan pemahaman evolusioner terkini, dan tidak menimbulkan kebingungan ketika revisi filogenetik memunculkan kembali nama-nama historis yang secara prioritas lebih tua namun tidak lagi relevan secara biologis.

DAFTAR PUSTAKA

- Bisby, F. A. 1994. Plant names in botanical databases. In: Pankhurst, R. & Stuessy, D.F. (eds) *Manual of Systematic Botany*. Springer, pp. 219–243.
- Bouman, R. W., Kessler, P. J. A., van Welzen, P. C. 2019. Lectotypification and amended description of *Phyllanthus* (Phyllanthaceae) species described by Koorders from Sulawesi, Indonesia. *Reinwardtia*, 18(2), 97–103.
<https://doi.org/10.14203/reinwardtia.v18i2.3781%20>.
- Boyce, P. C., Wong, S. Y., Fasihuddin, B. A. 2010. Studies on *Homalomeneae* (Araceae) of Borneo II: The *Homalomena* of Nanga Sumpa (Batang Ai) – Novel and pre-existing taxa, and notes on Iban Usages. *Gardens' Bulletin Singapore*, 61 (2), 269–317.
- Brickell, C.D., Alexander, C., David, J.C., Hetterscheid, W.L.A., Leslie, A.C., Malécot, V. and Cubey, J.J. (eds.) (2016) *International Code of Nomenclature for Cultivated Plants*. 9th ed. Leuven: International Society for Horticultural Science.
- Brummitt, R. K., Powell, C. E. 1992. *Authors of Plant Names*. Kew: Royal Botanic Gardens.
- Cain, A. J. 2025. *The Linnaean system*. Retrieved November 11, 2025, from <https://www.britannica.com/science/taxonomy/The-Linnaean-system>.
- Calisher, C. H. 2007. Taxonomy: what's in a name? doesn't a rose by any other name smell as sweet?. *Croatian Medical Journal*, 48(2), 268–270.

- Connolly, B. A. (2009). × *Sorbaronia fallax* (Rosaceae): a new record of an intergeneric hybrid in connecticut. *Rhodora*, 111(945), 123–125. <http://www.jstor.org/stable/23314197>.
- Craven, L. A., Barrett, R. L., Barrett, M. D. 2016. Three new species and one new combination in *Hibiscus* (Malvaceae). *Muelleria: An Australian Journal of Botany*, 35, 3–14. <https://doi.org/10.5962/p.291981>.
- Damayanto, I. P. G., Rustiami, H., Miftahudin, Chikmawati, T. 2023. The typification of *Gigantochloa taluh* Widjaja & Astuti (Poaceae, Bambusoideae). *Reinwardtia*, 22(1), 31–35. <https://dx.doi.org/10.55981/reinwardtia.v22i1.4567>
- de Candolle, A. P. 1813. *Théorie élémentaire de la Botanique*. Paris: Déterville. Retrieved from <https://www.biodiversitylibrary.org/>.
- de Oliveira, R. P., Longhi-Wagner, H. M., Renvoize, S. A. 2009. Some lectotypifications in the tribe Olyreae (Poaceae: Bambusoideae). *Kew Bulletin*, 64(4), 735–738. <http://www.jstor.org/stable/27821998>
- de Queiroz, K. 2012. Biological Nomenclature from Linnaeus to the PhyloCode. In Bell, C. J. (ed), *The Herpetological Legacy of Linnaeus: A Celebration of the Linnaean Tercentenary*, *Bibliotheca Herpetologica* 9(1–2): 135–145.
- Eggl, U., Leuenberger, B. E. 2008. Type specimens of *Cactaceae* names in the Berlin Herbarium (B). *Willdenowia*, 38(1), 213–280. <https://doi.org/10.3372/wi.38.38116>.
- Gavade, S. K., Surveswaran, S., van der Maesen, L. J. G., Lekhak, M. M. 2019. Taxonomic revision and molecular phylogeny of *Flemingia* subgenus *Rhynchosioides*

- (*Leguminosae*). *Blumea*, 64, 253–271.
<https://doi.org/10.3767/blumea.2019.64.03.06>.
- Hariri, M. R., Irsyam, A. S. D., Setiawan, A. B., Setiawan, E., Irwanto, R. R., Atria, M. 2021. Identifikasi molekuler dan karakterisasi morfologi *Kamandin Saebo*, tumbuhan obat dari Pulau Madura. *Biotika: Jurnal Ilmiah Biologi*, 19(2), 41–48.
<https://doi.org/10.24198/biotika.v19i2.35627>.
- Haevermans, T., Nguyen, B. L., Gurgand, J., Haevermans, A., Dransfield, S., Diep, M. H. 2013. Clearing up *Vietnamosasa* (Poaceae, Bambusoideae): typification and nomenclature of a distinctive paleotropical bamboo genus. *Phytotaxa*, 137(1), 57–60.
<http://dx.doi.org/10.11646/phytotaxa.137.1.7>.
- Hariri, M. R. 2025. Tatanama Tumbuhan. Dalam Oktavianus (ed). *Botani*. Padang: Get Press Indonesia.
- Heller, A. 1912. *Cryptantha decipiens* (M.E. Jones) A.Heller. *Muhlenbergia*, 8: 48.
- International Commission on Zoological Nomenclature [ICZN]. 1961. *International Code of Zoological Nomenclature*. London: International Trust for Zoological Nomenclature.
- ICZN. 1999. *International Code of Zoological Nomenclature. Fourth Edition*. London: Internasional Trust for Zoological Nomenclature.
- Irsyam, A. S., Hariri, M. R., & Setiawan, A. A. 2025. *Homalomena renda* (Araceae), a remarkable new species from the rainforests of Jambi, Sumatra. *Webbia*, 80(2), 249–252.
<https://doi.org/10.36253/jopt-17435>.

- Jebb, M., & Cheek, M. (1997). A skeletal revision of *Nepenthes* (Nepenthaceae). *Blumea: Biodiversity, Evolution and Biogeography of Plants*, 42(1), 1–106.
- Kumar, A. 2020. Notes on the typification of five names in *Lauraceae*. *Thai Forest Bulletin (Botany)*, 48(2), 142–144. <https://doi.org/10.20531/tfb.2020.48.2.07>.
- Krauss, O. 2008. The Linnean foundations of zoological and botanical nomenclature. *Zootaxa*, 1950: 9–20. <https://doi.org/10.11646/zootaxa.1950.1.4>.
- Lam, N. F., Ibrahim, H., Sam, Y. Y., Zakaria, R. M., Poulsen, A. D. 2024. Three new species of *Boesenbergia* (Zingiberaceae) from Sabah, Malaysia. *PhytoKeys*, 247: 39–53. <https://doi.org/10.3897/phytokeys.247.107961>.
- Linnaeus, C. 1753. *Species plantarum*. Holmiae (Stockholm): Laurentii Salvii.
- Linnaeus, C. 1758. *Systema Naturae per regna tria naturae, secundum classes, ordines, genera, species, cum characteribus, differentiis, synonymis, locis (10th ed.)*. Holmiae (Stockholm): Laurentii Salvii.
- Macbride, J. F. 1916. *Amsinckia lemmonii*. *Contributions from the Gray Herbarium*, 48, 50.
- Mayr, E. 1982. *The Growth of Biological Thought: Diversity, Evolution, and Inheritance*. London: The Belknap Press of Harvard University Press Cambridge.
- Maxted, N. 1992. Towards defining a taxonomic revision methodology. *Taxon*, 41: 653–660. <https://doi.org/10.2307/1222391>.
- McNeill, J. 2000. Naming the groups: developing a stable and efficient nomenclature. *Taxon*, 49, 705–720. <https://doi.org/10.2307/1223972>.

- McNeill, J., Turland, N. J. 2011. XVIII INTERNATIONAL BOTANICAL CONGRESS. Major changes to the *Code of Nomenclature*—Melbourne, July 2011. *Taxon*, 60(5), 1495–1497.
- McNeill, J., Redhead, S. A., Wiersema, J. H. 2015. Guidelines for proposals to conserve or reject names. *Taxon*, 64(1), 163–166.
- Müller-Wille, S. 2025. *Classification by “natural characters” of Carolus Linnaeus*. Retrieved November 11, 2025, from <https://www.britannica.com/biography/Carolus-Linnaeus/Classification-by-natural-characters#ref273184>.
- Nicolson, D. H. 1991. A history of botanical nomenclature. *Annals of the Missouri Botanical Garden*, 78(1), 33–56. <https://doi.org/10.2307/2399589>.
- Parker, C. T., Tindall, B. J., Garrity, G. M. 2019. International Code of Nomenclature of Prokaryotes. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 69(1), S1–S111. <https://doi.org/10.1099/ijsem.0.000778>.
- Poulsen, A. D., Mathisen, H. B., Newman, M. F., Ardiyani, M., Lofthus, Ø., BJORÅ, C. S. 2018. *Sulettaria*: A new ginger genus disjunct from *Elettaria cardamomum*. *Taxon*, 67(4), 725–738. <https://www.jstor.org/stable/26826728>.
- Promprom, W., Munglue, P., Chatan, W. 2024. *Zingiber baumii* Chatan & Promprom: a new species of Zingiberaceae from Thailand. *Ecology and Evolution*, 14(10), 1–7. <https://doi.org/10.1002/ece3.70449>.
- Rather, S. A., Kumar, A., Liu, H. 2023. Lectotypification and nomenclature notes of the name *Caragana opulens* (Fabaceae, Papilionoideae)

- and its synonyms. *PhytoKeys*, 226: 79–87. <https://doi.org/10.3897/phytokeys.226.104110>.
- Rifai, M. A. 1973. *Kode Internasional Tatanama Tumbuhan-tumbuhan*. Bogor: Herbarium Bogoriense.
- Rifai, M. A. 2015. *Asas-Asas Sistematika Biologi*. Bogor: Herbarium Bogoriense.
- Rao, M. K. V. 2018. Type concept and its importance in plant nomenclature. *Journal of Economic and Taxonomic Botany*, 41(3-4), 91–94.
- Rather, S. A., Kumar, A., Liu, H. 2023. Lectotypification and nomenclature notes of the name *Caragana opulens* (Fabaceae, Papilionoideae) and its synonyms. *PhytoKeys*, 226, 79–87. <https://doi.org/10.3897/phytokeys.226.104110>.
- Rodda, M. 2017. Index of names and types of *Hoya* (Apocynaceae: Asclepiadoideae) of Borneo. *The Gardens' Bulletin, Singapore*, 69, 33–65. <https://doi.org/10.26492/GBS69%281%29.2017-02>.
- Rhodin, A. G. J., Carr, J. L. 2009. A quarter millenium of uses and misuses of the turtle name *Testudo scabra*: identification of the type specimens of *T. scabra* Linnaeus 1758 (= *Rhinoclemmys punctularia*) and *T. scripta* Thunberg in Schoepff 1792 (= *Trachemys scripta scripta*). *Zootaxa*, 2226, 1–18. <https://doi.org/10.11646/zootaxa.2226.1.1>.
- Senjaya, S. K., Poulsen, D. A., Ardhiyanti, M., Cronk, Q. C. B. 2025. Reinstatement of *Hellwigia* Warb. (Zingiberaceae) and its molecular and morphological delimitation. *PhytoKeys*, 261: 233–273. <https://doi.org/10.3897/phytokeys.261.151948>.

- Silalahi, M. 2017. *Diktat Sistematika Tumbuhan Tinggi*. Jakarta: Biologi FKIP UKI.
- Simpson, M. G. 2019. *Plant Systematics. Third Edition*. Oxford: Academic Press.
- Singh, G. 2010. *Plant Systematics: An Integrated Approach. Third Edition*. United States of America: Science Publishers.
- Sivarajan, V. V. 1991. *Introduction to The Principles of Plant Taxonomy. Second Edition*. New Delhi: Oxford & IBH Publishing Co. Pvt. Ltd.
- Smith, C. H. 2005. *Chrono-biographical sketch: Augustin-Pyramus de Candolle (Switzerland–France 1778-1841)*. Retrieved November 11, 2025, from <https://people.wku.edu/charles.smith/chronob/CAN D1778.htm>.
- Sosef, M. S. M., Degreef, J., Engledow, H., Meerts, P. 2020. *Botanical Classification and Nomenclature: An Introduction*. Belgium: Meise Botanic Garden.
- Stafleu, F. A., Cowan, R. S. 1976. *Taxonomic literature: A selective guide to botanical publications and collections with dates, commentaries and types. Volume 1: A-G*. Utrecht: Bohn, Scheltema & Holkema.
- Stearn, W. T. 1959. The background of Linnaeus's contributions to the nomenclature and methods of systematic biology. *Systematic Zoology*, 8(1), 4–22. <https://doi.org/10.2307/sysbio/8.1.4>.
- Stuessy, T. F. 2009. *Plant Taxonomy: The Systematic Evaluation of Comparative Data. Second Edition*. New York: Columbia University Press.
- Tavilla, G., Brullo, S., Minissale, P., Cambria, S., Sennikov, A. N. 2023. Lectotypification of *Anthemis aetnensis*

- (Asteraceae). *Novon*, 31, 262–265.
<https://doi.org/10.3417/2023864>.
- Thiers, B. M. 2023. *Index herbariorum* [online]. Retrieved from <https://sweetgum.nybg.org/science/ih/>.
- Tautz, D., Arctander, P., Minelli, A., Thomas, R. H., Vogler, A. P. 2003. A plea for DNA taxonomy. *TRENDS in Ecology and Evolution*, 18(2), 91–100.
[https://doi.org/10.1016/S0169-5347\(02\)00041-1](https://doi.org/10.1016/S0169-5347(02)00041-1).
- Turland, N. J., Wiersema, J. H., Barrie, F. R., Greuter, W., Hawksworth, D. L., Herendeen, P. S., Knapp, S., Kusber, W.-H., Li, D.-Z., Marhold, K., May, T. W., McNeill, J., Monro, A. M., Prado, J., Price, M. J. & Smith, G. F. (eds.) 2018: *International Code of Nomenclature for algae, fungi, and plants (Shenzhen Code) adopted by the Nineteenth International Botanical Congress Shenzhen, China, July 2017*. Regnum Vegetabile 159. Glashütten: Koeltz Botanical Books. DOI <https://doi.org/10.12705/Code.2018>.
- Turland, N.J., Wiersema, J.H., Barrie, F.R., Gandhi, K.N., Gravendyck, J., Greuter, W., Hawksworth, D.L., Herendeen, P.S., Kloppe, R.R., Knapp, S., Kusber, W.-H., Li, D.-Z., May, T.W., Monro, A.M., Prado, J., Price, M.J., Smith, G.F. & Zamora Señoret, J.C. 2025. *International Code of Nomenclature for algae, fungi, and plants (Madrid Code)*. Regnum Vegetabile 162. Chicago: University of Chicago Press.
<https://doi.org/10.7208/chicago/9780226839479.01.0001>.
- Wang, J., Chen, H., Hsu, T., Hung, K., Huang, C. 2024. A taxonomic revision of the genus *Angelica* (*Apiaceae*) in Taiwan with a new species *A. aliensis*. *Botanical Studies*, 65(3), 1–18.
<https://doi.org/10.1186/s40529-023-00407-7>.

- Winston, J. E. 1999. *Describing Species: Practical Taxonomic Procedure for Biologists*. New York: Columbia University Press.
- Winston, J. E. 2018. Twenty-first century biological nomenclature—the enduring power of names. *Integrative and Comparative Biology*, 58(6), 1122–1131. <https://doi.org/10.1093/icb/icy060>.

BAB 5

KONSEP SPESIES

Spesies merupakan unit fundamental dalam memahami biodiversitas. Dalam pemahaman dan penentuan spesies, diperlukan adanya gagasan universal mengenai batasan-batasan suatu makhluk dapat dikatakan sebagai satu spesies, sehingga teretuslah konsep spesies. Terdapat berbagai macam konsep spesies yang telah dikemukakan, namun pada bab ini akan disampaikan konsep spesies yang paling banyak digunakan atau diperdebatkan. Seperti yang disampaikan oleh Mayr, "There is probably no other concept in biology that has remained so consistently controversial as the species concept".

5.1 Definisi Spesies

Sebelum membahas mengenai berbagai konsep spesies secara lebih dalam, perlu diperjelas lagi definisi dari kata spesies. Spesies tidak hanya berarti sebagai suatu organisme yang akan membentuk populasi ketika berada pada lingkup dan waktu yang bersamaan. Namun kata "spesies" memiliki tiga definisi sesuai dengan posisinya, yaitu sebagai konsep, sebagai kategori, dan sebagai takson.

5.1.1 Spesies sebagai Konsep

Konsep spesies merujuk kepada arti spesies di alam dan peranannya (Mayr, 2010), merupakan "gagasan universal" yang digunakan untuk merancang dan

menetapkan pandangan terhadap unit pada kategori spesies (Adisoemarto, 2008).

5.1.2 Spesies sebagai Takson

Spesies sebagai takson merupakan objek, suatu kumpulan populasi yang tersebar dalam bentang geografis, serta memenuhi definisi atau kriteria pada konsep spesies (Mayr, 2010). Takson spesies merupakan unit yang ada dalam sistematika (Adisoemarto, 2008). Contoh spesies sebagai takson yaitu *Homo sapiens* yang menunjukkan spesies manusia.

5.1.3 Spesies sebagai Kategori

Spesies sebagai kategori merupakan definisi spesies pada tingkatan dalam hierarki klasifikasi Linnaean yang diberikan pada suatu takson (Mayr, 2010). Perlu diketahui bahwa "kategori" pada hierarki Linnaean adalah tingkatan pada klasifikasi yang dimulai dari Kingdom, Filum/Divisi, Kelas, dan seterusnya hingga Spesies. Kata spesies pada tingkatan klasifikasi tersebut menunjukkan definisi spesies sebagai kategori.

5.2 Awal Mula Istilah "Spesies"

Penerimaan istilah spesies disampaikan oleh John Ray pada karyanya berjudul *Historia Plantarum*, yang mendefinisikan spesies sebagai kelompok tumbuhan yang benar-benar berkembang biak di dalam batas-batas variasi mereka. Selanjutnya, dalam *Species Plantarum*, Linnaeus mendeskripsikan sekitar 5.900 spesies tumbuhan berdasarkan sistem natural, khususnya struktur tumbuhan dan karakter seksual (Aldhebiani, 2018). Bagi Linnaeus, spesies merupakan tingkatan organisme terendah di klasifikasinya (Claridge *et al.*, 1997). Konsep Linnaeus ini

mudah, aplikatif, dan diterima secara luas. Ray maupun Linnaeus mempercayai bahwa di antara variasi intraspesifik yang muncul secara alami, terdapat tipe yang tetap dan tidak berubah dari setiap spesies (Aldhebiani, 2018).

Darwin, bersama dengan Wallace, menyatakan bahwa spesies sebagai unit fundamental dari evolusi, yaitu hasil dari spesiasi. Spesies dapat terbentuk secara cepat bila terdapat kondisi yang mendukung, serta spesies mungkin akan tetap tidak berubah apabila suatu kondisi tersebut hilang. Spesies yang saat ini ada dianggap sebagai bagian akhir dari suatu garis keturunan (Aldhebiani, 2018; Claridge *et al.*, 1997).

Selanjutnya pada 1920 suatu ilmu baru muncul, genetika. Ilmu ini berfokus pada ekspresi dan perangkat gen dari populasi serta bagaimana perangkat tersebut bertahan atau berubah. Adanya ilmu genetika merupakan kontribusi yang sangat besar pada pemahaman mengenai evolusi suatu spesies. Sejak saat itu, banyak konsep spesies berkembang.

5.3 Konsep Spesies Tipologi

Konsep spesies tipologi menyatakan bahwa spesies bersifat konstan dan memiliki ciri khusus yang membedakannya dengan spesies lain (Mayr, 2010), sehingga spesies adalah kumpulan individu yang statis (Adisoemarto, 2008). Variasi yang muncul dianggap sebagai sebuah ketidak sempurnaan suatu spesies (Mayr & Ashlock, 1991). Meskipun konsep spesies tipologi sederhana, namun konsep spesies ini menemui kendala ketika adanya populasi alam simpatrik yang tidak mampu saling kawin, meskipun tidak memiliki perbedaan morfologi yang mencolok (Mayr, 2010).

5.4 Konsep Spesies Biologi

Konsep spesies Biologi, dipopulerkan oleh Ernst Mayr, seorang Zoologis sekaligus Evolusioner Biologis, dan didukung oleh Theodosius Dodzhansky, seorang ahli genetika. Pada konsep ini, suatu spesies merupakan kelompok populasi alami yang mampu saling kawin tanpa berdasarkan pada persamaan morfologi, dan terisolasi secara reproduktif dari kelompok-kelompok lain (Mayr & Ashlock, 1991; Mayr, 2010; Aldhebiani, 2018; UC Museum of Paleontology, 2026a). Spesies dianggap sebagai kumpulan lungkang gen (*gene pools*), yaitu gen yang beradaptasi bersama, serta terisolasi dari kumpulan gen lain (Mayr & Ashlock, 1991; Adisoemarto, 2008).

Spesies secara reproduktif terisolasi memiliki pengertian bahwa terdapat perangkat yang menghalangi terjadinya perkawinan secara alami di luar spesies serta menghalangi adanya percampuran gen antar spesies (Adisoemarto, 2008; Aldhebiani, 2018). Pada konsep spesies biologi, bentuk morfologi tidak selamanya menjadi batasan dalam penentuan spesies. Pembatas spesies hanyalah kemampuan melakukan reproduksi, sehingga konsep ini lebih sering diterapkan pada organisme dengan reproduksi seksual.

Konsep spesies biologi memungkinkan adanya variasi morfologi dalam satu spesies, misalnya adanya polimorfisme (Gambar 5.1), maupun dimorfisme berdasarkan perbedaan kelamin (Gambar 5.2).



Gambar 5. 1 Satu Spesies Laba-Laba, *Selkirkiella alboguttata*, dengan Enam Variasi Morfologi
(Sumber: Cotoras *et al.*, 2016)



Gambar 5. 2 Terlihat Berbeda Namun Sejenis, *Papilio polytes*. (A) Jantan; (B) Betina
(Sumber: Sari *et al.*, 2023)

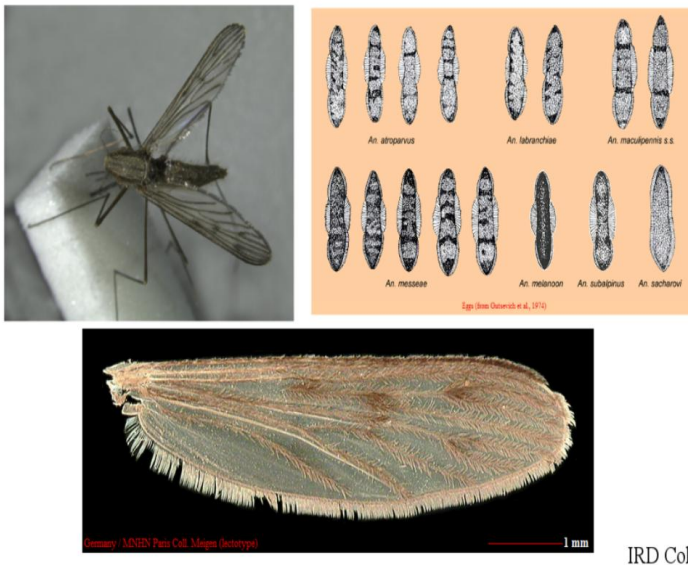
Selain itu, perbedaan lingkungan juga dapat menyebabkan perbedaan morfologi pada satu spesies yang sama. Misalnya bunga *Hydrangea* memiliki bunga, yang sebenarnya merupakan modifikasi daun, berwarna merah atau biru. Perbedaan itu tidak lantas menjadikan mereka dua spesies yang berbeda. Pada kenyataannya, bunga biru akan menjadi merah saat terjadi perubahan pH tanah dan jumlah aluminum yang diperoleh (UC Museum of Paleontology, 2026a).

Lebih jauh mengenai konsep spesies Biologi, dimana penampilan luar bukanlah batasan dari spesies. Beberapa di antaranya yaitu adanya spesies sibling dan variasi intraspesies.

5.4.1 Spesies Sibling

Spesies sibling merupakan spesies dengan morfologi yang identik, namun tak saling kawin. Spesies ini biasanya menunjukkan perbedaan secara genetis, perilaku, dan ekologis sehingga memunculkan adanya isolasi reproduksi. Spesies sibling akan sangat susah dipisahkan secara taksonomi karena tidak adanya batasan dalam morfologi.

Contoh spesies sibling yang terkenal yaitu spesies nyamuk yang menyangkut kasus malaria di Eropa (Gambar 5.3). Awalnya, kasus malaria dianggap diakibatkan oleh satu spesies nyamuk sebagai vektor, *Anopheles maculipennis*. Hingga diketahui bahwa terdapat lebih dari enam spesies nyamuk yang tidak semuanya menjadi vektor penyebab malaria. Spesies-spesies tersebut memiliki perbedaan dalam hal perilaku, inang sumber pakan, macam air yang dihuni, maupun ciri pola telur. Hingga akhirnya dinyatakan sebagai spesies kompleks *Anopheles maculipennis* s.l., yang terdiri dari *Anopheles maculipennis* s.s., *Anopheles atroparvus*, *Anopheles labranchiae*, *Anopheles sacharovi*, *Anopheles messeae*, *Anopheles beklemishevi*, *Anopheles daciae*, dan *Anopheles melanoon* (Adisoemarno, 2008; Mayr, 2010; Gunay *et al.*, 2019; ECDC Europe, 2023).



IRD Coll.

Gambar 5. 3 Nyamuk *Anopheles maculipennis* s.l. Dewasa dengan Morfologi yang Identik dan Perbedaan Morfologi Berupa Corak Pada Telur Berbeda Spesies
(Sumber: Gunay *et al.*, 2019)

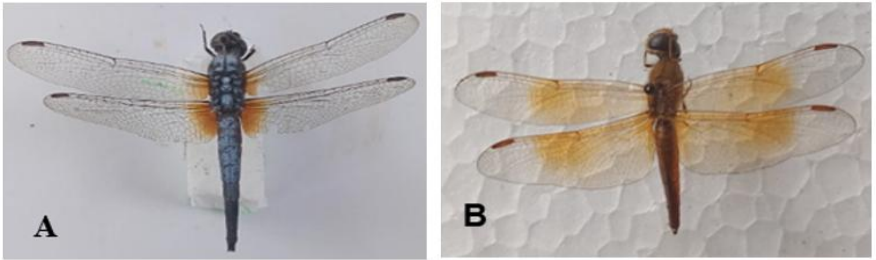
Contoh lain spesies berbeda yang memiliki "penampilan" identik yaitu burung *Sturnella neglecta* dan *Sturnella magna* (Gambar 5.4). Kedua burung ini menjadi berbeda spesies akibat ketidakmampuan mereka untuk melakukan kawin silang yang diakibatkan oleh adanya isolasi reproduksi (UC Museum of Paleontology, 2026a).



Gambar 5. 4 *Sturnella neglecta* dan *Sturnella magna* dengan Penampilan yang Identik, Namun Terisolasi Secara Reproduksi Akibat Perbedaan Pola Kicauan
(Sumber: UC Museum of Paleontology, 2026)

5.4.2 Variasi Intraspecies

Variasi intraspecies yaitu adanya perbedaan morfologi dalam satu spesies, diantaranya yaitu adanya dimorfisme seksual (Gambar 5.2 dan Gambar 5.5), polimorfisme (Gambar 5.1), variasi individu berdasarkan tahapan hidup (Gambar 5.7), serta variasi berdasarkan sosial (Gambar 5.3). Adanya konsep spesies biologi memungkinkan identifikasi yang akurat untuk makhluk hidup dengan variasi dalam satu spesies.



Gambar 5. 5 Spesies Dimorfisme Menunjukkan Adanya Dua Pola Morfologi dalam Satu Spesies, *Brachydiplax chalybea*, (A) Jantan; (B) Betina
(Sumber: Asrori *et al.*, 2023)



Gambar 5. 6 Perbedaan Morfologi Kupu-Kupu *Cyrestis themire* Berdasarkan Tahapan Hidupnya Yang Menunjukkan Adanya Metamorfosis Sempurna
(Sumber: Wafa & Sari., 2018)



Gambar 5. 7 Perbedaan Morfologi Rayap *Nasutitermes* Berdasarkan Kasta. (A) Prajurit; (B) Pekerja
(Sumber: Jamil *et al.*, 2017)

Meskipun konsep spesies biologi sederhana dalam aplikasinya, serta menyediakan kerangka konseptual mengenai spesiasi, namun konsep ini memiliki beberapa kesulitan yang dihadapi dalam penerapannya, di antaranya adanya hibridisasi, spesies aseksual dan ring spesies.

5.4.3 Hibridisasi

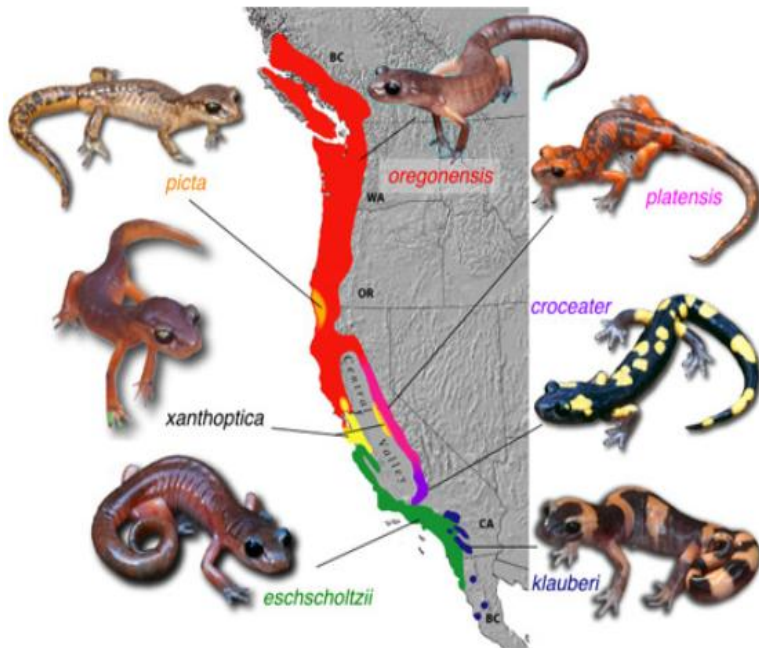
Hibridisasi didefinisikan sebagai persilangan antara dua spesies yang berbeda, terjadi akibat mekanisme isolasi reproduksi yang tidak efisien (Mayr, 2010). Hibridisasi akan menyebabkan transfer gen dari satu spesies ke genom spesies lain. Kesulitan akibat adanya hibridisasi yaitu dalam penentuan batas spesies, seberapa jauh hibrid yang dihasilkan (Adisoemarto, 2008).

5.4.4 Spesies Aseksual

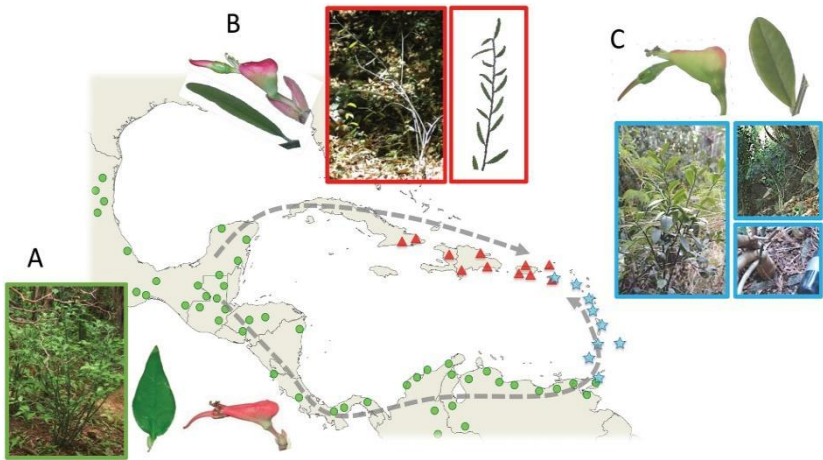
Konsep spesies biologi tidak berlaku bagi organisme dengan reproduksi aseksual, misalnya bakteri (Adisoemarto, 2008). Pada spesies aseksual, biasanya organisme bersifat uniparental dan tidak terjadi adanya fertilisasi (Mayden, 1997). Banyak mikroorganisme yang tidak melakukan pertukaran gamet, spesies-spesies ini dikenal dengan istilah agamospesies (Claridge *at al.*, 1997). Misalnya, Eubakteria dan Arkaea, yang saat ini dimasukkan dalam kingdom yang berbeda, cukup sering melakukan pertukaran gen melalui transfer lateral (Mayr, 2010). Penentuan spesies ini yang tidak mampu dilakukan melalui konsep spesies biologi.

5.4.5 Ring Spesies

Ring spesies atau spesies lingkaran merupakan spesies dengan populasi yang hidup bersinambungan membentuk lingkaran secara distribusi geografi. Spesies yang berdampingan memiliki morfologi yang mirip dan mampu bereproduksi, tetapi populasi di ujung menunjukkan adanya akumulasi perubahan bertahap dalam proses spesiasi sehingga membentuk dua garis keturunan yang terisolasi secara reproduktif dan memiliki morfologi yang berbeda (UC Museum of Paleontology, 2026a; UC Museum of Paleontology, 2026b). Spesies lingkaran yang populer yaitu spesies salamander *Ensatina* yang tersebar di California (Gambar 5.6), serta spesies lingkaran dari tumbuhan Genus *Euphorbia* (Gambar 5.7).



Gambar 5. 8 Salamander Genus *Ensatina*, Merupakan Contoh Ring Species yang Populer. Spesies Berdampingan Mampu Bereproduksi (Misalnya Antara *E. xanthoptica* Dengan *E. eschscholtzii* Atau Antara *E. oregonensis* Dengan *E. croceator*), Namun Spesies yang Terdapat di Ujung Persebaran Mengakumulasi Perubahan Bertahap Sehingga Membentuk Dua Garis Keturunan yang Tidak Mampu Saling Kawin (*E. eschscholtzii* Dengan *E. klauberi*)
(Sumber: UC Museum of Paleontology, 2026)



Gambar 5. 9 Persebaran Spesies *Euphorbia tithymaloides* dari Populasi di Daratan Utama (A), Berevolusi Secara Divergen Menjadi Dua Garis Keturunan Populasi (B dan C) yang Memiliki Karakter Morfologi, Ekologi dan Genetik yang Berbeda.

(Sumber: Rosa *et al.*, 2024)

5.5 Konsep Spesies Pengenalan

Konsep spesies pengenalan oleh Hugh Paterson. Pada konsep ini, spesies merupakan populasi individual biparental yang mampu mengenali pasangan kawinnya (Adisoemarto, 2008). Meskipun terdapat penghalang diantaranya, namun jika organisme tersebut saling mengenali, maka dapat dikatakan sebagai satu spesies (UC Museum of Paleontology, 2026c).

Konsep spesies ini sebenarnya merupakan bagian dari konsep spesies biologi yang lebih mengutamakan pada koherensi reproduksi. Namun, konsep ini lebih menekankan pada "mekanisme pengenalan", dibandingkan penggunaan "mekanisme isolasi" yang terdapat pada spesies konsep

biologi. Hal ini dikarenakan yang mendasari spesies adalah kompatibilitas prazigotik, yang terdiri dari sinyal perkawinan dan fertilisasi (Mallet *et al.*, 2022). Konsep spesies ini juga seperti konsep spesies biologi yang mengalami kendala ketika adanya spesies aseksual dan spesies alopatrik (Adisoemarto, 2008).

5.6 Konsep Spesies Fenetik

Status spesies pada konsep ini ditentukan berdasarkan kadar perbedaan fenotipik (UC Museum of Paleontology, 2026c). Istilah fenetik diterapkan pada sistem klasifikasi yang bergantung pada kesamaan sifat-sifat organisme saat ini tanpa memperhitungkan bagaimana cara spesies tersebut memperolehnya secara evolusioner.

Secara praktik, konsep spesies fenetik mengukur sebanyak mungkin karakter pada organisme. Selanjutnya dilakukan klasterisasi secara fenetik dengan statistik multivariat. Sumber data pendekatan fenetik berdasarkan pada morfologi, sitologi, fitokimia, anatomi, embriologi, dan bahkan beberapa ciri genetik (Aldhebiani, 2018). Konsep ini dikembangkan untuk mendukung taksonomi numerikal, dimana taksa didefinisi berdasarkan kriteria non-evolusioner (Adisoemarto, 2018).

Kesalahan klasifikasi dengan konsep fenetik mungkin dapat terjadi bila menyangkut kasus-kasus polimorfisme, namun konsep spesies fenetik sangat berguna dalam bidang yang berkaitan dengan sistematika bakteri, yang terbukti dengan adanya pengobatan tepat terhadap penyakit yang disebabkan oleh patogen (Adisoemarto, 2008).

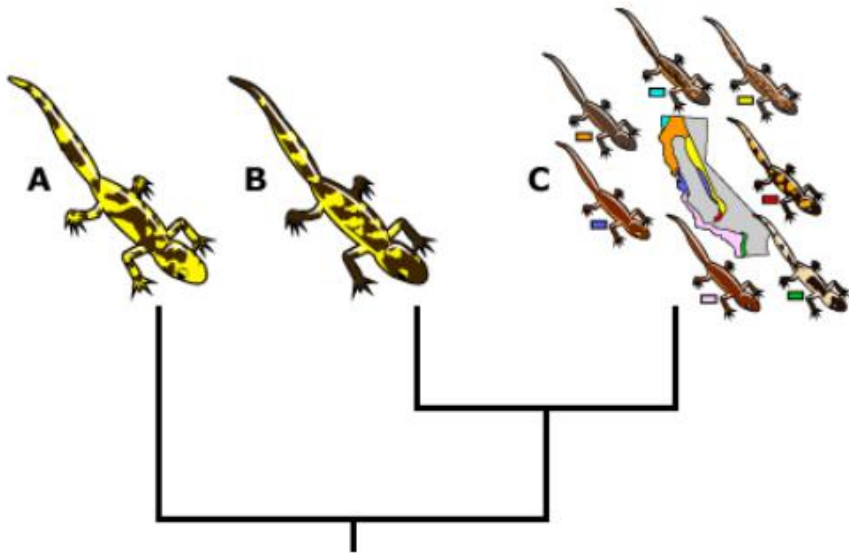
5.7 Konsep Spesies Evolusi

Konsep spesies evolusi oleh G.G. Simpson. Pada konsep ini, spesies didefinisikan sebagai satu garis keturunan (populasi moyang - keturunan) yang mempertahankan identitasnya dan terpisah dari keturunan lain, serta mempunyai kecenderungan evolusinya sendiri (Mayr & Ashlock, 1991; Adisoemarto, 2008; Aldhebiani, 2018; Mallet *et al.*, 2022). Konsep ini berkesinambungan dengan konsep spesies biologi dalam hal reproduksi. Spesies secara reproduktif terisolasi dari garis keturunan lain yang memiliki awal dan akhir dalam lintasan evolusi yang jelas berbeda (Adisoemarto, 2008).

Konsep ini dapat dipergunakan pada spesies uniparental, spesies hibridisasi, maupun spesies yang telah punah, dimana spesies-spesies tersebut sulit didefinisikan melalui konsep spesies biologi. Meskipun demikian, konsep ini memiliki kendala yaitu tidak adanya kriteria empiris untuk mengukur kecenderungan evolusi (Mayden, 1997; Aldhebiani, 2018).

5.8 Konsep Spesies Filogenetik

Konsep spesies filogenetik menyatakan spesies sebagai kelompok dengan anggota yang memiliki nenek moyang bersama, dimana individu-individu menunjukkan tingkat kesamaan yang tinggi dalam banyak ciri unik dan membentuk kluster monofiletik yang terpisah dengan kelompok lain (Aldhebiani, 2018; UC Museum of Paleontology, 2026c). Konsep ini mengintegrasikan konsep berbasis karakter berupa atribut organisme dengan konsep berbasis sejarah yang menekankan kekerabatan. Konsep ini dapat digunakan pada spesies seksual, aseksual, maupun populasi alopatrik, misalnya ring spesies (Gambar 5.10).



Gambar 5. 10 Berdasarkan Konsep Spesies Filogenetik, Salamander pada "Cabang" A dan B Merupakan Spesies yang Berbeda. Sementara Populasi-Populasi Pada "Cabang" C Merupakan Satu Spesies Meskipun Memiliki Morfologi yang Berbeda

(Sumber: UC Museum of Paleontology, 2026)

Konsep ini memungkinkan diaplikasikan pada spesies aseksual maupun partenogenesis dengan diagnosis pada klon maupun garis keturunan (Claridge *et al.*, 1997). Konsep spesies filogenetik menunjukkan secara jelas evolusi serta filogeni suatu spesies, namun konsep ini memiliki kelemahan dimana hanya ada sedikit garis keturunan yang telah terungkap (Adisoemarto, 2018).

5.9 Konsep Spesies Kladistik

Konsep spesies kladistik disampaikan oleh Ridley. Konsep spesies ini menyatakan spesies sebagai seperangkat makhluk (garis keturunan evolusi) diantara dua kejadian spesiasi, atau antara satu kejadian spesiasi dengan satu kejadian kepunahan (Mayden, 1997; Adisoemarto, 2008). Konsep ini merupakan konsep garis keturunan yang memperlakukan spesies sebagai individual, dan tidak diberlakukannya batasan pada atribut yang harus dimiliki spesies untuk dapat divalidasi (Mayden, 1997).

5.10 Konsep Spesies Hennigian

Konsep spesies Hennigian dipopulerkan oleh Willi Hennig. Konsep ini menunjukkan adanya pengelompokan berdasarkan klade (Mayr, 2010). Pada konsep ini, semua individu yang terhubung melalui hubungan tokogenik menyusun komunitas “reproduksi yang potensial” dan komunitas semacam itu seharusnya disebut spesies (Meier & Willmann, 2000).

Konsep ini mirip dengan konsep spesies biologi yang mendukung adanya potensi reproduksi dalam satu spesies (Mayden, 1997). Pada konsep Hennigian, populasi alami suatu spesies terisolasi secara reproduktif. Populasi ini terbentuk melalui pemisahan spesies induk melalui peristiwa spesiasi, dan dapat hilang akibat adanya kepunahan maupun kejadian spesiasi (Meier & Willmann, 2000).

5.11 Konsep Spesies Ekologi

Konsep spesies ekologi oleh Van Valen. Konsep ini mendefinisikan spesies sebagai seperangkat makhluk yang beradaptasi dengan relung (*niche*) atau zona adaptif tertentu dalam lingkungan, dibandingkan hanya berdasarkan

perkawinan silang (Adisoemarno, 2008; Mallet *et al.*, 2022). Relung merupakan suatu tempat dimana organisme melakukan fungsinya sebagai makhluk hidup, misalnya bereproduksi, makan, tidur, dan fungsi kehidupan lain.

Konsep ini memandang bahwa dalam suatu populasi akan terjadi kompetisi ekologi, sehingga semakin mirip dua makhluk hidup, maka makin berhimpit kebutuhannya dan makin ketat persaingannya (Adisoemarto, 2008; Aldhebiani, 2018). Konsep ini dapat diaplikasikan pada spesies seksual maupun aseksual, spesies yang muncul akibat hibridisasi, dan spesies dengan pertukaran gen (Mayden, 1997). Konsep ekologi memiliki kekurangan yaitu kurangnya kepastian sejauh mana entitas dikatakan berkompetisi secara ekologi (Adisoemarto, 2008).

DAFTAR PUSTAKA

- Adisoemarto, S. 2008. *Taksonomi Asas, Konsep, dan Metode*. Bandar Lampung: Penerbit Universitas Lampung.
- Aldhebiani, A.Y. 2018. Species concept and speciation. *Saudi Journal of Biological Science*, 25: 437-440.
- Asrori, S.L., Putri, K.A., Diniarsih, S., Lupiyaningdyah, P., Sari, H.P.E. 2023. Diversity of Odonata in Langsa Urban Forest, Langsa, Aceh, Indonesia. *Treubis*, 50(1): 1-10.
- Claridge, M.F., Dawah, H.A., Wilson, M.R. 1997. Practical approaches to species concepts for living organisms. In Claridge, M.F., Dawah, H.A., Wilson, M.R. (Ed). *Species: the units of biodiversity*. London: Chapman & Hall.
- Cotoras, D.D., Brewer, M.S., Croucher, P.J.P., Oxford, G.S., Lindberg, D.R., Gillespie, R.G. 2016. Convergent evolution in the colour polymorphism of *Selkirkiella* spiders (Theridiidae) from South American temperate rainforest. *Biological Journal of Linnean Society*, 1-15.
- ECDC Europe. 2023. *Anopheles maculipennis s.l.* Current known distribution: October 2023. Available at <https://www.ecdc.europa.eu/en/publications-data/anopheles-maculipennis-sl-current-known-distribution-october-2023>.
- Gunay, F., Picard, M., Robert, V. 2018. MosKeyTool, an interactive identification key for mosquitoes of Euro-Mediterranean. Version 2.1. Available at https://bioinfo-web.mpl.ird.fr/identiciels/moskeytool_V2.1/html/taxa/Anopheles_maculipennis_s_l_F_.html.
- Jamil, N., Ismail, W.N.W., Abidin, S.S., Amaran, M.A., Hazali, R. 2017. A preliminary survey of species composition of

- termites (Insecta: Isopter) in Samunsam Wildlife Sanctuary, Sarawak. *Tropical Life Science research*, 28(2): 211-212
- Mallet, J., Seixá, F., Thawornwattana, Y. 2022. *Concept of Species*. United States: Elsevier.
- Mayden, R.L. 1997. A hierarchy of species concepts: the denouement in the saga of the species problem. In Claridge, M.F., Dawah, H.A., Wilson, M.R. (Ed). *Species: the units of biodiversity*. London: Chapman & Hall.
- Mayr, E., Ashlock, P.D. 1991. *Principles of systematic zoology, 2nd edition*. Singapore: McGraw-Hill, Inc.
- Mayr, E. 2010. *Evolusi*. Jakarta: KPG
- Meier, R., Willmann, R. 2000. In Wheeler, Q.D., Meier, R. (Ed). *Species concepts and phylogenetic theory: a debate*. New York: Columbia University Press.
- Rosa, I.A.P., López-Marmolejo, C., Cacho, N.I. 2024. Recent evolutionary divergence in a plant ring-species is not accompanied by floral phenology or pollinator shifts. *Plant Ecology and Evolution*, 157(2): 158-173.
- Sari, H.P.E., Persada, A.Y., Mustaqim, W.A., Putri, K.A., Wafa, I.Y. 2023. Butterfly diversity from isolated lowland area: an assessment in Langsa Urban Forest, Langsa, Aceh, Indonesia. *Journal of Tropical Biodiversity and Biotechnology*, 8(2): 1-18.
- UC Museum of Paleontology. 2026a. *Biological species concept*. Available at <https://evolution.berkeley.edu/biological-species-concept/>
- UC Museum of Paleontology. 2026a. *Discovering a ring species*. Available at <https://evolution.berkeley.edu/a-closer-look-at-a-classic-ring-species/discovering-a-ring-species/>

- UC Museum of Paleontology. 2026a. *Other species concepts*. Available at <https://evolution.berkeley.edu/other-species-concepts/>
- Wafa, I.Y., Sari, H.P.E. 2018. Catatan pertama siklus hidup *Cyrestis themire* (Lepidoptera: Nymphalidae) pada *Streblus ilicifolius* di Hutan Kondang Merak, Malang. *Zoo Indonesia*, 26(1): 1-7.

BAB 6

FENETIK

Fenetik merupakan salah satu pendekatan dalam sistematika biologi yang digunakan untuk mengelompokkan organisme berdasarkan tingkat kemiripan karakter yang dapat diamati (Stuessy, 2025). Pendekatan ini menilai kesamaan organisme secara menyeluruh tanpa secara langsung mempertimbangkan hubungan kekerabatan evolusioner. Dalam fenetik, organisme dikelompokkan berdasarkan banyaknya karakter yang sama, baik yang bersifat morfologis, anatomis, fisiologis, maupun molekuler. Dengan demikian, klasifikasi yang dihasilkan lebih menekankan pada pola kemiripan fenotipik antar organisme.

Istilah fenetik berasal dari kata *phenetics* yang merujuk pada analisis kesamaan fenotip atau sifat yang tampak pada organisme (Stuessy, 2025). Pendekatan ini mulai berkembang pada pertengahan abad ke dua puluh ketika para ahli taksonomi mencoba menerapkan metode kuantitatif dalam pengelompokan organisme. Fenetik kemudian dikenal juga dengan istilah taksonomi numerik karena penggunaan perhitungan matematis dan statistik dalam analisisnya. Pendekatan ini bertujuan untuk membuat klasifikasi yang lebih objektif dengan memanfaatkan data yang terukur.

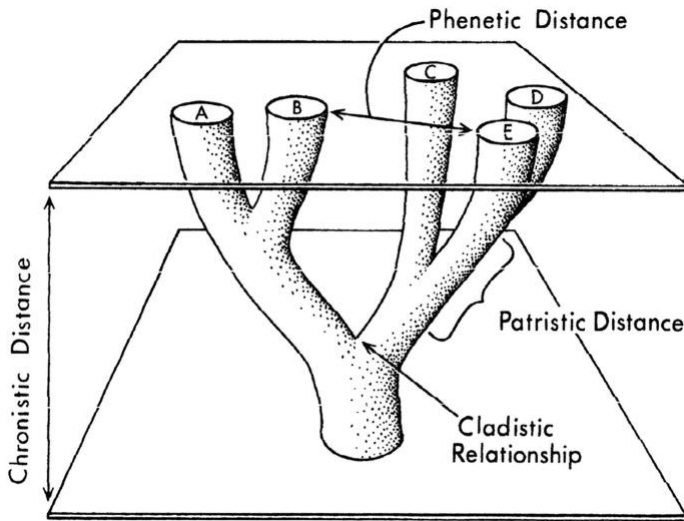
Dalam praktiknya, fenetik tidak hanya mengandalkan satu jenis karakter saja, tetapi menggunakan banyak karakter sekaligus untuk mendapatkan gambaran kemiripan yang lebih akurat (Raza *et al.*, 2018). Setiap karakter diberi bobot yang sama sehingga tidak ada karakter yang dianggap lebih

penting daripada yang lain. Metode ini mencoba mengurangi subjektivitas peneliti dalam menentukan hubungan antar organisme. Oleh karena itu, fenetik sering digunakan dalam penelitian yang membutuhkan analisis kemiripan secara sistematis.

Walaupun fenetik tidak secara langsung menggambarkan hubungan evolusi, pendekatan ini tetap memiliki peran penting dalam kajian sistematika (Aldhebiani, 2018). Fenetik dapat membantu peneliti mengidentifikasi kelompok organisme yang memiliki tingkat kemiripan tinggi. Hasil analisis fenetik biasanya ditampilkan dalam bentuk diagram yang disebut fenogram. Diagram tersebut menunjukkan tingkat kemiripan antar takson berdasarkan data karakter yang dianalisis.

6.1 Prinsip Dasar Fenetik

Prinsip dasar fenetik adalah pengelompokan organisme berdasarkan tingkat kemiripan keseluruhan atau *overall similarity* (Stuessy, 2025). Pendekatan ini menilai seluruh karakter yang tersedia tanpa memberikan penekanan khusus pada karakter tertentu. Semakin banyak karakter yang dimiliki bersama oleh dua organisme, semakin dekat pula hubungan kemiripannya dalam analisis fenetik (Gambar 6.1). Oleh karena itu, jumlah karakter yang digunakan dalam analisis menjadi faktor penting dalam menentukan hasil klasifikasi.



Gambar 6. 1 Contoh Hasil BLAST

(Sumber : Stuessy, 2025)

Dalam fenetik, semua karakter dianggap memiliki nilai yang sama dalam proses analisis (Stuessy, 2025). Hal ini dilakukan untuk menghindari bias yang dapat muncul apabila peneliti memilih karakter tertentu sebagai penentu utama klasifikasi. Dengan memberikan bobot yang sama pada setiap karakter, metode fenetik berusaha menghasilkan klasifikasi yang lebih objektif. Pendekatan ini juga memungkinkan penggunaan data dalam jumlah besar secara sistematis.

Karakter yang digunakan dalam analisis fenetik dapat berupa karakter kualitatif maupun kuantitatif (Stuessy, 2025). Karakter kualitatif adalah sifat yang dinyatakan dalam bentuk kategori, seperti warna bunga atau bentuk daun. Sementara itu, karakter kuantitatif merupakan sifat yang dapat diukur secara numerik, seperti panjang daun atau diameter batang. Kedua jenis karakter tersebut dapat diolah bersama dalam analisis fenetik setelah melalui proses pengkodean data.

Prinsip lainnya dalam fenetik adalah penggunaan metode statistik untuk menghitung tingkat kemiripan antar organisme (Stuessy, 2025). Data karakter yang telah dikumpulkan akan disusun dalam bentuk matriks yang kemudian dianalisis menggunakan koefisien kemiripan tertentu. Hasil perhitungan tersebut digunakan untuk menyusun pola pengelompokan organisme. Proses ini membantu peneliti melihat hubungan kemiripan secara lebih terstruktur dan terukur.

6.2 Karakter dalam Analisis Fenetik

Karakter merupakan unsur utama yang digunakan dalam analisis fenetik untuk membandingkan organisme (Stuessy, 2025). Karakter dapat berupa sifat morfologi, anatomi, fisiologi, maupun sifat molekuler yang dapat diamati atau diukur. Pemilihan karakter harus dilakukan secara hati-hati agar data yang diperoleh benar-benar mencerminkan perbedaan dan kemiripan antar organisme. Semakin banyak karakter yang digunakan, semakin tinggi tingkat ketelitian dalam analisis fenetik.

Karakter morfologi sering menjadi sumber data yang paling umum digunakan dalam penelitian fenetik (Stuessy, 2025). Karakter ini meliputi bentuk tubuh, ukuran organ, warna, serta struktur bagian organisme. Karakter morfologi relatif mudah diamati dan tidak memerlukan peralatan yang terlalu kompleks. Oleh karena itu, banyak penelitian sistematika menggunakan karakter morfologi sebagai dasar analisis awal.

Selain karakter morfologi, penelitian fenetik juga dapat menggunakan karakter anatomi dan fisiologi (Pandey, 2015; Gkoutos *et al.*, 2018; York, 2019). Karakter anatomi berkaitan dengan struktur internal organisme, seperti susunan jaringan atau bentuk sel tertentu. Karakter fisiologi berkaitan dengan

fungsi biologis, seperti pola metabolisme atau toleransi terhadap lingkungan tertentu. Penggunaan berbagai jenis karakter ini dapat memberikan gambaran yang lebih lengkap mengenai kemiripan antar organisme.

Sebelum dianalisis, karakter yang telah dipilih biasanya melalui proses pengkodean dan standardisasi data (Stuessy, 2025). Proses ini bertujuan untuk mengubah karakter menjadi bentuk data yang dapat dihitung secara numerik. Misalnya, keberadaan atau ketiadaan suatu sifat dapat diberi kode angka tertentu. Dengan cara ini, seluruh karakter dapat dimasukkan ke dalam matriks data untuk dianalisis menggunakan metode statistik.

6.3 Metode Analisis Fenetik

Metode analisis fenetik menggunakan pendekatan kuantitatif untuk menghitung tingkat kemiripan antar organisme (Stuessy, 2025). Data karakter yang telah dikumpulkan akan disusun dalam bentuk tabel atau matriks karakter. Setiap baris biasanya mewakili takson atau organisme yang diteliti, sedangkan setiap kolom menunjukkan karakter tertentu. Matriks ini menjadi dasar utama dalam proses analisis fenetik.

Langkah berikutnya adalah menghitung tingkat kemiripan atau jarak antar organisme menggunakan koefisien kemiripan (Stuessy, 2025). Koefisien kemiripan merupakan rumus matematis yang digunakan untuk mengukur seberapa besar kesamaan karakter antara dua organisme. Beberapa koefisien yang sering digunakan antara lain Simple Matching Coefficient dan Jaccard Coefficient. Nilai yang dihasilkan biasanya berada pada rentang nol sampai satu.

Setelah nilai kemiripan diperoleh, data tersebut kemudian dianalisis menggunakan metode pengelompokan atau cluster analisis (Stuessy, 2025). Metode ini bertujuan untuk mengelompokkan organisme yang memiliki tingkat kemiripan tinggi ke dalam satu kelompok. Proses pengelompokan dilakukan secara bertahap dengan menggabungkan organisme yang paling mirip terlebih dahulu. Hasilnya akan membentuk pola hubungan kemiripan antar organisme.

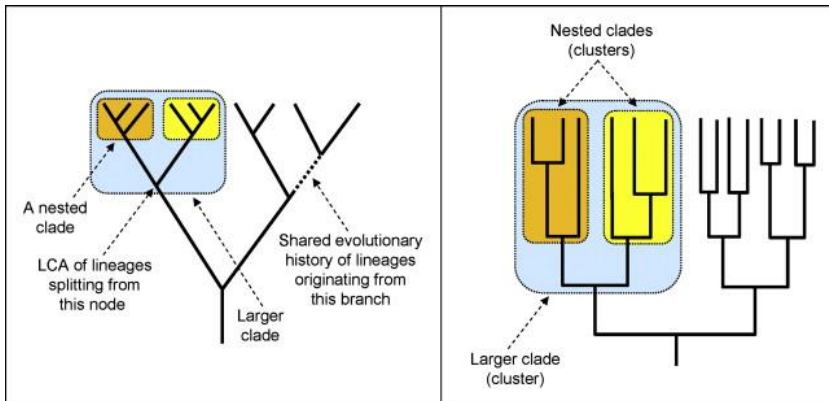
Analisis fenetik saat ini banyak dilakukan dengan bantuan perangkat lunak computer (De Maeyer *et al.*, 2015; Manoko, 2018). Penggunaan komputer memungkinkan pengolahan data dalam jumlah besar secara lebih cepat dan akurat. Program statistik dapat menghitung koefisien kemiripan serta menghasilkan diagram pengelompokan secara otomatis. Dengan demikian, proses analisis fenetik menjadi lebih efisien dan sistematis.

6.4 Fenogram dalam Fenetik

Fenogram merupakan diagram yang digunakan untuk menggambarkan hasil analisis fenetik (Stuessy, 2025). Diagram ini menunjukkan tingkat kemiripan antar organisme berdasarkan data karakter yang telah dianalisis. Dalam fenogram, organisme yang memiliki kemiripan tinggi akan ditempatkan pada cabang yang berdekatan (Choudhuri, 2014). Sebaliknya, organisme yang memiliki kemiripan rendah akan berada pada cabang yang lebih jauh.

Fenogram biasanya berbentuk diagram bercabang yang menyerupai pohon (Gambar 6.2). Setiap percabangan menunjukkan proses pengelompokan organisme berdasarkan tingkat kemiripan tertentu (Choudhuri, 2014). Panjang cabang dalam fenogram dapat mencerminkan nilai jarak atau tingkat perbedaan antar organisme (Stuessy,

2025). Dengan demikian, fenogram memberikan gambaran visual mengenai hubungan kemiripan antar takson.



Gambar 6. 2 Contoh Hasil BLAST
(Sumber : Choudhuri, 2014)

Interpretasi fenogram dilakukan dengan memperhatikan pola percabangan yang terbentuk. Kelompok organisme yang berada dalam satu cabang utama biasanya memiliki tingkat kemiripan yang tinggi (Stuessy, 2025). Sementara itu, percabangan yang lebih jauh menunjukkan adanya perbedaan karakter yang lebih besar (Choudhuri, 2014). Analisis ini membantu peneliti memahami pola kemiripan dalam kelompok organisme yang diteliti.

Walaupun fenogram menunjukkan hubungan kemiripan, diagram ini tidak selalu menggambarkan hubungan evolusi secara langsung (Choudhuri, 2014; Stuessy, 2025). Fenogram hanya mencerminkan kesamaan karakter yang diamati pada saat analisis dilakukan. Oleh karena itu, hasil fenetik perlu dipadukan dengan pendekatan lain apabila ingin memahami hubungan kekerabatan evolusioner. Namun demikian, fenogram tetap menjadi alat penting dalam analisis sistematika.

6.5 Kelebihan Pendekatan Fenetik

Pendekatan fenetik memiliki beberapa kelebihan dalam penelitian sistematika biologi (Stuessy, 2025). Salah satu keunggulannya adalah penggunaan metode kuantitatif yang dapat meningkatkan objektivitas dalam proses klasifikasi. Data karakter yang dianalisis dihitung secara matematis sehingga mengurangi pengaruh subjektivitas peneliti. Hal ini membuat hasil klasifikasi lebih konsisten dan dapat diuji ulang oleh peneliti lain.

Kelebihan lainnya adalah kemampuan fenetik untuk mengolah banyak karakter sekaligus. Metode ini memungkinkan penggunaan berbagai jenis data, baik morfologis, anatomis, maupun molekuler (Raza *et al.*, 2018). Dengan memanfaatkan banyak karakter, analisis kemiripan menjadi lebih komprehensif. Hasil klasifikasi yang diperoleh dapat mencerminkan kesamaan organisme secara menyeluruh (Stuessy, 2025).

Fenetik juga relatif mudah diterapkan dalam penelitian yang menggunakan data morfologi (Stuessy, 2025). Karakter morfologi dapat diamati secara langsung tanpa memerlukan teknologi yang sangat kompleks. Oleh karena itu, pendekatan fenetik sering digunakan dalam penelitian keanekaragaman hayati dan inventarisasi spesies (Raza *et al.*, 2018). Metode ini sangat membantu dalam mengidentifikasi pola kemiripan antar organisme di alam.

Selain itu, fenetik dapat digunakan sebagai langkah awal dalam studi sistematika (Stuessy, 2025). Analisis kemiripan yang dihasilkan dapat memberikan gambaran umum mengenai hubungan antar organisme. Informasi ini kemudian dapat digunakan sebagai dasar untuk penelitian lebih lanjut menggunakan pendekatan lain (Raza *et al.*, 2018). Dengan demikian, fenetik memiliki peran penting dalam proses pengembangan klasifikasi biologis.

6.6 Keterbatasan Pendekatan Fenetik

Meskipun memiliki berbagai kelebihan, pendekatan fenetik juga memiliki beberapa keterbatasan. Salah satu keterbatasan utama adalah tidak mempertimbangkan secara langsung hubungan evolusi antar organisme. Fenetik hanya menilai kesamaan karakter yang tampak tanpa membedakan apakah karakter tersebut berasal dari nenek moyang yang sama atau tidak (Stuessy, 2025). Hal ini dapat menyebabkan interpretasi hubungan biologis menjadi kurang tepat.

Keterbatasan lain berkaitan dengan pemilihan karakter yang digunakan dalam analisis. Apabila karakter yang dipilih kurang representatif, hasil analisis fenetik dapat menjadi kurang akurat. Misalnya, penggunaan karakter yang sangat dipengaruhi oleh lingkungan dapat menghasilkan pola kemiripan yang menyesatkan (Stuessy, 2025). Oleh karena itu, pemilihan karakter harus dilakukan dengan sangat hati-hati.

Jumlah karakter yang digunakan juga mempengaruhi kualitas hasil analisis fenetik. Analisis yang menggunakan sedikit karakter cenderung menghasilkan klasifikasi yang kurang stabil (Raza *et al.*, 2018). Sebaliknya, penggunaan banyak karakter dapat memberikan hasil yang lebih terpercaya (Stuessy, 2025). Namun, pengumpulan data karakter dalam jumlah besar sering kali membutuhkan waktu dan sumber daya yang cukup besar.

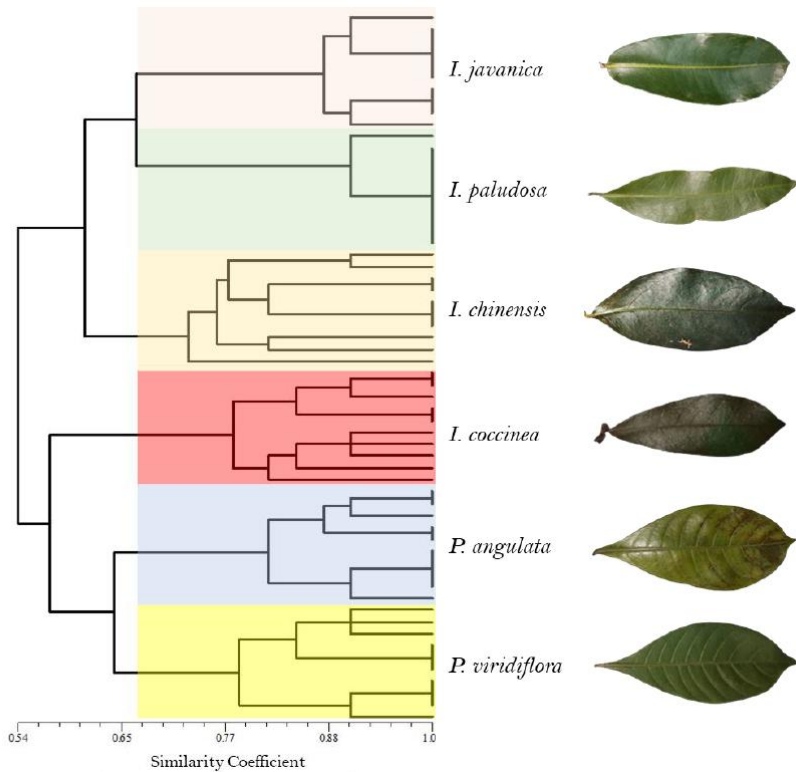
Selain itu, fenetik dapat menghasilkan kelompok organisme yang tidak mencerminkan hubungan kekerabatan sebenarnya (Stuessy, 2025). Organisme yang memiliki kemiripan karena adaptasi lingkungan yang serupa dapat dikelompokkan bersama meskipun tidak memiliki hubungan evolusi yang dekat. Fenomena ini dikenal sebagai konvergensi evolusi. Oleh karena itu, hasil analisis fenetik sebaiknya dibandingkan dengan pendekatan lain dalam sistematika.

6.7 Penerapan Fenetik dalam Penelitian Biologi

Fenetik memiliki berbagai penerapan dalam penelitian biologi, khususnya dalam bidang sistematika dan taksonomi (Stuessy, 2025). Salah satu penerapan utamanya adalah dalam proses klasifikasi organisme. Dengan menggunakan analisis fenetik, peneliti dapat mengelompokkan organisme berdasarkan tingkat kemiripan karakter. Proses ini sangat membantu dalam memahami keanekaragaman hayati yang ada di alam (Zahro *et al.*, 2023; Larasati *et al.*, 2024).

Pendekatan fenetik juga sering digunakan dalam penelitian keanekaragaman spesies. Peneliti dapat membandingkan berbagai populasi organisme untuk melihat pola kemiripan dan perbedaannya (Raza *et al.*, 2018). Informasi ini penting untuk mengetahui hubungan antar populasi dalam suatu kelompok organisme (Stuessy, 2025). Selain itu, data tersebut dapat digunakan dalam upaya konservasi keanekaragaman hayati.

Dalam bidang botani dan zoologi, fenetik sering digunakan untuk menganalisis kemiripan morfologi antar spesies (Gambar 6.3). Misalnya, peneliti dapat membandingkan bentuk daun, struktur bunga, atau karakter tubuh hewan tertentu (Zahro *et al.*, 2023; Larasati *et al.*, 2024). Analisis ini membantu dalam proses identifikasi spesies yang memiliki ciri-ciri yang hampir sama (Raza *et al.*, 2018; Stuessy, 2025). Dengan demikian, fenetik berperan penting dalam studi identifikasi organisme.



Gambar 6. 3 Analisis Kluster Menggunakan Metode *Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean* (UPGMA) Berdasarkan 13 Karakter Daun pada *Ixora* dan *Psychotria*.

(Sumber : Larasati *et al.*, 2024)

Selain menggunakan data morfologi, penelitian fenetik modern juga memanfaatkan data molekuler seperti urutan DNA atau protein. Data molekuler dapat memberikan informasi tambahan mengenai kemiripan antar organisme pada tingkat genetik. Penggabungan data morfologi dan molekuler dapat meningkatkan ketelitian analisis fenetik

(Raza *et al.*, 2018). Oleh karena itu, pendekatan fenetik tetap relevan dalam penelitian biologi modern.

6.8 Perbandingan Fenetik dengan Pendekatan Lain

Fenetik sering dibandingkan dengan pendekatan lain dalam sistematika, seperti kladistik dan taksonomi evolusioner (Kranke, 2024; Tiwari *et al.*, 2024). Ketiga pendekatan ini memiliki tujuan yang sama, yaitu mengelompokkan organisme berdasarkan hubungan tertentu. Namun, metode dan dasar pengelompokannya berbeda. Fenetik menekankan kemiripan keseluruhan karakter tanpa mempertimbangkan sejarah evolusi secara langsung.

Pendekatan kladistik berbeda karena berfokus pada hubungan kekerabatan evolusioner (Tiwari *et al.*, 2024). Kladistik mengelompokkan organisme berdasarkan karakter turunan bersama yang diwariskan dari nenek moyang yang sama. Dengan demikian, kladistik berusaha merekonstruksi pola evolusi organisme secara lebih akurat. Hasil analisis kladistik biasanya ditampilkan dalam bentuk kladogram.

Sementara itu, taksonomi evolusioner mencoba menggabungkan informasi kemiripan karakter dengan hubungan evolusi (Raza *et al.*, 2018). Pendekatan ini mempertimbangkan baik tingkat perbedaan morfologi maupun sejarah evolusi organisme. Dengan cara ini, klasifikasi yang dihasilkan diharapkan mencerminkan hubungan biologis yang lebih lengkap. Namun, pendekatan ini juga dapat melibatkan penilaian subjektif dalam menentukan tingkat perbedaan.

Perbandingan antara ketiga pendekatan tersebut menunjukkan bahwa setiap metode memiliki kelebihan dan keterbatasan masing-masing. Fenetik unggul dalam hal

analisis kemiripan secara kuantitatif dan objektif. Kladistik lebih fokus pada rekonstruksi hubungan evolusi. Oleh karena itu, dalam banyak penelitian sistematika modern, berbagai pendekatan tersebut sering digunakan secara saling melengkapi.

DAFTAR PUSTAKA

- Aldhebiani, A. Y. (2018). Species concept and speciation. *Saudi journal of biological sciences*, 25(3), 437-440.
- Choudhuri, S. (2014). Fundamentals of molecular evolution. Dalam S. Choudhuri (Ed.), *Bioinformatics for beginners* (hlm. 27–53). Academic Press.
- De Maeyer, D., Weytjens, B., Renkens, J., De Raedt, L., & Marchal, K. (2015). PheNetic: network-based interpretation of molecular profiling data. *Nucleic acids research*, 43(W1), W244-W250.
- Gkoutos, G. V., Schofield, P. N., & Hoehndorf, R. (2018). The anatomy of phenotype ontologies: principles, properties and applications. *Briefings in bioinformatics*, 19(5), 1008-1021.
- Kranke, N. (2024). How phenograms and cladograms became molecular phylogenetic trees. *Journal of the History of Biology*, 57(3), 423-443.
- Larasati, W., Kusumarini, N., Wahida, B. F., Zulkarnaen, R. N., & Hariri, M. R. (2024). Investigating the Taxonomic Value of Leaf Architecture in *Ixora* and *Psychotria* (Rubiaceae) Found in the Bogor Botanic Gardens' Living Collections. *Jurnal Riset Biologi dan Aplikasinya*, 6(1), 12-19.
- Manoko, M. (2018). The power of coefficients and methods of coding in delimiting species using phenetic approach: the case of African *Solanum* section *Solanum sensu edmonds*. *Tanzania Journal of Science*, 44(1), 37-51.
- Pandey, A. K. (2015). The changing paradigm of angiosperm systematics: symbiosis of morphology and

- molecules. *Journal of the Indian Botanical Society*, 94(1-2), 9-22.
- Raza, U., Ahmad, W., & Khan, A. (2018). Transformation from manufacturing process taxonomy to repair process taxonomy: a phenetic approach. *Journal of Industrial Engineering International*, 14(2), 415-428.
- Stuessy, T. F. (2025). Explanation and Quantification in Classification: Phenetics. In *Organizing the Green World: A Conceptual History of Botanical Classification* (pp. 213-227). Cham: Springer Nature Switzerland.
- Tiwari, B., Pandey, R. N., Mishra, S. K., Mishra, A. K., & Sharma, A. K. (2024). Three School of Classification: A Scientific Approach in Phylogeny.
- York, L. M. (2019). Functional phenomics: an emerging field integrating high-throughput phenotyping, physiology, and bioinformatics. *Journal of experimental botany*, 70(2), 379-386.
- Zahro, S., Wahidah, B. F., & Hariri, M. R. (2023). Short Notes on the Leaf Architecture and Morphometry of *Syzygium* spp. Leaves from the Living Collections of Bogor Botanic Gardens. *Biosfer: Jurnal Tadris Biologi*, 14(2), 181-191.

BAB 7

FILOGENETIK

Studi filogenetik memberikan wawasan tentang hubungan evolusi di antara spesies nyamuk dan patogen yang terkait dengannya. Studi ini sangat penting untuk memahami keragaman genetik dan sejarah evolusi nyamuk, yang dapat memberikan informasi untuk strategi pengendalian vektor dan memprediksi potensi wabah penyakit. Analisis filogenetik telah mengungkap interaksi kompleks antara nyamuk dan virus yang mereka transmisikan, menyoroti peran interaksi spesifik antara nyamuk dan virus dan Plasmodium dalam kemunculan patogen global. Misalnya, virus Bamaga yang baru-baru ini diidentifikasi, yang ditularkan oleh nyamuk *Culex*, telah terbukti mengganggu replikasi virus West Nile, menunjukkan pentingnya memahami interaksi ini pada tingkat molekuler. Selain itu, keragaman virome dalam spesies nyamuk seperti *Aedes aegypti* dan *Aedes albopictus* telah dieksplorasi melalui metaanalisis, mengungkapkan virus-virus baru dan menyediakan sumber daya untuk studi lebih lanjut tentang interaksi nyamuk dan virus (Parry *et al.*, 2021).

7.1 Analisis Filogenetik

Analisis filogenetik sangat penting dalam penelitian nyamuk karena membantu mengungkap hubungan evolusi dan waktu divergensi di antara spesies nyamuk, yang esensial

untuk memahami peran mereka dalam penularan penyakit dan pengembangan strategi pengendalian. Misalnya, studi genom mitokondria dari 102 spesies nyamuk mengungkapkan wawasan signifikan tentang sejarah evolusi keluarga Culicidae, termasuk divergensi subfamili Anophelinae dan Culicinae selama periode Jurassic awal. Selain itu, studi filogenetik dapat memberikan informasi untuk strategi kesehatan masyarakat dengan mengidentifikasi kompleks spesies dan spesies kriptik /sibling yang mungkin memiliki kapasitas vektor yang berbeda, seperti yang terlihat dalam analisis spesies *Anopheles neivai* (López-Rubio *et al.*, 2019).

7.1.1 Pentingnya Filogenetik dalam Penelitian Nyamuk

Nyamuk, yang termasuk dalam ordo Diptera dan famili Culicidae, merupakan kelompok serangga yang telah beradaptasi untuk berkembang biak di berbagai habitat larva di air dan memakan darah berbagai jenis inang vertebrata. Terdapat hampir 3.500 spesies yang diketahui, yang dibagi menjadi dua subfamili dan 112 genus (Kabir *et al.*, 2010). Nyamuk dikenal luas sebagai penular penyakit serius pada manusia seperti malaria, demam berdarah, demam kuning, chikungunya, Zika, virus West Nile, dan lainnya. Penyakit-penyakit ini secara kolektif menyebabkan ratusan juta infeksi dan lebih dari 1 juta kematian setiap tahunnya. Memahami masa lalu evolusi dan hubungan filogenetik nyamuk sangat penting untuk mengelola mereka secara efisien dan mengantisipasi kejadian penyakit yang ditularkan oleh nyamuk. Di masa lalu, klasifikasi dan hubungan evolusi nyamuk sebagian besar ditentukan dengan mempelajari karakteristik morfologi nyamuk dewasa dan tahap imaturnya. Selama beberapa dekade terakhir, penggunaan data urutan DNA dalam filogenetik molekuler telah secara signifikan mengubah

pemahaman kita tentang hubungan evolusi nyamuk. Melalui penggunaan filogeni molekuler, ilmuwan telah berhasil menyelesaikan masalah taksonomi yang belum terpecahkan, menemukan kelompok spesies bersaudara / sibling dan memperoleh wawasan tentang asal-usul geografis dan diversifikasi garis keturunan nyamuk yang penting. Perbedaan antara data molekuler dan morfologi ditekankan.

Klasifikasi dan hubungan evolusi nyamuk secara historis didasarkan pada karakteristik morfologi nyamuk dewasa, terutama genitalia betina, genitalia jantan, telur, larva, dan pupa (Reidenbach *et al.*, 2012). Ciri-ciri seperti morfologi bagian mulut, vena sayap, sisik, dan bulu, serta organ reproduksi telah ditemukan berguna dalam membedakan genus dan subgenus. Penelitian morfologi tradisional menetapkan sistem klasifikasi dasar dan mengusulkan beberapa cabang penting dalam keluarga Culicidae (Lorenz *et al.*, 2021). Kelompok-kelompok yang disebutkan terdiri dari dua subfamili yang ada (Anophelinae dan Culicinae), 11 suku dalam Culicinae, dan beberapa kelompok genus. Namun, morfologi saja seringkali gagal menentukan hubungan filogenetik yang lebih dalam dan adanya homoplasy dalam karakteristik morfologi dapat menyembunyikan hubungan evolusi yang sebenarnya. Nyamuk memiliki set terbatas ciri fisik yang memberikan informasi berharga tentang hubungan evolusi mereka. Ada contoh lain dari evolusi konvergen dalam ciri-ciri yang terkait dengan pemberian makan darah dan habitat larva. Membedakan garis keturunan tertentu berdasarkan ciri-ciri fisiknya dapat menjadi tantangan, terutama saat menganalisis fase perkembangan awal mereka (Krzywinski *et al.*, 2001). Akibatnya, kesatuan dan hubungan antara banyak taksonomi tetap tidak

diketahui atau diperdebatkan berdasarkan ciri-ciri fisiknya.

7.1.2 Metode Filogenetik yang Digunakan

Dalam beberapa dekade terakhir, penggunaan urutan DNA dalam filogenetik molekuler telah secara signifikan meningkatkan pemahaman kita tentang hubungan evolusi nyamuk. Data sekuen yang diperoleh dari DNA inti, mitokondria, dan ribosom telah digunakan secara luas dalam sistematika dan filogeni nyamuk. Data molekuler telah sangat berharga dalam mengungkap hubungan yang mendalam di dalam keluarga Culicidae. Gen nuklear/inti, mitokondria COI dan COII, serta ribosom 18S dan 28S merupakan penanda molekuler yang paling sering digunakan untuk mempelajari hubungan evolusi nyamuk. Gen nuklear tambahan seperti CAD, enolase, dan arginine kinase juga telah ditemukan memberikan informasi yang berguna. Penelitian yang memanfaatkan beberapa lokus genetik, dianalisis secara individual atau bersama-sama sebagai kumpulan data, telah menghasilkan pohon filogenetik yang lebih akurat dan didukung dengan kuat. Selain itu, seluruh urutan genom mitokondria saat ini digunakan untuk melakukan penelitian filogenetik pada famili Culicidae (Reidenbach *et al.*, 2012).

Penelitian filogenetik pada tingkat molekuler membuktikan bahwa Culicidae, bersama dengan dua subfamili, Anophelinae dan Culicinae, membentuk kelompok monofiletik. Temuan ini konsisten dengan penelitian sebelumnya yang menganalisis karakteristik morfologi organisme-organisme ini. Genus *Anopheles* secara konsisten ditemukan sebagai kelompok monofiletik dalam keluarga Anophelinae. Klade utama dalam genus ini meliputi subgenus *Cellia*, *Anopheles*, dan *Nyssorhynchus*. Genus *Bironella* dianggap memiliki

hubungan dekat dengan genus *Anopheles* berdasarkan analisis genetik. Di dalam subfamili Culicinae, sebagian besar suku dan banyak takson dikonfirmasi sebagai monofiletik, seperti yang ditunjukkan oleh referensi. Namun, takson konvensional tertentu seperti *Aedes*, *Ochlerotatus* dan *Stegomyia* telah ditemukan baik parafiletik maupun polifiletik. Penyelidikan filogenetik telah berhasil mengklarifikasi sejumlah kompleks spesies dan menemukan spesies kriptik yang sebelumnya tidak diketahui (Beebe *et al.*, 2015). Untuk contohnya, data molekuler telah mengungkap variasi tersembunyi dalam kompleks *Anopheles*, kompleks *Culex pipiens* dan kompleks *Aedes scutellaris*. Keberadaan spesies lain yang belum dijelaskan dalam kelompok-kelompok seperti kompleks *Anopheles punctulatus* ditunjukkan oleh keragaman genetik intraspesifik yang luas.

Filogeni molekuler, bersama dengan data fosil dan studi biogeografi, memberikan wawasan berharga tentang asal-usul geografis dan diversifikasi garis keturunan nyamuk yang signifikan. Berdasarkan bukti yang ada, diyakini bahwa Culicidae pertama kali muncul selama periode Jurassic lebih dari 145 juta tahun yang lalu. Nyamuk asli kemungkinan melakukan perkembangbiakan di kolam dan hidup di hutan tropis. Dua subfamili yang ada, Anophelinae dan Culicinae, terpisah selama periode Cretaceous awal. Sebagian besar fosil nyamuk berasal dari periode Eosen, periode di mana banyak genus dan subgenus kontemporer muncul (Neafsey *et al.*, 2015), Aedini dan Sabethini menunjukkan radiasi yang luas selama periode Kenozoikum. Radiasi ini kemungkinan dipicu oleh diversifikasi mamalia dan burung, yang menawarkan inang tambahan untuk makan darah. Saat ini, distribusi nyamuk terutama ditemukan di lokasi tropis, dengan

wilayah Neotropis memiliki jumlah spesies yang sangat tinggi. Analisis filogenetik menunjukkan bahwa beberapa peristiwa spesiesasi baru-baru ini dipengaruhi oleh isolasi geografis dan proses adaptasi terhadap habitat baru. siklus iklim Pleistosen dan episode variasi geografis diyakini telah memainkan peran signifikan dalam mempromosikan keanekaragaman dalam berbagai kelompok. Studi terbaru menggunakan mitogenom dan penanggalan divergensi yang dikalibrasi fosil untuk menganalisis hubungan dan asal-usul biogeografis subgenus *Anopheles*.

Hubungan evolusioner di antara organisme dan faktor ekologi memengaruhi penyebaran dan dampak pada penularan penyakit. Meneliti hubungan evolusioner nyamuk dapat membantu meningkatkan pemahaman kita tentang ekologi dan evolusi penyakit yang ditularkan oleh nyamuk. Hubungan filogenetik antara spesies nyamuk memengaruhi kemampuannya untuk menularkan berbagai penyakit. Spesies *Anopheles* adalah satu-satunya penyebar parasit malaria yaitu *Plasmodium*. Namun, kemampuan untuk menularkan *Plasmodium* mungkin berbeda secara signifikan di antara spesies yang berbeda dalam genus *Anopheles*. Selain itu, penularan virus dengue dan Zika terutama difasilitasi oleh spesies *Aedes*. Penyelidikan filogenetik yang dilakukan dalam genus *Anopheles* telah menemukan vektor malaria yang menunjukkan efisiensi yang lebih tinggi. Subgenus *Cellia* dan *Nyssorhynchus* mencakup sebagian besar vektor utama, sedangkan spesies *Anopheles* terutama dianggap sebagai vektor sekunder atau minor. Pola ini kemungkinan besar merupakan hasil dari koevolusi jangka panjang antara nyamuk dan parasit. Studi sebelumnya telah mengungkapkan hasil serupa terkait penularan nyamuk *Aedes* dan arbovirus. Filogenetik dapat meningkatkan

upaya identifikasi vektor dengan memungkinkan program pengendalian penyakit untuk fokus pada spesies vektor yang paling efektif. Spesies kriptik, yang sering memainkan peran berbeda dalam penyebaran patogen, juga dapat dideteksi. Misalnya, terdapat dua bentuk molekuler berbeda dari *An. gambiae*, disebut M dan S. Keduanya tidak dapat bereproduksi satu sama lain. Bentuk-bentuk ini memiliki kebiasaan makan yang berbeda dan bervariasi dalam kerentanan mereka terhadap Plasmodium (Liu *et al.*, 2022).

Meskipun telah dicapai kemajuan signifikan dalam bidang filogenetik nyamuk, berbagai hambatan masih ditemukan. Hubungan taksonomi tingkat tinggi dalam keluarga Culicidae belum sepenuhnya terpecahkan, dan masih ada banyak spesies yang belum diidentifikasi atau memiliki klasifikasi taksonomi yang dipertanyakan. Pengambilan sampel taksonomi tambahan dan basis data molekuler yang lebih kurang diteliti dan kelompok spesies yang kurang dikenal. Metode filogenomik yang memanfaatkan sejumlah besar lokus nuklear atau bahkan genom menunjukkan potensi besar untuk penelitian di masa depan. Tujuan lain adalah untuk menentukan lingkup penuh keragaman spesies kriptik. Penelitian komprehensif tentang kompleks spesies memerlukan penggunaan beberapa penanda nuklear dan mitokondria, eksperimen persilangan, serta analisis data ekologi dan perilaku. Untuk memahami tren filogeografis dalam spesies dan merekonstruksi jalur kolonisasi, diperlukan peningkatan jumlah sampel populasi yang diambil. Studi genom populasi dapat menyelidiki masalah ini dan memberikan pemahaman tentang migrasi nyamuk, pertukaran genetik dan adaptasi lokal. Hal ini penting untuk memastikan bahwa informasi filogenetik dan taksonomi nyamuk tersedia dengan mudah dan praktis bagi program pengendalian

vektor dan praktisi kesehatan masyarakat. Perpustakaan daring dan alat identifikasi dapat membantu dalam pemisahan spesies yang tepat dan mengarahkan upaya pengelolaan yang terfokus. Tujuan utama haruslah meningkatkan koneksi antara sistematika nyamuk dan bidang praktis seperti epidemiologi dan biologi vektor (Tripathy *et al.*, 2010).

Untuk menggambarkan hubungan filogeni metode filogenetik yang umum digunakan dalam penelitian nyamuk meliputi *Maximum Likelihood* (ML) dan *Bayesian Inference* (BI). Metode-metode ini menyediakan kerangka kerja yang kokoh untuk membangun pohon filogenetik dan memperkirakan waktu divergensi. Misalnya, metode *Bayesian Inference* digunakan untuk memperkirakan waktu divergensi dalam studi nyamuk Neotropis, memberikan dukungan yang kokoh untuk monofili beberapa famili nyamuk. Demikian pula, analisis ML dan BI digunakan untuk menyelidiki hubungan filogenetik dalam kompleks *Culex pipiens*, mengungkapkan pola kompleks diferensiasi genetik dan campuran historis. Metode lain, seperti jaringan filogenetik dan barcoding SNP, juga telah diterapkan untuk mengungkap pola evolusi dan identifikasi spesies (López-Rubio *et al.*, 2019).

7.1.3 Hubungan Evolusi di Antara Speseis Nyamuk

Hubungan filogenetik di dalam genus utama (Anopheles, Aedes, Culex, dll.) dalam studi filogenetik telah memberikan wawasan signifikan tentang hubungan evolusi di dalam genus nyamuk utama seperti Anopheles, Aedes, dan Culex. Misalnya, analisis filogenetik spesies Anopheles di Arab Saudi mengungkapkan garis keturunan yang berbeda sesuai dengan zona zoogeografis yang berbeda, menyoroti sifat monofiletik *An. stephensi* dan berbagai ekotipnya

(Munawar *et al.*, 2020). Demikian pula, studi komprehensif tentang genom mitokondria 102 spesies nyamuk, termasuk perwakilan dari 21 genus, mengonfirmasi monofili subfamili Anophelinae dan beberapa suku dalam Culicinae, seperti Aedini dan Culicini. Studi ini juga menyarankan bahwa diversifikasi kelompok-kelompok ini bertepatan dengan peristiwa geologis dan biologis yang signifikan, seperti kemunculan tumbuhan berbunga dan perluasan mamalia dan burung (Lorenz *et al.*, 2021).

Dalam kasus kompleks *Culex pipiens*, urutan genomik berkapasitas tinggi telah mengungkap pola evolusi yang kompleks yang dipengaruhi oleh seleksi alam dan proses demografis. Kompleks ini menyediakan sistem unik untuk mempelajari spesiesasi dan radiasi taksonomi, dengan implikasi untuk memahami jalur evolusi spesies kosmopolitan dan invasif lainnya (Aardema *et al.*, 2020). Selain itu, penggunaan gen subunit I oksidase sitokrom C (COI) telah berperan penting dalam mengungkap divergensi genetik dan sejarah evolusi berbagai spesies nyamuk, mengonfirmasi pengelompokan yang berbeda dalam genus dan memberikan bukti pembentukan kompleks spesies.

7.1.4 Koevolusi dengan Inang dan Pathogen

Koevolusi nyamuk dengan inang dan patogen menurut Anoopkumar *et al.*, (Anoopkumar *et al.*, 2019) merupakan aspek kritis dalam sejarah evolusi mereka. Simbion *Wolbachia*, misalnya, telah ditemukan pada berbagai spesies nyamuk dan memainkan peran penting dalam biologi mereka. Analisis filogenetik infeksi *Wolbachia* pada nyamuk telah menunjukkan asal-usul infeksi yang beragam dan hubungan genetik antara nyamuk dan inang non-nyamuk, yang mengindikasikan rekombinasi strain baru-baru ini dan transfer simbio.

Hubungan koevolusi ini dapat memengaruhi kebugaran nyamuk, kesuksesan reproduksi dan kemampuan vektor, sehingga memengaruhi dinamika penularan penyakit. Selain itu, distribusi geografis dan prevalensi spesies nyamuk dipengaruhi oleh interaksi mereka dengan inang dan patogen. Misalnya, penemuan spesies nyamuk baru di Kabupaten Charlotte, Florida, menyoroti dampak perubahan iklim dan konektivitas global yang meningkat terhadap distribusi nyamuk (Kovach *et al.*, 2022). Perubahan ini dapat mengubah dinamika koevolusi antara nyamuk, inang mereka, dan patogen yang mereka transmisikan, berpotensi menyebabkan munculnya penyakit oleh vektor baru.

7.1.5 Analisis Filogeografis

Analisis filogeografis spesimen penting karena mendukung inferensi tentang garis besar penularan vektor saat ini dan rute impor maksimumnya serta pola distribusi spesies yang bersangkutan. Selain itu, pohon filogenetik adalah diagram pohon yang menggambarkan jarak genetik dan hubungan evolusi antara spesies organisme yang berbeda. Biasanya, individu dari spesies yang sama ditempatkan dalam satu klade atau kelompok, sedangkan spesimen dari spesies yang berbeda dikelompokkan ke dalam kluster yang berbeda tergantung pada kesamaan dan perbedaan urutan DNA mereka. Selain itu, alat bioinformatika yang digunakan untuk konstruksi pohon menggunakan berbagai metode statistik (*neighbor joining*, *maximum likelihood*, *minimum evolution*, *UPGM*, dan *maximum parsimony*, model jarak [*p-distance*], model Kimura 2 parameter, model Tajima-Nei, LogDet [Tamura-Kumar], dan *maximum composite likelihood*) yang menentukan pola pembentukan klade dan jarak di antara urutan. Selain itu, meskipun penggunaan metode statistik untuk

konstruksi filogeni yang bervariasi tergantung pada data yang dianalisis, metode *neighbor joining* sering digunakan untuk analisis spesies nyamuk oleh berbagai penulis (Taira *et al.*, 2012).

Para penulis menggunakan model jarak Kimura 2 parameter bersama dengan dukungan *bootstrap*. Meskipun demikian, pohon NJ tetap menjadi pilihan utama peneliti untuk analisis filogeni nyamuk; namun, pohon ini memiliki beberapa kelemahan, yang menimbulkan pertanyaan tentang keandalan pohon tersebut. Pohon ini bersifat fenetik namun bukan filogenetik, dan klade terbentuk berdasarkan kesamaan holistik di antara urutan tanpa mempertimbangkan Sinapomorfisme. makanya hubungan antar spesies yang terungkap dalam pohon NJ (Kumar *et al.*, 2007). Namun, variasi urutan yang berlebihan dapat diinvestigasi melalui pohon NJ terkait nyamuk. Di sisi lain, menggunakan maksimum likelihood sebagai metode statistik untuk menginvestigasi hubungan filogenetik di antara spesimen nyamuk yang dikumpulkan dari Kota Hyderabad, India, menyarankan ketidakstabilan dalam penggunaan parameter spesifik untuk analisis filogeni dan pengelompokan spesies. Selain itu, Besansky *et al.*, (Besansky *et al.*, 1997) mengusulkan dalam pohon filogenetik bahwa spesies yang termasuk dalam takson *Ochlerotatus* ditempatkan di antara dua kluster, yaitu *Ae. aegypti* dan *Ae. Albopictus*, takson tersebut dianggap sebagai subgenus yang termasuk dalam genus *Aedes*. Lebih lanjut, dalam kasus beberapa spesies, tidak cukup urutan referensi ditemukan dalam basis data urutan dan tidak semua spesimen diidentifikasi hingga tingkat spesies; beberapa mungkin hanya diidentifikasi hingga tingkat famili atau genus tergantung ketersediaan urutan referensi yang diperlukan dalam basis data DNA. Demikian pula, Kumar *et al.*, (Kumar *et al.*, 2007)

menyatakan bahwa analisis berbasis barcode DNA tidak memiliki nilai dalam semua kasus yang diteliti karena ketidak tersediaannya basis data urutan referensi. Akibatnya, hal ini menyoroti perlunya mengembangkan dan menggunakan basis data komprehensif yang mencakup semua informasi yang diperlukan oleh peneliti secara global untuk mengatasi masalah yang ada terkait analisis taksonomi dan filogeni.

7.2 Tantangan dan Batasan dalam Studi Filogenetik

Studi filogenetik pada nyamuk menghadapi beberapa tantangan dan keterbatasan. Salah satu tantangan utama adalah penentuan hubungan filogenetik di antara spesies yang sangat terkait atau dalam kompleks spesies, seperti yang terlihat pada kompleks *Culex pipiens*, di mana pertukaran genetik yang terus berlangsung dan campuran historis menyulitkan penelusuran sejarah evolusi yang jelas (Aardema *et al.*, 2020). Selain itu, pemilihan penanda genetik dan kualitas data urutan dapat secara signifikan memengaruhi hasil. Misalnya, gen COI telah banyak digunakan untuk barcoding DNA, tetapi mungkin tidak selalu memberikan resolusi yang cukup untuk membedakan antara spesies yang erat kaitannya, seperti yang diamati pada nyamuk di Inggris (Anoopkumar *et al.*, 2019). Selain itu, variabilitas dalam hubungan filogenetik tergantung pada metode yang digunakan (misalnya, analisis terkonkatenasi vs terpartisi) dan jumlah takson yang dianalisis dapat mempersulit interpretasi hasil (Lorenz *et al.*, 2021). Akhirnya, integrasi data morfologis, perilaku, dan ekologi dengan filogenetik molekuler sangat penting untuk pemahaman komprehensif tentang evolusi nyamuk dan kapasitas vektornya.

Pseudogen Mitokondria Nuklear (Numts) pada awal era barcoding DNA, terdapat banyak masalah dalam mengidentifikasi spesies menggunakan urutan gen COI, di mana amplifikasi gen nuklear non-koding dengan wilayah gen mitokondria merupakan salah satu masalah utama (Richly & Leister, 2004). Keberadaan kesalahan semacam ini diprediksi melalui pengamatan band misterius dalam analisis PCR, kesalahan terkait urutan, mutasi dalam urutan berupa pergeseran bingkai/ frame shift, dan keberadaan stop kodon dalam urutan gen. Selain itu ambiguitas semacam ini dilaporkan oleh Cywinska *et al.*, (Cywinska *et al.*, 2006), yang menemukan satu pseudogen saat menganalisis barcode DNA spesies nyamuk asal Kanada. Selain itu amplifikasi gen semacam ini dapat menghambat analisis basis leluhur dan filogeni spesies dan gen-gen ini mengganggu identifikasi spesies yang akurat. Namun, ada kemungkinan untuk menghindari situasi ini jika ekstraksi DNA yang hanya berasal dari mitokondria diutamakan, disertai dengan pengembangan primer PCR yang spesifik takson untuk amplifikasi penanda molekuler target, solusi lain untuk masalah ini dengan menyatakan bahwa pengurutan genom mitokondria secara keseluruhan dapat mendeteksi keberadaan Numts. Menariknya Bensasson *et al.*, (Bensasson *et al.*, 2001) mengklaim bahwa analisis NJ dapat digunakan untuk mendeteksinya karena penempatan klade yang tidak teratur dan tidak terduga terdapat dalam pohon filogenetik.

7.3 Implikasi Sejarah Evolusi Terhadap Penularan Penyakit

Sejarah evolusi nyamuk memiliki implikasi mendalam terhadap penularan penyakit, dimana hubungan filogenetik dalam genus nyamuk dapat memberikan wawasan untuk strategi pengendalian vektor dengan mengidentifikasi spesies dan garis keturunan kunci yang terlibat dalam

penularan penyakit. Misalnya, pemahaman tentang divergensi genetik dan sejarah evolusi nyamuk vektor dapat membantu dalam mengembangkan intervensi terarah untuk mengganggu siklus penularan (Anoopkumar *et al.*, 2019).

Selain itu, koevolusi nyamuk dengan simbion *Wolbachia* dan patogen lain dapat memengaruhi kemampuan vektor. Kehadiran *Wolbachia* dalam populasi nyamuk telah terbukti mengurangi penularan patogen tertentu, menawarkan strategi biokontrol potensial untuk penyakit yang ditularkan oleh vektor (Shaikovich *et al.*, 2019). Selain itu, analisis filogenetik spesies nyamuk di zona zoogeografis yang berbeda dapat memberikan wawasan tentang penyebaran penyakit seperti malaria, seperti yang terlihat dalam studi spesies *Anopheles* di Arab Saudi (Munawar *et al.*, 2020). Hubungan evolusi di antara spesies nyamuk, koevolusi mereka dengan inang dan patogen, serta implikasi sejarah evolusi mereka terhadap penularan penyakit merupakan bidang penelitian yang kritis. Wawasan ini dapat mendukung pengembangan strategi pengendalian vektor yang efektif dan meningkatkan pemahaman kita tentang dinamika penyakit yang ditularkan oleh vektor.

7.4 Studi Kasus

7.4.1 Pemilihan Lokasi Studi

Pemilihan lokasi studi untuk identifikasi spesies nyamuk dan analisis filogenetik sangat penting untuk memahami keragaman dan hubungan evolusi vektor-vektor ini di berbagai zona ekologi. Misalnya, wilayah Neotropis dipilih untuk studi yang meneliti genom mitokondria, 102 spesies nyamuk menyoroti kekayaan biodiversitas wilayah tersebut dan implikasinya bagi evolusi nyamuk dan kesehatan masyarakat (Lorenz *et al.*, 2021). Demikian pula, Kerajaan Arab Saudi (KSA) dipilih

karena posisinya yang unik di perbatasan zona zoogeografis Afrotropis, Oriental, dan Palaearktik, yang berkontribusi pada keragaman fauna nyamuknya (Munawar *et al.*, 2020). Hutan hujan Kolombia, khususnya Sierra Nevada de Santa Marta, merupakan lokasi penting lainnya karena ekosistem alaminya dan keberadaan spesies nyamuk sylvatik yang berpotensi menjadi vektor arbovirus dan parasit. Lokasi-lokasi beragam ini memberikan pemahaman komprehensif tentang filogenetik spesies nyamuk dan perannya dalam penularan penyakit.

7.4.2 Pengumpulan Data

Metodologi yang digunakan dalam studi ini umumnya melibatkan kombinasi taksonomi klasik dan teknik molekuler. Dalam studi Neotropis, genom mitokondria diurutkan, dan metode Bayesian Interference digunakan untuk memperkirakan waktu divergensi, memberikan analisis filogenetik yang kokoh (Lorenz *et al.*, 2021). Di KSA, larva nyamuk dikumpulkan dari berbagai wilayah dan diidentifikasi secara morfologis menggunakan kunci gambar. Karakterisasi molekuler dilakukan menggunakan analisis tunggal dan multi-lokus pada wilayah internal transcribed spacer 2 (ITS2) dan subunit I sitokrom oksidase c (COI) (Munawar *et al.*, 2020). Dalam studi hutan hujan Kolombia, metode penangkapan manual digunakan untuk mengumpulkan nyamuk, yang kemudian diidentifikasi melalui taksonomi klasik. Marker COI digunakan untuk konfirmasi spesies, dan analisis filogenetik dilakukan menggunakan metode neighbor-joining dengan model Kimura-2-Parameters (Muñoz-Gamba *et al.*, 2021). Metode-metode ini memastikan identifikasi spesies yang akurat dan memberikan

wawasan tentang variabilitas genetik dan hubungan filogenetik spesies nyamuk.

7.4.3 Temuan Utama dan Implikasi

Temuan utama dari studi ini menyoroti kompleksitas dan keragaman spesies nyamuk serta hubungan evolusioner mereka. Studi Neotropis menunjukkan bahwa dua subfamili nyamuk, Anophelinae dan Culicinae, bercabang pada awal Jurassic, dengan sebagian besar garis keturunan utama muncul setelah periode Cretaceous. Diversifikasi ini terkait dengan kemunculan tumbuhan berbunga dan perluasan mamalia dan burung, menyarankan bahwa isolasi geografis akibat pergerakan benua berperan dalam distribusi global Culicidae (Lorenz *et al.*, 2021). Di KSA, analisis filogenetik menunjukkan bahwa *An. stephensi* adalah spesies monofiletik dengan ekotipe yang berbeda ditemukan di berbagai wilayah geografis, menekankan perlunya studi filogenetik dan genetika populasi yang komprehensif untuk memahami perannya dalam penularan malaria (Munawar *et al.*, 2020). Studi hutan hujan Kolombia mengidentifikasi beberapa spesies nyamuk dan menunjukkan kegunaan menggabungkan taksonomi klasik dan molekuler untuk identifikasi spesies yang akurat, terutama ketika karakteristik morfologis tidak terjaga dengan baik (Muñoz-Gamba *et al.*, 2021).

Temuan ini memiliki implikasi signifikan bagi kesehatan masyarakat dan strategi pengendalian vektor. Memahami hubungan filogenetik dan variabilitas genetik spesies nyamuk dapat mendukung pengembangan langkah pengendalian yang ditargetkan dan meningkatkan akurasi identifikasi spesies, yang esensial untuk pemantauan vektor yang efektif dan program pencegahan penyakit.

7.5 Implikasi bagi Kesehatan Masyarakat dan Pengendalian Penyakit

7.5.1 Peran Identifikasi Spesies yang Akurat dalam Pengendalian Vektor

Identifikasi spesies nyamuk yang akurat sangat penting untuk pengendalian vektor dan pencegahan penyakit yang efektif. Kesalahan identifikasi dapat menyebabkan langkah pengendalian yang tidak efektif dan pemborosan sumber daya. Misalnya, studi di Spanyol menyoroti pentingnya menggabungkan analisis morfologis dan genetik untuk mengidentifikasi spesies nyamuk secara akurat, yang merupakan langkah pertama dalam menetapkan program pemantauan vektor yang efisien (Ruiz-Arrondo *et al.*, 2020). Demikian pula, DNA barcoding terbukti sebagai pendekatan molekuler yang efektif untuk mengidentifikasi spesies nyamuk di Thailand, memastikan penargetan yang tepat dalam upaya pengendalian vektor. Penggunaan morfometri geometris sayap nyamuk juga menyediakan metode yang handal untuk identifikasi spesies, bahkan ketika spesimen rusak, yang sering terjadi dalam pengumpulan lapangan (Chonephetsarath *et al.*, 2021).

7.5.2 Wawasan Filogenetik tentang Kompetensi Vektor dan Dinamika Penyakit

Studi filogenetik memberikan wawasan berharga tentang kompetensi vektor spesies nyamuk yang berbeda dan perannya dalam penularan penyakit. Misalnya, penelitian tentang spesies nyamuk Australia telah memperkuat kelompok virus-vektor tetapi juga mengungkapkan variasi signifikan di dalam kelompok-kelompok ini, menyoroti kompleksitas dinamika

penularan arbovirus (Kain *et al.*, 2022b); (Kain *et al.*, 2022a). Analisis filogenetik densovirus baru yang diisolasi dari *Aedes albopictus* menunjukkan patogenisitas yang bervariasi tergantung pada spesies inang, yang dapat menjadi dasar pengembangan agen pengendalian biologis yang ditargetkan (Li *et al.*, 2019). Selain itu, studi tentang virome pada *Aedes aegypti* dan *Aedes albopictus* telah memperluas pemahaman kita tentang keragaman dan evolusi virus dalam vektor-vektor ini, yang dapat memengaruhi kerentanan mereka terhadap infeksi arbovirus dan berdampak pada dinamika penyakit (Parry *et al.*, 2021)

7.5.3 Strategi Pengelolaan Nyamuk Terpadu

Strategi pengelolaan nyamuk terpadu (IMM) sangat penting untuk mengendalikan populasi nyamuk dan mengurangi penularan penyakit yang ditularkan oleh nyamuk. Kemunculan resistensi insektisida menjadi tantangan signifikan bagi metode pengendalian vektor tradisional. Sebuah studi tentang populasi *Aedes aegypti* di Cabo Verde menunjukkan kegunaan sekuensing ampikon yang ditargetkan untuk memantau mutasi resistensi insektisida, menyediakan alat yang cepat dan efisien dengan biaya untuk mendukung strategi pengendalian (Collins *et al.*, 2022). Penggunaan virus entomopatogenik spesifik nyamuk, seperti densovirus baru AalDV-7, menawarkan alternatif menjanjikan bagi pestisida kimia, dengan potensi aplikasi dalam program pengendalian biologis (Li *et al.*, 2019). Selain itu, sekuensing meta transkriptom individu nyamuk dapat mengidentifikasi vektor, patogen baru dan reservoir dalam satu uji, menyediakan data komprehensif untuk mendukung pemantauan kesehatan masyarakat dan keputusan intervensi. Dengan mengintegrasikan identifikasi spesies yang akurat, wawasan filogenetik

dan strategi pengendalian inovatif, program kesehatan masyarakat dapat meningkatkan efektivitasnya dalam mengelola populasi nyamuk dan mengurangi dampak penyakit yang ditularkan oleh nyamuk.

7.6 Kemajuan Teknologi dan Arah Masa Depan

7.6.1 Inovasi dalam Teknologi Identifikasi (CRISPR, AI, dll)

Kemajuan terbaru dalam identifikasi spesies nyamuk telah memanfaatkan teknologi mutakhir seperti CRISPR dan kecerdasan buatan (AI). Teknologi CRISPR telah berperan penting dalam pengeditan gen, memungkinkan modifikasi presisi yang dapat membantu memahami genetika nyamuk dan potensial mengendalikan populasi vektor. AI, di sisi lain, telah digunakan untuk meningkatkan akurasi identifikasi spesies melalui pengenalan gambar dan algoritma pembelajaran mesin. Misalnya, morfometri geometris sayap yang dikombinasikan dengan AI telah menunjukkan akurasi tinggi dalam mengidentifikasi spesies nyamuk, bahkan dalam kasus di mana metode morfologi tradisional gagal karena spesimen yang rusak atau kompleks spesies kriptik (de Souza *et al.*, 2020). Selain itu, penggunaan barcoding DNA mitokondria telah terbukti efektif dalam mengidentifikasi spesies nyamuk secara akurat, seperti yang ditunjukkan dalam studi yang dilakukan di Thailand (Chaiphongpachara *et al.*, 2022) dan India (Anoopkumar *et al.*, 2019). Inovasi-inovasi ini membuka jalan bagi metode identifikasi nyamuk yang lebih andal dan efisien, yang sangat penting untuk pengendalian vektor dan pencegahan penyakit.

7.6.2 Tren Masa Depan dalam Penelitian Filogenetik

Bidang penelitian filogenetik berkembang dengan integrasi teknologi sekuensing genomik canggih dan alat analitis yang kompleks. Sekuensing genomik berkapasitas tinggi memungkinkan analisis rinci pola evolusi pada gen dan genom nyamuk, memberikan wawasan tentang spesiesasi dan radiasi taksonomi (Aardema *et al.*, 2020). Studi filogenetik berbasis mitogenom telah mengungkap hubungan evolusi yang signifikan dan waktu divergensi di dalam keluarga Culicidae, menyoroti dampak peristiwa historis seperti kemunculan tumbuhan berbunga dan perluasan mamalia dan burung terhadap diversifikasi nyamuk (Chen *et al.*, 2024). Tren masa depan dalam penelitian filogenetik kemungkinan akan berfokus pada integrasi data multi-lokus dan penggunaan metode Bayesian dan maksimum-kemungkinan untuk menyelesaikan hubungan ambigu di antara klade nyamuk (Lorenz *et al.*, 2021); (Munawar *et al.*, 2020). Pendekatan ini akan meningkatkan pemahaman kita tentang evolusi nyamuk dan memberikan wawasan untuk strategi pengendalian vektor dan mitigasi penyakit.

7.6.3 Potensi Integrasi Pendekatan Multi-Omics

Integrasi pendekatan multi-omics, termasuk genomik, transkriptomik, proteomik, dan metabolomik, memiliki potensi besar untuk memajukan penelitian nyamuk. Pendekatan ini dapat memberikan pemahaman komprehensif tentang biologi nyamuk, mulai dari ekspresi gen dan fungsi protein hingga jalur metabolik. Misalnya, penerapan RNA sequencing (RNA-seq) telah memungkinkan penilaian simultan RNA inang dan virus dalam spesimen nyamuk, meningkatkan pemahaman kita tentang interaksi antara nyamuk dan virus (Koh *et al.*, 2023). Selain itu, studi tentang virome nyamuk *Aedes*

telah mengungkap beragam virus spesifik serangga, yang dapat memengaruhi kerentanan nyamuk terhadap infeksi arbovirus (Parry *et al.*, 2021). Dengan menggabungkan data dari berbagai platform omics, peneliti dapat memperoleh wawasan yang lebih dalam tentang mekanisme molekuler yang mendasari perilaku nyamuk, kemampuan vektor, dan dinamika evolusi. Pendekatan holistik ini akan menjadi kunci dalam mengembangkan strategi pengendalian vektor baru dan meningkatkan kemampuan kita untuk memprediksi dan merespons penyakit yang ditularkan oleh nyamuk yang muncul. Integrasi teknologi identifikasi inovatif, metode filogenetik canggih, dan pendekatan multi-omics sedang mengubah penelitian nyamuk. Kemajuan ini tidak hanya meningkatkan pemahaman kita tentang biologi dan evolusi nyamuk, tetapi juga menyediakan alat dan strategi baru untuk pengendalian vektor yang efektif dan pencegahan penyakit.

Identifikasi dan analisis filogenetik spesies nyamuk sangat penting untuk memahami perannya dalam penularan penyakit dan untuk mengembangkan strategi pengendalian yang efektif. Berbagai metode, termasuk identifikasi morfologis, barcoding DNA, dan analisis mitogenom, telah digunakan untuk mengidentifikasi dan mengklasifikasikan spesies nyamuk. Identifikasi morfologis tetap menjadi pendekatan dasar tetapi seringkali dihadapkan pada kurangnya keahlian taksonomi dan kesulitan dalam menafsirkan karakter morfologis. DNA barcoding, terutama menggunakan gen sitokrom c oksidase subunit I (COI) mitokondria, telah terbukti efektif dalam mengidentifikasi spesies nyamuk secara akurat, bahkan ketika karakter morfologis rusak atau tidak dapat dibedakan. Studi filogenetik berbasis mitogenom telah memberikan dukungan yang kuat untuk monofili subfamili dan suku nyamuk utama, mengungkapkan wawasan evolusioner yang signifikan.

Selain itu, studi tentang virome nyamuk telah memperluas pemahaman kita tentang interaksi antara virus spesifik serangga dan arbovirus, yang dapat memengaruhi kerentanan nyamuk terhadap penularan penyakit.

Meskipun telah terjadi kemajuan signifikan, beberapa celah masih ada dalam pemahaman kita tentang identifikasi dan filogenetik nyamuk. Salah satu tantangan utama adalah keterbatasan ketersediaan kunci identifikasi komprehensif dan keahlian taksonomi, terutama di wilayah dengan keragaman nyamuk yang tinggi. Diperlukan juga studi molekuler dan filogenetik yang lebih luas untuk menyelesaikan hubungan ambigu antara klade nyamuk dan mengidentifikasi spesies kriptik. Variabilitas genetik dan dinamika evolusi populasi nyamuk di berbagai wilayah geografis memerlukan penyelidikan lebih lanjut untuk memahami perannya dalam penularan penyakit dan adaptasi terhadap lingkungan yang berubah. Selain itu, interaksi antara virus spesifik serangga dan arbovirus dalam inang nyamuk belum sepenuhnya dipahami, sehingga memerlukan penelitian lebih lanjut untuk mengungkap dampaknya terhadap kompetensi vektor.

Masa depan identifikasi nyamuk dan filogenetik terletak pada integrasi berbagai pendekatan, termasuk metode morfologis, molekuler dan genomik. Kemajuan dalam sekuensing genom berkapasitas tinggi dan alat bioinformatika akan memungkinkan analisis yang lebih rinci dan komprehensif terhadap genom nyamuk, memberikan wawasan yang lebih dalam tentang sejarah evolusi dan mekanisme spesiesasi mereka. Pengembangan teknik barcoding DNA yang lebih mudah diakses dan terjangkau akan memudahkan identifikasi spesies yang akurat, bahkan di lingkungan dengan sumber daya terbatas. Selain itu, penelitian interdisipliner yang menggabungkan entomologi, virologi, dan ekologi akan menjadi kunci untuk memahami interaksi kompleks antara nyamuk, patogennya,

dan lingkungan. Dengan mengatasi celah pengetahuan saat ini dan memanfaatkan teknologi baru, kita dapat meningkatkan kemampuan untuk memantau dan mengendalikan populasi nyamuk, pada akhirnya mengurangi beban penyakit yang ditularkan oleh nyamuk secara global.

DAFTAR PUSTAKA

- Aardema, M. L., VonHoldt, B. M., Fritz, M. L., & Davis, S. R. (2020). Global evaluation of taxonomic relationships and admixture within the *Culex pipiens* complex of mosquitoes. *Parasites & Vectors*, 13(1), 8. <https://doi.org/10.1186/s13071-020-3879-8>
- Anoopkumar, A. N., Puthur, S., Rebello, S., & Aneesh, E. M. (2019). Molecular characterization of *Aedes*, *Culex*, *Anopheles*, and *Armigeres* vector mosquitoes inferred by mitochondrial cytochrome oxidase I gene sequence analysis. *Biologia*, 74(9), 1125–1138. <https://doi.org/10.2478/s11756-019-00231-0>
- Beebe, N. W., Russell, T., Burkot, T. R., & Cooper, R. D. (2015). *Anopheles punctulatus* group: evolution, distribution, and control. *Annual Review of Entomology*, 60, 335–350. <https://doi.org/10.1146/annurev-ento-010814-021206>
- Bensasson, D., Zhang, D.-X., Hartl, D. L., & Hewitt, G. M. (2001). Mitochondrial pseudogenes: evolution's misplaced witnesses. *Trends in Ecology & Evolution*, 16(6), 314–321. [https://doi.org/10.1016/s0169-5347\(01\)02151-6](https://doi.org/10.1016/s0169-5347(01)02151-6)
- Besansky, N. J., Lehmann, T., Fahey, G. T., Fontenille, D., Braack, L. E., Hawley, W. A., & Collins, F. H. (1997). Patterns of mitochondrial variation within and between African malaria vectors, *Anopheles gambiae* and *An. arabiensis*, suggest extensive gene flow. *Genetics*, 147(4), 1817–1828. <https://doi.org/10.1093/genetics/147.4.1817>
- Chaiphongpachara, T., Changbunjong, T., Laojun, S., Nutepsu, T., Suwandittakul, N., Kuntawong, K., Sumruayphol, S., & Ruangsittichai, J. (2022). Mitochondrial DNA

- barcoding of mosquito species (Diptera: Culicidae) in Thailand. *PLOS ONE*, 17(9), e0275090. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0275090>
- Chen, D., He, S., Fu, W., Yan, Z., Hu, Y., Yuan, H., Wang, M., & Chen, B. (2024). Mitogenome-based phylogeny of mosquitoes (Diptera: Culicidae). *Insect Science*, 31(2), 599–612. <https://doi.org/10.1111/1744-7917.13251>
- Chonephetsarath, S., Raksakoon, C., Sumruayphol, S., Dujardin, J.-P., & Potiwat, R. (2021). The Unequal Taxonomic Signal of Mosquito Wing Cells. *Insects*, 12(5), 376. <https://doi.org/10.3390/insects12050376>
- Collins, E. L., Phelan, J. E., Hubner, M., Spadar, A., Campos, M., Ward, D., Acford-Palmer, H., Gomes, A. R., Silva, K., Ferrero Gomez, L., Clark, T. G., & Campino, S. (2022). A next generation targeted amplicon sequencing method to screen for insecticide resistance mutations in *Aedes aegypti* populations reveals a *rdl* mutation in mosquitoes from Cabo Verde. *PLOS Neglected Tropical Diseases*, 16(12), e0010935. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0010935>
- Cywinska, A., Hunter, F. F., & Hebert, P. D. N. (2006). Identifying Canadian mosquito species through DNA barcodes. *Medical and Veterinary Entomology*, 20(4), 413–424. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2915.2006.00653.x>
- de Souza, A. L. da S., Multini, L. C., Marrelli, M. T., & Wilke, A. B. (2020). Wing geometric morphometrics for identification of mosquito species (Diptera: Culicidae) of neglected epidemiological importance. *Acta Tropica*, 211, 105593. <https://doi.org/10.1016/j.actatropica.2020.105593>
- Kabir, M. I., Ibrahim, Z., Sopian, K., & Amin, N. (2010). Effect of

structural variations in amorphous silicon based single and multi-junction solar cells from numerical analysis. *Solar Energy Materials and Solar Cells*, 94(9), 1542–1545.

<https://doi.org/10.1016/j.solmat.2009.12.031>

Kain, M. P., Skinner, E. B., Athni, T. S., Ramirez, A. L., Mordecai, E. A., & van den Hurk, A. F. (2022a). Not all mosquitoes are created equal: A synthesis of vector competence experiments reinforces virus associations of Australian mosquitoes. *PLOS Neglected Tropical Diseases*, 16(10), e0010768. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0010768>

Kain, M. P., Skinner, E. B., Athni, T. S., Ramirez, A. L., Mordecai, E. A., & van den Hurk, A. F. (2022b). *Not all mosquitoes are created equal: incriminating mosquitoes as vectors of arboviruses*. <https://doi.org/10.1101/2022.03.08.22272101>

Koh, C., Frangeul, L., Blanc, H., Ngoagouni, C., Boyer, S., Dussart, P., Grau, N., Girod, R., Duchemin, J.-B., & Saleh, M.-C. (2023). Ribosomal RNA (rRNA) sequences from 33 globally distributed mosquito species for improved metagenomics and species identification. *ELife*, 12. <https://doi.org/10.7554/eLife.82762>

Kovach, B. C., Reeves, L. E., Domingo, C., L'heureux, S. N., Burger, G. V., Schermerhorn, S. D., & Riles, M. T. (2022). *Aedes pertinax*, *Anopheles perplexens*, *Culex declarator*, and *Cx. interrogator*: An Update of Mosquito Species Records for Charlotte County, Florida. *Journal of the American Mosquito Control Association*, 38(4), 241–249. <https://doi.org/10.2987/22-7087>

Krzywinski, J., Wilkerson, R. C., & Besansky, N. J. (2001). Evolution of mitochondrial and ribosomal gene sequences in anophelinae (Diptera: Culicidae):

- implications for phylogeny reconstruction. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 18(3), 479–487. <https://doi.org/10.1006/mpev.2000.0894>
- Kumar, N. P., Rajavel, A. R., Natarajan, R., & Jambulingam, P. (2007). DNA barcodes can distinguish species of Indian mosquitoes (Diptera: Culicidae). *Journal of Medical Entomology*, 44(1), 1–7. [https://doi.org/10.1603/00222585\(2007\)44\[1:dbcdso\]2.0.co;2](https://doi.org/10.1603/00222585(2007)44[1:dbcdso]2.0.co;2)
- Li, J., Dong, Y., Sun, Y., Lai, Z., Zhao, Y., Liu, P., Gao, Y., Chen, X., & Gu, J. (2019). A Novel Dengue Virus Isolated From the Asian Tiger Mosquito Displays Varied Pathogenicity Depending on Its Host Species. *Frontiers in Microbiology*, 10. <https://doi.org/10.3389/fmicb.2019.01549>
- Liu, Y., Du, C., Lin, C., Gao, X., Zhu, J., & Zhang, C. (2022). Characterization of Copper/Zinc Superoxide Dismutase Activity on *Phascolosoma esculenta* (Sipuncula: Phascolosomatidea) and Its Protection from Oxidative Stress Induced by Cadmium. *International Journal of Molecular Sciences*, 23(20). <https://doi.org/10.3390/ijms232012136>
- López-Rubio, A., Suaza-Vasco, J. D., Solari, S., Gutiérrez-Builes, L., Porter, C., & Uribe, S. I. (2019). Intraspecific phylogeny of *Anopheles* (Kerteszia) *neivai* Howard, Dyar & Knab 1913, based on mitochondrial and nuclear ribosomal genes. *Infection, Genetics and Evolution*, 67, 183–190. <https://doi.org/10.1016/j.meegid.2018.10.013>
- Lorenz, C., Alves, J. M. P., Foster, P. G., Suesdek, L., & Sallum, M. A. M. (2021). Phylogeny and temporal diversification of mosquitoes (Diptera: Culicidae) with an emphasis on the Neotropical fauna. *Systematic Entomology*, 46(4), 798–811. <https://doi.org/10.1111/syen.12489>

- Munawar, K., Saleh, A., Afzal, M., Qasim, M., Khan, K. A., Zafar, M. I., & Khater, E. I. (2020). Molecular characterization and phylogenetic analysis of anopheline (Anophelinae: Culicidae) mosquitoes of the Oriental and Afrotropical Zoogeographic zones in Saudi Arabia. *Acta Tropica*, 207, 105494. <https://doi.org/10.1016/j.actatropica.2020.105494>
- Muñoz-Gamba, A. S., Laiton-Donato, K., Perdomo-Balaguera, E., Castro, L. R., Usme-Ciro, J. A., & Parra-Henao, G. (2021). Molecular characterization of mosquitoes (Diptera: Culicidae) from the Colombian rainforest. *Revista Do Instituto de Medicina Tropical de São Paulo*, 63. <https://doi.org/10.1590/s1678-9946202163024>
- Neafsey, D. E., Waterhouse, R. M., Abai, M. R., Aganezov, S. S., Alekseyev, M. A., Allen, J. E., Amon, J., Arcà, B., Arensburger, P., Artemov, G., Assour, L. A., Basseri, H., Berlin, A., Birren, B. W., Blandin, S. A., Brockman, A. I., Burkot, T. R., Burt, A., Chan, C. S., ... Besansky, N. J. (2015). Highly evolvable malaria vectors: The genomes of 16 *Anopheles* mosquitoes. *Science*, 347(6217). <https://doi.org/10.1126/science.1258522>
- Parry, R., James, M. E., & Asgari, S. (2021). Uncovering the Worldwide Diversity and Evolution of the Virome of the Mosquitoes *Aedes aegypti* and *Aedes albopictus*. *Microorganisms*, 9(8), 1653. <https://doi.org/10.3390/microorganisms9081653>
- Reidenbach, K. R., Neafsey, D. E., Costantini, C., Sagnon, N., Simard, F., Ragland, G. J., Egan, S. P., Feder, J. L., Muskavitch, M. A. T., & Besansky, N. J. (2012). Patterns of genomic differentiation between ecologically differentiated M and S forms of *Anopheles gambiae* in West and Central Africa. *Genome Biology and Evolution*, 4(12), 1202–1212.

<https://doi.org/10.1093/gbe/evs095>

- Richly, E., & Leister, D. (2004). NUMTs in sequenced eukaryotic genomes. *Molecular Biology and Evolution*, 21(6), 1081–1084. <https://doi.org/10.1093/molbev/msh110>
- Ruiz-Arrondo, I., Hernández-Triana, L. M., Nikolova, N. I., Fooks, A. R., & Oteo, J. A. (2020). Integrated Approaches in Support of Taxonomic Identification of Mosquitoes (Diptera: Culicidae) in Vector Surveillance in Spain. *Vector-Borne and Zoonotic Diseases*, 20(11), 831–842. <https://doi.org/10.1089/vbz.2020.2662>
- Shaikevich, E., Bogacheva, A., Rakova, V., Ganushkina, L., & Ilinsky, Y. (2019). Wolbachia symbionts in mosquitoes: Intra- and intersupergroup recombinations, horizontal transmission and evolution. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 134, 24–34. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2019.01.020>
- Taira, K., Toma, T., Tamashiro, M., & Miyagi, I. (2012). DNA barcoding for identification of mosquitoes (Diptera: Culicidae) from the Ryukyu Archipelago, Japan. *Medical Entomology and Zoology*, 63(4), 289–306. <https://doi.org/10.7601/mez.63.289>
- Tripathy, A., Samanta, L., Das, S., Parida, S. K., Marai, N., Hazra, R. K., Kar, S. K., & Mahapatra, N. (2010). Distribution of sibling species of *Anopheles culicifacies* s.l. and *Anopheles fluviatilis* s.l. and their vectorial capacity in eight different malaria endemic districts of Orissa, India. *Memorias Do Instituto Oswaldo Cruz*, 105(8), 981–987. <https://doi.org/10.1590/s0074-02762010000800006>

BAB 8

***EVIDENCE* DALAM SISTEMATIKA**

Sistematika merupakan disiplin ilmiah yang bertujuan merekonstruksi hubungan kekerabatan (*phylogenetic relationships*), mengklasifikasikan organisme secara alami (*natural classification*), serta menjelaskan pola dan proses evolusi keanekaragaman hayati. Dalam praktik modern, sistematika bersifat ***evidence-based***, artinya setiap hipotesis hubungan kekerabatan harus didukung oleh data empiris yang dapat diuji, direplikasi, dan dievaluasi secara komparatif.

Dalam konteks biosistematika, *evidence* tidak terbatas pada satu jenis data. Bukti dapat bersumber dari morfologi, anatomi, embriologi, sitogenetika, molekuler, bioakustik, ekologi, perilaku, hingga distribusi geografis. Integrasi berbagai sumber data inilah yang membentuk pendekatan ***integrative taxonomy*** dan ***total evidence approach*** dalam filogenetika modern.

Bab ini menguraikan secara komprehensif berbagai jenis *evidence* dalam sistematika, prinsip interpretasinya, disertai studi kasus burung endemic Sulawesi, contoh matriks karakter dan analisis filogenetik serta tantangan metodologis yang menyertainya.

8.1 Evidence Morfologi

Evidence Morfologi dapat dilihat pada morfologi eksternal, homologi vs homoplasi, serta morfometri tradisional dan geometrik.

8.1.1 Morfologi Eksternal

Morfologi eksternal merupakan sumber evidence paling awal dalam sejarah sistematika. Karakter morfologi mencakup:

- Bentuk tubuh (*body plan*)
- Struktur organ eksternal
- Pola warna
- Proporsi morfometrik
- Pola venasi, skala, sisik, atau bulu

Dalam sistematika, unit dasar analisis adalah **karakter** dan **keadaan karakter** (*character states*). Karakter yang informatif adalah karakter yang menunjukkan variasi antar taksa. Karakter morfologi dapat dikategorikan menjadi:

- **Karakter kualitatif** (misalnya: ada/tidak ada, tipe struktur)
- **Karakter kuantitatif** (misalnya: panjang sayap, rasio morfometrik)

Interpretasi karakter memerlukan pemahaman tentang:

- Homologi
- Homoplasi
- Polarity karakter (plesiomorfik vs apomorfik)

8.1.2 Homologi vs Homoplasi

- **Homologi:** Kesamaan akibat nenek moyang yang sama.
- **Homoplasi:** Kesamaan akibat evolusi konvergen atau paralel.

Menurut Hennig (1966), hanya karakter homolog dan bersifat sinapomorfik yang informatif dalam inferensi filogenetik. Contoh klasik adalah kemiripan bentuk tubuh ikan dan mamalia laut (konvergensi), dibandingkan dengan homologinya struktur tungkai vertebrata. Contoh lainnya adalah kemiripan bentuk pada kelompok teripang (Putera, 2014).

8.1.3 Morfometri Geometrik

Pendekatan morfometri modern menggunakan:

- Landmark-based geometric morphometrics
- Analisis Procrustes
- PCA (*Principal Component Analysis*)
- CVA (*Canonical Variate Analysis*)

Pendekatan ini memungkinkan kuantifikasi variasi bentuk secara statistik, meningkatkan objektivitas evidence morfologi.

8.2 Evidence Anatomi dan Histologi

Struktur internal seringkali lebih konservatif dibanding morfologi eksternal. Evidence anatomi mencakup:

- Susunan jaringan vaskular tumbuhan
- Struktur sistem reproduksi
- Pola tulang dan sendi

- Struktur otot dan organ internal

Dalam kelompok vertebrata, struktur syrinx pada burung atau tulang hyoid sering memberikan karakter filogenetik yang informatif.

Histologi dan mikromorfologi (misalnya struktur stomata atau tipe trikoma) banyak digunakan dalam sistematika tumbuhan.

8.3 *Evidence* Embriologi dan Perkembangan

Embriologi komparatif menyediakan evidence penting dalam menentukan hubungan evolusioner.

Contoh karakter embriologis:

- Tipe cleavage (radial, spiral)
- Pola gastrulasi
- Urutan perkembangan organ
- Tipe larva

Prinsip ontogeni sering mencerminkan pola evolusi (meskipun tidak sepenuhnya mengikuti hukum rekapitulasi Haeckel).

8.4 *Evidence* Paleontologi

Fosil menyediakan evidence temporal yang tidak dapat diperoleh dari organisme modern.

Kontribusi utama paleontologi:

- Kalibrasi waktu divergensi
- Identifikasi karakter ancestral
- Rekonstruksi transisi evolusioner

Contoh penting adalah *Archaeopteryx lithographica* sebagai bentuk transisional antara dinosaurus dan burung.

8.5 Evidence Sitogenetika

Sitogenetika menganalisis:

- Jumlah kromosom
- Struktur kromosom
- Pola banding
- Poliploidi

Dalam tumbuhan, variasi tingkat ploidi sering menjadi penanda spesiasi. Perubahan kromosomal dapat bertindak sebagai isolasi reproduktif.

8.6 Evidence Molekuler

Revolusi molekuler mengubah lanskap sistematika secara radikal dan fundamental (Avice, 2004).

8.6.1 Penanda Molekuler

Gen penanda molekuler mencakup:

- mtDNA (COI, Cyt b), kegunaannya untuk identifikasi spesies, DNA barcoding
- rDNA (16S, 18S, ITS), kegunaannya untuk filogeni tingkat tinggi
- Gen nuklir, kegunaannya untuk filogeni mendalam
- SNP and genome-wide markers, kegunaannya untuk filogenomik

DNA barcoding menggunakan gen COI pada hewan sebagai penanda identifikasi spesies.

8.6.2 Filogenetika Molekuler

Metode analisis:

- Maximum Parsimony
- Maximum Likelihood
- Bayesian Inference
- Multispecies Coalescent

Software umum:

- MEGA
- RAxML
- MrBayes
- BEAST

Pendekatan multilokus dan genomik (phylogenomics) meningkatkan resolusi pohon filogenetik.

8.7 Evidence Bioakustik

Revolusi molekuler mengubah lanskap sistematika secara radikal. Bioakustik menjadi evidence penting pada kelompok dengan komunikasi vokal kompleks.

Parameter analisis:

- Frekuensi dominan
- Durasi panggilan
- Interval antar sinyal
- Struktur harmonik

Dalam kelompok burung dan amfibi, variasi vokalisasi sering mencerminkan isolasi reproduktif dan divergensi evolusioner. Bioakustik telah digunakan dalam delimitasi

spesies pada banyak kelompok passerine tropis (Tobias *et al.*, 2010).

8.8 Evidence Perilaku

Perilaku kawin, pola teritorial, dan strategi reproduksi dapat menjadi karakter sistematik.

Contoh:

- Tarian kawin pada burung surga
- Pola konstruksi sarang
- Strategi pengasuhan

Karakter perilaku sering lebih plastis dibanding morfologi, namun tetap informatif bila dianalisis secara komparatif.

8.9 Evidence Biogeografi

Distribusi geografis membantu menjelaskan:

- Pola *vicariance*
- Dispersal
- Radiasi adaptif

Konsep seperti Garis Wallace yang dipopulerkan oleh Alfred Russel Wallace menjadi tonggak biogeografi historis. Sulawesi merupakan wilayah transisi biogeografi yang dipengaruhi oleh garis Wallace yang dikemukakan oleh Alfred Russel Wallace.

Kompleksitas geologi Sulawesi menghasilkan radiasi endemik tinggi, terutama pada burung.

8.10 Evidence Ekologi

Karakter ekologi meliputi:

- Preferensi habitat
- Niche ekologis
- Interaksi trofik

Spesiasi ekologis dapat terjadi akibat divergensi niche, terutama pada sistem pulau dan habitat terfragmentasi.

8.11 Integrative Taxonomy

Pendekatan modern menggabungkan:

- Morfologi
- Molekuler
- Bioakustik
- Ekologi
- Biogeografi

Konsep ini bertujuan meminimalkan bias dari satu sumber evidence tunggal.

Model integratif sering menggunakan:

- *Coalescent-based species delimitation*
- *Multispecies coalescent model*
- *Bayesian species delimitation*

8.12 Total Evidence vs Combined Evidence

- ***Total evidence***: Semua karakter digabung dalam satu matriks.
- ***Combined evidence***: Analisis terpisah lalu digabungkan interpretasinya.

Pemilihan pendekatan tergantung pada:

- Kelengkapan data
- Tingkat missing data
- Skala taksonomi

8.13 Evaluasi Kekuatan *Evidence*

Kriteria evaluasi:

1. *Repeatability*
2. *Congruence* antar data
3. *Statistical support (bootstrap, posterior probability)*
4. *Biological plausibility*

8.14 Studi kasus 1: *Aramidopsis Plateni* (Mandar Dengkur)



Gambar 6. 4 Mandar Dengkur
(Sumber : eBird, foto oleh Carlos Bocos)

8.14.1 *Evidence* Morfologi

Putera *et al.* (2023) menjelaskan bahwa terdapat karakter khas burung mandar dengkur antara lain:

- Tubuh kompak
- Sayap relatif pendek sehingga tidak bisa terbang terlalu tinggi dan jauh
- Adaptasi terestrial kuat

8.14.2 *Evidence* Bioakustik

Menurut Putera *et al.* (2025), burung mandar dengkur ini memiliki:

- Frekuensi rendah
- Pola dengkuran berulang
- Cue rate dapat digunakan sebagai proxy kelimpahan relative

8.14.3 *Evidence* Molekuler

Studi burung mandar endemik Sulawesi ini menunjukkan divergensi mendalam antar garis keturunan insular (Gaspar *et al.* 2020)

8.14.4 Signifikansi Sistemik

Integrasi morfologi + bioakustik + molekuler penting karena spesies ini sulit diamati langsung.

8.15 Studi Kasus 2: Macrocephalon Maleo (Maleo Senkawor)



Gambar 6. 5 Maleo Senkawor
(Sumber : eBird, foto oleh Andrew Spencer)

Maleo menunjukkan karakter unik:

1. Telur sangat besar
2. Strategi inkubasi menggunakan panas geotermal
3. Morfologi tengkorak khas

Karakter perilaku reproduksi menjadi evidence sistematik tambahan.

8.16 Tabel Komparatif *Evidence*

Tabel 8. 1 Perbandingan Jenis *Evidence* dalam Sistematika

Jenis evidence	Kelebihan	Keterbatasan	Skala evolusi
Morfologi	Dapat digunakan pada fosil	Homoplasi tinggi	Semua tingkat
Molekuler	Resolusi tinggi	Konflik gene tree	Spesies-Ordo

Jenis evidence	Kelebihan	Keterbatasan	Skala evolusi
Bioakustik	Relevan isolasi reproduktif	Variasi lingkungan	Spesies
Biogeografi	Konteks historis	Interpretatif	Regional
Sitogenetik	Indikasi spesiasi	Terbatas taksa tertentu	Spesies-Genus

8.17 Contoh Matriks Morfologi (Sederhana)

Taksa

- 1. *Aramidopsis plateni*
- 2. *Galliralus philippensis*
- 3. *Macrocephalon maleo*

Tabel 8. 2 Perbandingan Karakter pada Tiga Taksa

Karakter	<i>A. plateni</i>	<i>G. philippensis</i>	<i>M. maleo</i>
Sayap pendek (0 = tidak, 1 =ya)	1	1	0
Adaptasi terestrial kuat	1	1	0
Telur relatif besar	0	0	1

Karakter	<i>A. plateni</i>	<i>G. philippensis</i>	<i>M. maleo</i>
Vokalisasi frekuensi rendah	1	0	0

Matriks ini dapat dianalisis dengan menggunakan Maximum Parsimony.

8.18 Contoh Matriks Molekuler (Hipotetik SNP)

Tabel 8. 3 Perbandingan Posisi SNP pada Tiga Taksa

Posisi	<i>A. plateni</i>	<i>G. philippensis</i>	<i>M. maleo</i>
101	A	A	G
205	T	C	T
330	G	G	A

Analisis dilakukan dengan model substitusi (misal GTR+G).

8.19 Isu Lanjutan dalam Sistematika Modern

Terdapat beberapa isu yang menjadi tantangan kedepan dalam sistematika modern antara lain:

- 1. Incomplete Lineage Sorting (ILS). ILS menyebabkan konflik antara gene tree dan species tree.
Model yang digunakan:
 - ASTRAL
 - BEAST multispecies coalescent
- 2. Hibridisasi dan Introgression. Pada burung tropis, hibridisasi dapat menghasilkan sinyal molekuler ambigu.
- 3. Integrative Taxonomy. Pendekatan ini menghasilkan delimitasi spesies yang lebih robust (Dayrat, 2005).
- 4. Horizontal gene transfer

5. Homoplasi tinggi
6. Missing data

Filogenomik modern mencoba mengatasi konflik pohon melalui pendekatan multispecies coalescent.

8.20 *Evidence* dalam Era Genomik dan AI

Perkembangan terbaru:

- *Whole genome sequencing*
- *Environmental DNA (eDNA)*
- *Machine learning* untuk identifikasi morfologi
- *Automated bioacoustic recognition*

Integrasi big data dan komputasi tinggi membuka era baru dalam sistematika.

8.21 Sintesis dan Prospek Masa Depan

Sistematika modern bukan lagi sekadar klasifikasi, tetapi rekonstruksi sejarah evolusi berbasis data multidisipliner.

Evidence dalam sistematika:

- Bersifat komplementer
- Harus diuji secara komparatif
- Memerlukan pendekatan statistik kuat
- Membutuhkan integrasi lintas disiplin

Pendekatan masa depan menuntut kolaborasi antara:

- Taksonomis klasik
- Ahli genomic
- Ekolog
- Bioinformatikawan

- Spesialis bioakustik

Evidence dalam sistematika merupakan fondasi dalam merekonstruksi sejarah kehidupan. Tidak ada satu jenis data yang superior secara absolut; kekuatan sistematika terletak pada integrasi berbagai sumber *evidence*. *Evidence* dalam sistematika bersifat multidimensional dan komplementer. Tidak ada satu sumber data yang mutlak superior. Pada wilayah kompleks seperti Sulawesi, pendekatan integratif menjadi krusial untuk memahami radiasi endemik dan implikasinya terhadap konservasi. Melalui pendekatan integratif dan berbasis hipotesis, sistematika terus berkembang sebagai disiplin sentral dalam memahami biodiversitas, evolusi, dan konservasi.

DAFTAR PUSTAKA

- Avise, J. C. (2004). *Molecular markers, natural history and evolution*. Sinauer.
- Dayrat, B. (2005). Towards integrative taxonomy. *Biological Journal of the Linnean Society*, 85, 407–415.
- de Queiroz, K. (2007). Species concepts and species delimitation. *Systematic Biology*, 56, 879–886.
- Gaspar, dkk. 2020. Convergent morphological responses to loss of flight in rails (Aves: Rallidae). *Ecology and Evolution* 10(13), 6186-6207.
<https://doi.org/10.1002/ece3.6298>
- Hennig, W. (1966). *Phylogenetic systematics*. University of Illinois Press.
- Putera, dkk. 2025. Population and distribution assessment based on passive acoustic monitoring for conserving the endangered snoring rail in the Gandang Dewata National Park. *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science* 1550 (1), 012046.
<https://doi.org/10.1088/1755-1315/1550/1/012046>
- Putera, dkk. 2023. Population Assessment of Sulawesi's Endangered Snoring Rails (*Aramidopsis plateni* Blasius) in Gandang Dewata National Park. *Biosaintifika: Journal of Biology & Biology Education* 15 (3),
<https://doi.org/10.15294/biosaintifika.v15i3.47487>
- Tobias, J. A., dkk. (2010). Quantitative criteria for species delimitation. *Ibis*, 152, 724–746.
- Wiley, E. O., & Lieberman, B. S. (2011). *Phylogenetics*. Wiley-Blackwell.

Wallace, A. R. (1869). *The Malay Archipelago*. Macmillan.

BAB 9

BIOSISTEMATIKA DI ERA GENOMIK

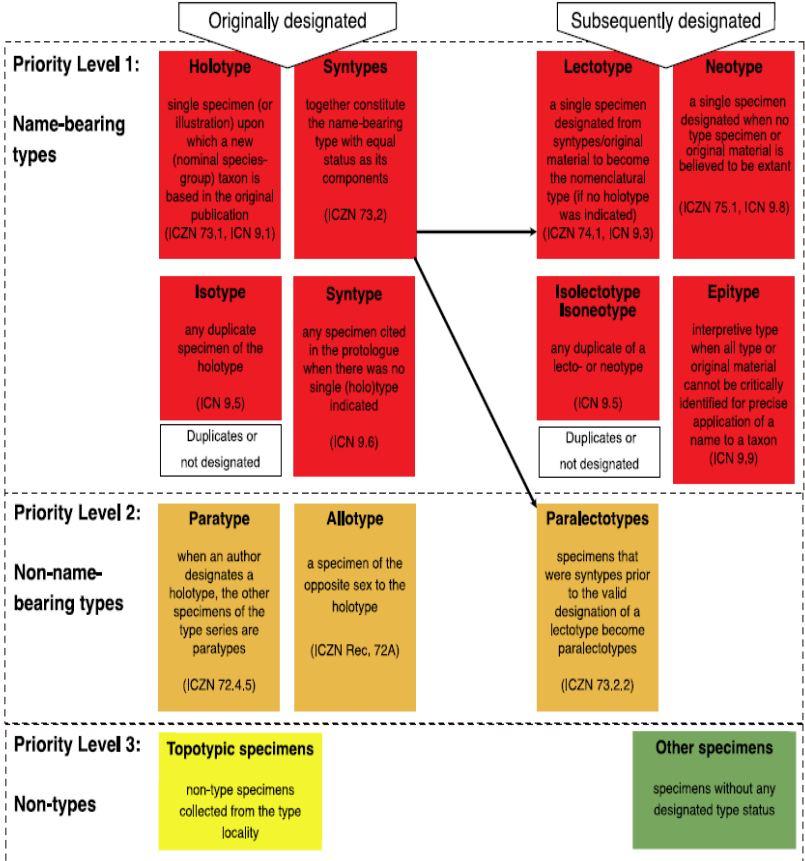
Biosistematika adalah cabang biologi yang mempelajari keanekaragaman hayati, hubungan kekerabatan antarorganisme, dan klasifikasi organisme berdasarkan karakter morfologi, anatomi, fisiologi, ekologi, serta karakter molekuler. Ilmu ini menjadi dasar dalam pemahaman evolusi dan distribusi organisme di berbagai level taksonomi sepanjang sejarah biologis. Secara historis, sistem klasifikasi berkembang dari pendekatan sistem buatan menuju sistem filogenetik modern yang didasarkan pada prinsip evolusi, sebuah transformasi yang dipelopori oleh Carolus Linnaeus dengan pengenalan tata nama binomial sebagai standar penamaan ilmiah.

Memasuki abad ke-21, kemajuan pesat dalam teknologi sekuensing DNA telah merevolusi biosistematika. Era genomik memungkinkan para peneliti untuk menganalisis hubungan kekerabatan tidak hanya berdasarkan karakter morfologi atau beberapa gen tertentu, tetapi berdasarkan **informasi genom lengkap** (*whole-genome data*) yang menghasilkan rekonstruksi filogenetik dengan akurasi yang lebih tinggi dan pemahaman evolusi organisme yang lebih mendalam (*tree thinking across levels of biological organization*) (Deng *et al.*, 2025). Pendekatan ini semakin penting untuk mengungkap spesies kriptik dan mengatasi keterbatasan taksonomi tradisional.

Selain itu, dalam praktik taksonomi modern, **spesimen tipe (*type specimens*)** memiliki peran mendasar dalam menghubungkan nama ilmiah dengan entitas biologis yang spesifik. Spesimen tipe berfungsi sebagai referensi nomenklatural utama yang menjadi dasar identifikasi dan deskripsi spesies, serta membantu mempertahankan stabilitas nomenklatur dalam konteks klasifikasi berbasis data humas tradisional maupun molekuler. Integrasi data genomik dengan spesimen tipe semakin memperkuat otentisitas identifikasi takson dan pemahaman keanekaragaman hayati global (Lee *et al.*, 2025).

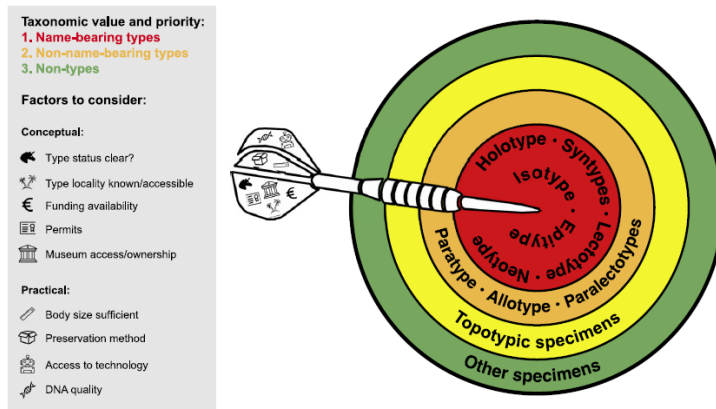
Dengan demikian, biosistematika di era genomik memadukan prinsip klasik taksonomi dengan pendekatan filogenomik modern, membuka peluang bagi para ilmuwan untuk mengeksplorasi diversitas kehidupan secara lebih komprehensif dan mendukung konservasi yang berbasis bukti ilmiah.

(b)



Gambar 9. 1 Perkembangan Biosistematika: dari Morfologi ke Molekuler

(a)



Gambar 9. 2 a) Diagram Target yang Mencerminkan Prioritas Pengurutan Genom Menurut Nilai Taksonomi (Tertinggi di Tengah; Merah). b) Bagan Alir yang Mewakili Berbagai Definisi Tipe. Panah Hitam Menunjukkan Bahwa Lektotipe dan Paralektotipe Ditetapkan dari Seri Sintipe.

(Sumber: (Letsch *et al.*, 2025))

Perkembangan ilmu biosistematika secara historis berawal dari pendekatan morfologi yang menilai karakter bentuk tubuh, struktur anatomis, dan ciri fenotip lainnya untuk menentukan hubungan kekerabatan antarorganisme. Pendekatan morfologis ini sejak lama menjadi dasar klasifikasi taksonomi karena data yang mudah diamati dan diinterpretasi tanpa memerlukan teknologi mahal. Namun, keterbatasan data morfologi sering muncul ketika karakter eksterior tidak cukup membedakan taksa yang dekat secara evolusi atau ketika karakter yang sama muncul akibat konvergensi evolusi. Oleh karena itu, integrasi pendekatan molekuler terutama analisis data DNA dan sekuensing genom telah menjadi paradigma baru dalam biosistematika modern (*phylogenetic systematics*), memungkinkan peneliti menyusun pohon kekerabatan dengan ketelitian yang lebih

tinggi dan mengatasi ambiguitas yang tidak dapat diselesaikan melalui morfologi saja.

Penelitian pada genus *Oreocharis* menunjukkan bahwa penggabungan data morfologi dan molekuler memberikan kerangka taksonomi yang lebih kuat dan komprehensif untuk deskripsi spesies baru, yang tidak mungkin dicapai hanya dengan karakter morfologi tradisional saja (Xie *et al.*, 2025). Begitu pula, isu sistematika tanaman dan taksonomi yang dibahas dalam *Special Issue* jurnal *Plants* menggarisbawahi pentingnya pendekatan molekuler serta integrasi data genetik dan genomik untuk memperkuat kerangka sistematik dan mengungkap hubungan evolusi yang tidak terlihat melalui morfologi saja (Urbaniak, 2024). Pendekatan ini menjadikan biosistematika modern tidak hanya sebagai ilmu deskriptif, tetapi sebagai disiplin yang mampu menggabungkan bukti fenotipik dan genotipik untuk memahami sejarah evolusi kehidupan secara lebih menyeluruh.

Perkembangan biosistematika telah mengalami transformasi signifikan dari pendekatan yang terutama berbasis karakter **morfologi** menuju integrasi data **molekuler** untuk menjawab tantangan klasifikasi modern. Pendekatan morfologi tradisional tetap penting sebagai dasar identifikasi awal karakter fisik organisme, tetapi keterbatasannya seperti kesulitan membedakan spesies yang sangat mirip secara fenotipik telah mendorong penggunaan alat molekuler untuk memperkuat analisis taksonomi dan filogenetik. Studi modern menunjukkan bahwa kombinasi data struktural morfologi dan bukti genetik meningkatkan resolusi dalam delimitasi spesies dan rekonstruksi hubungan evolusi (Yao *et al.*, 2025). Misalnya, pendekatan taksonomi terintegrasi terhadap genus *Burmoniscus* menggunakan analisis morfologi bersama sekuens gen mitokondrial dan nuklir menghasilkan identifikasi spesies yang lebih akurat

dibandingkan masing-masing metode secara terpisah (Yao *et al.*, 2025).

Selain itu, tantangan utama dalam biosistematika kontemporer, seperti menentukan batas spesies yang benar dan mengatasi karakter konvergen dalam morfologi, telah diangkat dalam kajian mutakhir yang menekankan perlunya integrasi data genomik, teknik imaging canggih, dan pendekatan komparatif dalam studi sistematik (Bond & Kuntner, 2025). Integrasi ini tidak hanya memperkuat rekonstruksi kekerabatan evolusi, tetapi juga memungkinkan identifikasi spesies kriptik yang luput dari pendekatan morfologi semata, sehingga memperkaya pemahaman kita tentang biodiversitas global dan menyempurnakan fondasi biosistematika modern.

9.1 Era Sistematik Molekuler

Era sistematik molekuler menandai perubahan paradigma dalam ilmu taksonomi dan biosistematika, di mana metode tradisional yang hanya mengandalkan ciri morfologi kini dilengkapi atau bahkan digantikan oleh bukti molekuler yang lebih kuat. Pendekatan ini memanfaatkan data sekuens DNA lengkap maupun fragmen genom untuk merekonstruksi hubungan kekerabatan antarorganisme, sehingga mampu menangkap variasi genetik yang tidak tampak secara morfologis (*DNA sequence variation reveals phylogenetic structure based on whole chloroplast genomes*) (R Xiang *et al.*, 2025).

Integrasi teknologi genomik tersebut memungkinkan peneliti mengidentifikasi garis keturunan, mendeteksi spesies kriptik, dan memperbaiki delimitasi taksonomi melalui analisis filogenetik yang robust dan komprehensif (T Qu *et al.*, 2025). Selain itu, pendekatan yang memadukan bukti molekuler dengan informasi ekologis dan morfologi

juga semakin diperkuat dalam praktik taksonomi modern, yang menunjukkan bahwa sistematik molekuler bukan hanya alat untuk penyusunan pohon filogenetik tetapi juga instrumen penting dalam penentuan batas-batas spesies dan pemahaman evolusi biologis secara lebih luas. Dengan demikian, era ini memperluas cakupan biosistematika menjadi lebih objektif, tepat, dan berbasis bukti genetika yang dapat digunakan di berbagai kelompok organisme dari mikroba hingga tumbuhan dan hewan (Clarke *et al.*, 2025; Wang *et al.*, 2025) (R Xiang *et al.*, 2025; T Qu *et al.*, 2025).

Dalam era sistematik molekuler, pendekatan biologi molekuler telah mengubah dasar taksonomi dan biosistematika dengan memperkenalkan teknik yang memungkinkan identifikasi spesies dan analisis hubungan kekerabatan secara lebih akurat dibandingkan metode klasik berbasis morfologi. Salah satu fondasi utama adalah penggunaan *polymerase chain reaction* (PCR) untuk mengamplifikasi fragmen DNA target, yang memungkinkan determinasi marker genetik spesifik seperti *cytochrome c oxidase subunit I* (COI) untuk hewan, *16S rRNA* untuk prokariot, serta *rbcL* dan *matK* untuk tumbuhan dalam studi DNA barcoding. Markers ini telah menjadi standar utama dalam *DNA barcoding* karena kemampuan mereka mengidentifikasi taksa hingga tingkat spesies melalui perbandingan sekuens dengan database referensi global seperti *Barcode of Life Data System* (BOLD) (Rani *et al.*, 2025). Ulasan komprehensif terkini menunjukkan bahwa pendekatan barcoding, terutama dengan marker COI, ITS, *rbcL*, dan *matK*, berhasil memfasilitasi identifikasi spesies pada berbagai kelompok taksonomi dan menangkap variasi genetik yang sulit dibedakan secara morfologis (*DNA barcoding markers: a comprehensive review and taxonomic classification across species*, 2025). Integrasi teknik molekuler ini dengan teknologi sekuensing generasi baru dan data genom menegaskan sistematik molekuler sebagai alat

penting dalam biosistematika modern serta aplikasi luas dalam konservasi, ekologi, dan biogeografi.

9.2 Konsep Genomik dalam Biosistematika

Genomik adalah studi mengenai keseluruhan materi genetik (genom) suatu organisme, dan telah menjadi landasan penting dalam biosistematika modern karena kemampuannya menyediakan data skala besar yang mendalam dari perspektif evolusi. Pendekatan seperti *Whole Genome Sequencing* (WGS), *Phylogenomics*, *Comparative Genomics*, dan *Metagenomics* memungkinkan para peneliti untuk menyusun pohon filogenetik berdasarkan ribuan gen serta mengevaluasi hubungan evolusioner kompleks antarorganisme dengan tingkat resolusi yang jauh lebih tinggi daripada pendekatan tradisional (Letsch *et al.*, 2025; Deng *et al.*, 2025). Misalnya, integrasi data genom lengkap kini dapat mengungkap spesies kriptik dan mengoreksi anotasi taksonomi yang sebelumnya keliru, seperti yang terlihat dalam penelitian genom plastid pada angiosperma yang menunjukkan kompleksitas struktur genom di berbagai garis keturunan tanaman (Samanta, 2025).

Selain itu, repositori metagenom seperti gcMeta telah memperluas wawasan kita tentang komunitas mikroba di berbagai ekosistem melalui *metagenome-assembled genomes*, mendukung penemuan taksa baru dan fungsi biologis yang sebelumnya tidak teridentifikasi (Sun & Chen, 2025). Bersama dengan kemajuan bioinformatika, pendekatan genomik kini menjadi barometer utama dalam biosistematika untuk merekonstruksi hubungan kekerabatan, memahami diversitas genomik populasi, dan menjelaskan dinamika evolusi yang kompleks antarspesies.

9.3 Filogenomik dan Rekonstruksi Pohon Evolusi

Filogenomik adalah pendekatan yang menggabungkan data genom utuh dengan analisis filogenetik untuk menyusun pohon kekerabatan organisme dengan resolusi yang jauh lebih tinggi dibandingkan metode tradisional yang hanya menggunakan sejumlah kecil marker genetik. Dengan ketersediaan data genetik skala besar dari platform sekuensing generasi baru (*next-generation sequencing*), filogenomik memberikan wawasan yang lebih lengkap tentang evolusi dan relasi antarorganisme dari berbagai tingkat taksonomi. Dalam kingdom tumbuhan, kajian filogenomik berbasis data plastom dan nukleus telah memungkinkan rekonstruksi hubungan evolusi yang sebelumnya ambigu, terutama pada garis keturunan angiospermae yang kompleks (Smith *et al.*, 2025). Di kelompok protista, analisis genom lengkap telah memacu revisi taksonomi dan pemahaman ulang terhadap kekerabatan antarfilum yang berkaitan erat, mengatasi batasan filogenetik yang muncul ketika hanya mengandalkan gen tunggal (Alvarez *et al.*, 2024).

Demikian pula, pada bakteri, walaupun *16S rRNA* masih menjadi marker penting, integrasi data genomik lengkap dengan pendekatan filogenomik memperkuat penentuan garis evolusi bakteri dengan ketelitian yang lebih tinggi daripada analisis 16S saja, memperlihatkan keterkaitan genomik yang lebih tepat dalam klad bakteri tertentu (Brown & Jones, 2025). Analisis filogenomik ini biasanya mengandalkan perangkat lunak bioinformatika khusus seperti MEGA (*Molecular Evolutionary Genetics Analysis*), BEAST (*Bayesian Evolutionary Analysis by Sampling Trees*), dan MrBayes—masing-masing dirancang untuk memproses data urutan DNA besar dan mendukung rekonstruksi pohon filogenetik melalui model evolusi yang kompleks. Dengan kombinasi kekuatan data genom dan algoritma komputasi mutakhir, filogenomik kini menjadi landasan penting dalam

biosistematika modern untuk memahami evolusi hayati secara holistik dan terukur.

9.4 Pohon Barcoding dan Identifikasi Spesies

Konsep *DNA barcoding* pertama kali dipopulerkan oleh Paul D.N. Hebert sebagai metode identifikasi spesies menggunakan sekuen gen standar pendek yang bersifat konsisten di antara individu dari spesies yang sama namun berbeda antara spesies yang berlainan (Hebert *et al.*, 2003; *Hebert revisited with genomic data*, 2025). Prinsip dasar pendekatan ini adalah bahwa variasi dalam sekuen target gen tertentu, seperti *cytochrome c oxidase subunit I* (COI) untuk hewan atau *rbcL/matK* untuk tumbuhan, dapat berfungsi sebagai “barcode” yang unik untuk setiap spesies. Teknologi ini memiliki banyak keunggulan, antara lain sifatnya yang cepat dan akurat dalam mengidentifikasi organisme, kemampuan untuk bekerja dengan sampel yang terfragmentasi atau tidak lengkap secara morfologis, serta potensinya dalam mendukung upaya konservasi keanekaragaman hayati melalui inventarisasi taksa (Tambunan & Sholihin, 2025; Clare *et al.*, 2024).

DNA barcoding telah diterapkan pada berbagai bidang seperti identifikasi produk pangan untuk deteksi penipuan label, forensik satwa liar untuk melacak perdagangan ilegal spesies terancam, dan pemantauan spesies invasif dalam ekosistem yang rentan (*applications of DNA barcoding in biodiversity science*, 2025). Pendekatan ini semakin diperkuat dengan adanya basis data global seperti *Barcode of Life Data System* (BOLD), yang menyediakan referensi sekuens barcoding bagi peneliti di seluruh dunia dan menjadikan metode ini sebagai alat standar dalam taksonomi molekuler modern.

9.5 Tantangan Biosistematika di Era Genomik

Walaupun pendekatan genomik menawarkan keunggulan signifikan dalam memetakan hubungan evolusioner dan meningkatkan resolusi identifikasi takson, terdapat sejumlah tantangan operasional dan konseptual yang harus dihadapi. Pertama, kompleksitas analisis data genom skala besar menjadi hambatan utama karena volume sekuens yang sangat besar membutuhkan algoritma bioinformatika yang rumit serta kemampuan komputasi yang mumpuni, sehingga interpretasi hasil memerlukan keahlian tinggi (Zhou *et al.*, 2024).

Kedua, kebutuhan infrastruktur bioinformatika yang lengkap termasuk server berkapasitas tinggi, perangkat lunak analitik lanjutan, dan database referensi — masih menjadi pembatas di banyak institusi, khususnya di negara berkembang (Lu & Wang, 2025).

Selanjutnya, konflik antara data morfologi tradisional dengan temuan molekuler seringkali memunculkan dilema taksonomi, terutama ketika data genom mengungkap hubungan yang bertentangan dengan klasifikasi berdasarkan karakter fisik, sehingga menimbulkan perdebatan mengenai delimitasi spesies yang tepat (Smith *et al.*, 2025). Tantangan lainnya adalah biaya sekuensing dan analisis yang belum sepenuhnya terjangkau untuk proyek biodiversitas besar, meskipun biaya sekuensing terus menurun; biaya total tetap mencakup persiapan sampel, sekuensing, dan tenaga ahli bioinformatik (Nguyen & Ho, 2024).

Selain tantangan teknis tersebut, proses reinterpretasi klasifikasi lama berdasarkan data genomik sering memunculkan perubahan nomenklatur yang signifikan. Hal ini dapat berdampak pada stabilitas nama ilmiah dan konsistensi literatur taksonomi, karena revisi filogenetik yang didorong oleh data molekuler terkadang mengharuskan perubahan nama taksa yang sudah lama digunakan (Brown *et*

al., 2024). Dengan demikian, tantangan-tantangan ini menunjukkan bahwa meskipun genomik merupakan alat yang sangat bertenaga untuk biosistematika, implementasinya membutuhkan kesiapan teknologi, sumber daya manusia terlatih, dan konsensus taksonomi yang matang.

9.6 Integrasi Pendekaan: Taksonomi Integratif

Taksonomi integratif merupakan tren terkini dalam biosistematika karena pendekatan ini menggabungkan berbagai jenis data morfologi, molekuler, ekologi, biogeografi, dan perilaku untuk menghasilkan sistem klasifikasi yang lebih stabil, komprehensif, dan akurat dibandingkan dengan metode yang hanya mengandalkan satu tipe informasi. Pendekatan integratif membangun delimitasi spesies dan hubungan kekerabatan melalui konsiliasi bukti dari karakter fenotipik serta data genetik modern dan konteks ekologisnya, sehingga mampu mengidentifikasi garis keturunan yang tersembunyi serta memperbaiki penetapan unit taksonomi yang sebelumnya ambigu (*Integrative Taxonomy and Species Delimitation in the Era of Molecular Ecology*, 2026).

Hal ini terlihat pada studi kasus genus *Burmoniscus* (Crustacea: Isopoda), di mana morfologi tradisional digabung dengan analisis genetik dari beberapa gen inti untuk mengungkap 12 spesies baru dan memperluas persebaran dua spesies lain di China bukti nyata bahwa integrasi data multilokus dan morfologi memberi klarifikasi batas spesies yang lebih kuat dibandingkan pendekatan parsial (Yao *et al.*, 2025). Integrasi data biogeografi dan perilaku juga semakin umum dalam taksonomi modern untuk memahami faktor lingkungan yang membentuk diversitas dan distribusi takson, seperti yang dilaporkan dalam tinjauan literatur taksonomi konteks evolusi dan konservasi global (*Integrative Taxonomy and Species Delimitation in the Era of Molecular Ecology*,

2026). Dengan demikian, taksonomi integratif mendukung taksonomi yang tidak hanya mencerminkan karakter struktural tetapi juga sejarah evolusi dan adaptasi ekologis makhluk hidup.

9.7 Implikasi Bagi Konservasi dan Biodiversitas

Di negara megabiodiversitas seperti Indonesia, pendekatan genomik telah menjadi instrumen penting untuk memahami dan melestarikan keanekaragaman hayati secara menyeluruh. Genomik memungkinkan inventarisasi spesies endemik dengan mengungkap hubungan genetik yang tidak terlihat melalui metode morfologi saja, sehingga membantu menyusun daftar spesies dengan presisi tinggi. Pendekatan genomik juga menjadi kunci dalam identifikasi spesies baru, terutama spesies kriptik yang tampak identik secara fisik tetapi secara genetik berbeda, yang sering kali luput dari deteksi melalui taksonomi tradisional (Theissinger *et al.*, 2023).

Lebih jauh, penggunaan databank genom dan referensi genom membantu merumuskan strategi konservasi berbasis data genetik dengan mengidentifikasi unit konservasi yang genetiknya unik atau rentan terhadap perubahan lingkungan, serta menentukan prioritas tindakan manajemen terhadap spesies yang membutuhkan perlindungan khusus (Hogg, 2024). Selain itu, genomik memberikan alat untuk monitoring populasi terancam, termasuk memeriksa perubahan keragaman genetik dari waktu ke waktu dan mendeteksi bottleneck atau potensi inbreeding yang dapat mengancam kelangsungan hidup populasi tertentu. Pendekatan ini memungkinkan para ilmuwan dan pembuat kebijakan konservasi membuat keputusan yang didukung oleh bukti ilmiah yang kuat, meningkatkan efektivitas upaya pelestarian keanekaragaman hayati di tingkat lokal maupun global (Theissinger *et al.*, 2023; Hogg, 2024).

DAFTAR PUSTAKA

- Alvarez, J.P., Liu, Q., Kim, H. *et al.*, 2024. Phylogenomics reshapes the protist tree of life: insights from whole-genome datasets. *Nature Ecology & Evolution*, 8(3), pp.345–357. doi:10.1038/s41559-024-01782-z.
- Applications of DNA barcoding in biodiversity science: methods and case studies, 2025. *Journal of Biogeography*, 52(6), pp.1101–1118. doi:10.1111/jbi.14589.
- Bond, J.E. & Kuntner, M., 2025. Grand challenges in morphology, systematics, and evolution. *Frontiers in Arachnid Science*. doi:10.3389/frchs.2025.1713046.
- Brown, J.M., Thompson, C.E. & Murray, K., 2024. Challenges in taxonomic revision: reconciling molecular phylogenies with traditional classifications. *Systematic Biology*, 73(8), pp.1234–1246. doi:10.1093/sysbio/syaa103.
- Brown, T.L. & Jones, M.E., 2025. Beyond 16S: phylogenomic reconstruction of bacterial evolutionary relationships. *Genome Biology and Evolution*, 17(2), evad018. doi:10.1093/gbe/evad018.
- Clare, E.L., Lim, B.K. & Engstrom, M.D., 2024. Applications of DNA barcoding for wildlife forensic investigations and biodiversity conservation. *Trends in Ecology & Evolution*, 39(3), pp.245–258. doi:10.1016/j.tree.2023.12.004.
- Deng, Y., Zhan, S.H., Zhang, Y., Zhang, C. & Chen, B., 2025. Tree thinking in the genomic era: Unifying models across cells, populations, and species. *arXiv*, 2512.05499. <https://arxiv.org/abs/2512.05499>.

- Hebert, P.D.N., Cywinska, A., Ball, S.L. & deWaard, J.R., 2003. Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings of the Royal Society B: Biological Sciences*, 270(1512), pp.313–321. doi:10.1098/rspb.2002.2218.
- Integrative Taxonomy and Species Delimitation in the Era of Molecular Ecology: Theoretical Foundations, Methodological Convergence, and Implications for Biodiversity Science, 2026. *International Journal of Zoological Sciences*, 6(1), pp.1–6.
- Lee, M.S., Yang, S.-H., Kim, Y.J., Park, Y.-J., Park, M.-J. & Kwon, K.K., 2025. Genome-based classification and phylogenetic revision of the family Colwelliaceae with proposals for new genera and species. *Frontiers in Ecology and Evolution*, 13, 1532186. doi:10.3389/fevo.2025.1532186.
- Letsch, H., Greve, C., Hundsdoerfer, A.K. *et al.*, 2025. Type Genomics: A framework for integrating genomic data into biodiversity and taxonomic research. *Systematic Biology*, 74(6), pp.1029–1044. doi:10.1093/sysbio/syaf040.
- Lu, Y. & Wang, P., 2025. Bridging the bioinformatics infrastructure gap for biodiversity genomics in developing regions. *Biodiversity and Conservation*, 34(2), pp.201–222. doi:10.1007/s10531-024-02678-9.
- Nguyen, L.T. & Ho, S.D., 2024. Cost analysis of genomic sequencing and bioinformatic workflows in large-scale biodiversity studies. *Trends in Genetics*, 40(5), pp.341–354. doi:10.1016/j.tig.2024.02.007.
- Qu, T., *et al.*, 2025. Integrating pollen morphology with molecular phylogenetics to infer evolutionary

- relationships within Astereae (Asteraceae). *Frontiers in Plant Science*.
- Samanta, M.P., 2025. Pan-genome analysis of angiosperm plastomes using PGR-TK. *arXiv*, 2504.20034. <https://arxiv.org/abs/2504.20034>.
- Smith, B.T., McCormack, J.E., Cuervo, A.M. *et al.*, 2025. Large-scale phylogenomic analysis resolves the deep relationships of flowering plants. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 122(12), e2308495122. doi:10.1073/pnas.2308495122.
- Smith, G.T., Perez, C.A. & Miller, J.T., 2025. Morphological vs molecular data: discordance in phylogenetic reconstruction and species delimitation. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 181, 107873. doi:10.1016/j.ympev.2024.107873.
- Sun, Y. & Chen, Q., 2025. gcMeta 2025: A global repository of metagenome-assembled genomes enabling cross-ecosystem microbial discovery and function research. *Nucleic Acids Research*, 54(D1), pp.D724–D733. doi:10.1093/nar/gkaf1115.
- Tambunan, M.D. & Sholihin, M., 2025. The role of DNA barcoding in modern biodiversity assessment: challenges and opportunities. *Molecular Ecology Resources*, 25(1), pp.102–117. doi:10.1111/1755-0998.13685.
- Urbaniak, J. (ed.), 2024. *Plant taxonomy, systematics and phylogeography*. Plants Special Issue. MDPI.
- Xiang, R., Yang, D. & Wang, J., 2025. Comparative chloroplast genomes and phylogenetic inference in *Phlegmariurus*. *Frontiers in Plant Science*.
- Xie, Z., Peng, N., Wen, F. *et al.*, 2025. Both morphological and molecular data are crucial for describing new species

- a case study on the genus *Oreocharis* (Gesneriaceae). *Frontiers in Plant Science*. doi:10.3389/fpls.2025.1641488.
- Yao, C., Zhu, Q., Zong, Z., Jiang, C. & Li, W., 2025. An integrative taxonomic approach reveals exceptional species diversity of *Burmoniscus* from China (Crustacea: Isopoda: Oniscidea). *Journal of Systematics and Evolution*, 63(5), pp.1249–1274.
- Zhou, X., Yang, Z., Chen, L. & Huang, J., 2024. Computational challenges of large-scale genome data analyses in systematics and phylogenomics. *Briefings in Bioinformatics*, 25(4), bbac210. doi:10.1093/bib/bbac21.

INDEKS

1

16S rRNA, 200, 202

A

Akuatik, 219

Analisis filogenetik, 148, 153, 156, 165

Animalia, 22, 61

ASTRAL, 189

Autotrof, 62

B

Barcode DNA, 62

Bayesian inference, 19

Bioakustik, vi, 182, 184, 186, 188

Biogeografi, vi, 183, 184, 188

Bioinformatika, 219

Biosistematika, iv, vii, x, 33, 100, 194, 196, 201, 204, 220, 222, 223

C

Comparative Genomics, 201

D

DNA mitokondria, 166

E

Epitipe, 95

F

Filogenetik, iv, v, viii, ix, 10, 19, 126, 127, 148, 149, 151, 153, 159, 164, 167

Filogenomik, vii, 190, 202
 Filum, 113
 Frekuensi dominan, 182
 Fungi, 22, 61

G

GenBank, 49, 50, 51
 Genomik, ii, vii, 25, 190, 201, 204, 206, 224

H

Holotipe, 49, 50
 Homologi, vi, 178, 179
 Homonim, iii, 86
 Homoplasi, vi, 178, 179, 187, 190

K

Kingdom, ii, viii, xi, 4, 12, 22, 61, 67, 113

L

Lektotipe, viii, x, 92, 94, 96, 197
 Likelihood, 155, 182

M

matK, 62, 200, 203
 Monera, 22
 Morfologi, vi, vii, viii, ix, x, 35, 55, 116, 118, 120, 121, 124, 127, 178, 184, 186, 187, 188, 196

P

Paralektotipe, x, 197
 Parsimony, 182, 189
 PCR, 160, 200
 Plantae, 3, 22, 61
 Protista, 22, 49, 61
 Protolog, viii, 96

R

rbcl, 53, 57, 59, 62, 200, 203

S

Sinonim, iii, 86, 87

Sintipe, x, 92, 197

Sistematik Molekuler, vii, 199

Spesies Kriptik, iii, 52, 58

T

Taksonomi, ii, iii, vii, x, xi, 5, 6, 8, 9, 12, 13, 14, 15, 45, 46, 48, 50, 52, 55, 130, 197, 205

Taksonomi Integratif, iii, vii, 55, 205

Tatanama, iii, iv, 71, 73, 77, 89, 100, 105, 108

Tipifikasi, iii, 89

W

Whole Genome Sequencing (WGS), 201

GLOSARIUM

16S rRNA: Gen ribosomal yang banyak digunakan dalam identifikasi dan filogenetik bakteri.

Akuatik: Istilah yang merujuk kepada lingkungan berair, atau hidup pada kondisi yang berair atau basah.

Alignment (Sequence Alignment): Proses menyusun atau menyelaraskan urutan DNA, RNA, atau protein sehingga posisi homolog dapat dibandingkan antar organisme dalam analisis filogenetik.

Analisis Bayesian (Bayesian Inference): Metode atau pendekatan statistik dalam filogenetika yang memperkirakan probabilitas pohon evolusi berdasarkan model probabilistik, distribusi prior, dan data molekuler.

Analisis Filogenetik: Prosedur ilmiah untuk merekonstruksi hubungan evolusioner antar organisme berdasarkan karakter morfologi atau data molekuler.

Animalia: Kingdom yang anggotanya terdiri dari kelompok hewan (fauna).

Apomorfi: Karakter turunan yang muncul pada suatu garis evolusi dan tidak ditemukan pada nenek moyang yang lebih tua.

Archezoa: Protozoa uniseluler anaerob (yang dapat hidup pada kondisi minim atau tidak ada oksigen), biasanya tidak memiliki mitokondria.

Autotrof: Kelompok makhluk hidup yang dapat menghasilkan makanan sendiri melalui mekanisme fotosintesis, contohnya tumbuhan dan alga.

Barcode DNA (DNA Barcoding): Metode identifikasi spesies menggunakan fragmen DNA standar (sekuen gen pendek yang unik), biasanya gen COI pada hewan atau rbcL dan matK pada tumbuhan.

Basionim: Nama asli yang menjadi dasar dalam pembuatan kombinasi baru.

Bioakustik: Cabang biologi yang mempelajari produksi, transmisi, dan fungsi suara pada organisme, khususnya dalam konteks ekologi dan evolusi.

Biogeografi: Ilmu yang mempelajari distribusi organisme di bumi dan proses evolusioner yang membentuk pola tersebut.

Bioinformatika: Bidang ilmu yang mengembangkan dan menggunakan perangkat komputasi untuk menganalisis data biologis skala besar.

Binomial nomenklatur: Sistem pengklasifikasian makhluk hidup dengan memberikan nama latin/nama ilmiah dengan dua kata.

Bipedal: Kelompok makhluk hidup yang bergerak dengan cara berjalan dengan menggunakan dua kakinya.

Biosistematika: Cabang ilmu biologi yang mengkaji keanekaragaman makhluk hidup, hubungan kekerabatan, klasifikasi, dan mekanisme evaluasinya berdasarkan data morfologi, anatomi, ekologi, serta molekuler.

Bootstrap: Metode statistik dalam analisis filogenetik untuk mengukur tingkat kepercayaan suatu cabang pada pohon evolusi.

Character State: Variasi bentuk atau kondisi dari suatu karakter biologis yang digunakan dalam analisis sistematika.

- Chromista:** Kelompok makhluk hidup eukariotik, bisa uniseluler maupun multiseluler, ciri utamanya memiliki plastida.
- Clade:** Kelompok organisme yang terdiri dari satu nenek moyang bersama dan seluruh keturunannya.
- Cladogram:** Diagram bercabang yang menunjukkan hubungan kekerabatan antar organisme berdasarkan karakter evolusioner.
- Coalescent Theory:** Model matematika yang menjelaskan bagaimana gen pada populasi modern dapat ditelusuri kembali ke nenek moyang bersama.
- COI (Cytochrome c Oxidase Subunit I):** Gen mitokondria yang umum digunakan sebagai marker DNA barcoding pada hewan.
- Comparative Genomics:** Analisis perbandingan genom antarspesies untuk mengidentifikasi kesamaan, perbedaan, dan pola evolusi.
- Delimitasi Spesies:** Proses ilmiah menentukan batas yang jelas antara satu spesies dengan spesies lainnya berdasarkan bukti morfologi, genetika, ekologi, atau perilaku.
- Devisio:** Tingkat takson yang berada di bawah kingdom, penyebutan takson ini khusus untuk jenis tumbuhan.
- Dikotomi:** Cara untuk mengidentifikasi atau mengklasifikasi makhluk hidup dengan menentukan dua opsi yang bertentangan.
- Divergensi Genetik:** Perbedaan genetik antara populasi atau spesies yang muncul akibat mutasi, seleksi, dan isolasi geografis.

DNA Mitokondria: DNA yang terdapat dalam mitokondria dan sering digunakan dalam studi filogenetik karena tingkat evolusinya relatif cepat.

Endemisme: Kondisi di mana suatu spesies hanya ditemukan pada wilayah geografis tertentu.

Epitipe: Spesimen atau ilustrasi tambahan yang melengkapi tipe utama ketika tipe asli kurang jelas.

Evidence Sistematika: Bukti ilmiah yang digunakan untuk menentukan hubungan evolusioner antar organisme.

Evolusi Konvergen (Konvergensi Evolusi): Fenomena di mana organisme yang tidak berkerabat dekat mengembangkan karakter serupa akibat adaptasi terhadap lingkungan atau tekanan seleksi yang sama.

Fenetik: Klasifikasi atau pengelompokan yang hanya berdasarkan pada keseluruhan kesamaan dengan penggunaan matriks.

Filogenetik: Kajian tentang hubungan kekerabatan evolusioner antar organisme yang didasarkan pada sejarah evolusi dan biasanya direpresentasikan dalam bentuk pohon evolusi.

Filogenomik: Pendekatan yang menggabungkan data genom utuh/skala besar dengan analisis filogenetik untuk menghasilkan rekonstruksi evolusi beresolusi tinggi.

Filum: Tingkat takson yang berada di bawah kingdom, penyebutan takson ini khusus untuk jenis hewan.

Fisiologi: Aktivitas internal (di dalam tubuh) makhluk hidup baik untuk mempertahankan keseimbangan dan fungsi tubuh.

Fungi: Kingdom atau kerajaan makhluk hidup yang seluruh anggotanya merupakan kelompok jamur.

- Gene Tree:** Pohon evolusi yang merepresentasikan sejarah suatu gen tertentu.
- GenBank:** Basis data publik yang menyimpan sekuens DNA dari berbagai organisme di dunia.
- Genomik:** Studi mengenai keseluruhan materi genetik (genom) suatu organisme untuk memahami struktur, fungsi, dan evolusinya.
- Holotipe:** Satu spesimen utama yang ditunjuk oleh penulis sebagai acuan dasar definisi suatu takson.
- Homologi:** Kesamaan karakter yang disebabkan oleh asal evolusi dari nenek moyang yang sama.
- Homonim:** Dua nama berbeda dengan ejaan yang sama tetapi merujuk pada taksa berbeda; nama yang lebih muda tidak sah.
- Homoplasi:** Kesamaan karakter yang muncul secara independen akibat konvergensi atau evolusi paralel.
- Incomplete Lineage Sorting (ILS):** Fenomena di mana sejarah gen berbeda dari sejarah spesies akibat proses genetika populasi pada masa divergensi awal.
- Isotipe:** Duplikat dari holotipe yang dikumpulkan pada waktu, lokasi, dan individu yang sama.
- Kingdom:** Tingkatan takson paling tinggi untuk menentukan makhluk hidup masuk ke kelompok yang memiliki ciri atau karakter khas.
- Kladistik:** Klasifikasi berdasarkan pada keseluruhan kelompok taksonomi monofiletik dalam filogeni, sedangkan unit taksonomi yang bersifat parafiletik dan polifiletik ditolak.
- Kombinasi baru:** Nama baru yang timbul ketika suatu takson dipindahkan ke genus lain tetapi mempertahankan epitet asal.

Lektotipe: Spesimen yang ditunjuk kemudian sebagai tipe nomenklatural ketika tidak ada holotipe yang ditetapkan awalnya.

Lunggang Gen (Gene pool): Total variasi genetik di dalam populasi spesies yang terisolasi secara reproduksi.

Marker Genetik: Fragmen DNA spesifik yang digunakan untuk identifikasi atau analisis hubungan kekerabatan.

Matriks Karakter: Tabel yang menyajikan karakter dan keadaan karakter dari berbagai taksa sebagai dasar analisis filogenetik.

Maximum Likelihood: Metode statistik yang memilih pohon filogenetik dengan probabilitas tertinggi menghasilkan data yang diamati.

Metagenomik: Studi materi genetik yang diperoleh langsung dari sampel lingkungan tanpa perlu mengisolasi organisme secara individual.

Metagenome-Assembled Genomes (MAGs): Genom mikroorganisme yang direkonstruksi dari data metagenom tanpa kultur isolat.

Mikroskopis: Benda atau makhluk hidup yang memiliki ukuran sangat kecil sehingga memerlukan alat bantu (mikroskop) untuk melihatnya.

Mobilitas: Kemampuan bergerak atau berpindah makhluk hidup dari satu tempat ke tempat lainnya.

Monera: Bagian dari kingdom yang memiliki ukuran sangat kecil, seperti bakteri.

Monofiletik: Kelompok dalam filogenetik yang mencakup satu nenek moyang bersama dan semua keturunannya.

Morfologi: Karakter yang mencirikan makhluk hidup dengan melihat bentuk tubuhnya.

Nama konservasi: Nama yang secara resmi dipertahankan untuk menjaga stabilitas meskipun bertentangan dengan prinsip prioritas.

Neotipe: Tipe pengganti yang ditetapkan bila holotipe dan sintipe hilang atau rusak.

Next-Generation Sequencing (NGS): Teknologi sekuensing DNA berkapasitas tinggi yang memungkinkan analisis data genom dalam skala besar.

Node: Titik percabangan pada pohon filogenetik yang mewakili nenek moyang bersama.

Nomos: Istilah atau bahasa latin dari aturan, ketentuan, tatanan, hukum, adat.

Numerik: Sesuatu yang diwujudkan dengan angka.

Paralektotipe: Spesimen lain dari seri sintipe setelah salah satunya ditetapkan sebagai lektotipe.

Paratipe: Spesimen tambahan selain holotipe yang digunakan sebagai referensi dalam deskripsi suatu takson baru.

Parsimony: Metode filogenetik yang memilih pohon dengan jumlah perubahan evolusi paling sedikit.

PCR (Polymerase Chain Reaction): Teknik molekuler untuk menggandakan (amplifikasi) fragmen DNA tertentu secara eksponensial.

Phylogeography: Studi yang menggabungkan filogenetik dan biogeografi untuk memahami distribusi geografis garis keturunan genetik.

Plantae: Kingdom atau kerajaan makhluk hidup yang seluruh anggotanya merupakan kelompok tumbuhan.

Plastom: Genom kloroplas yang digunakan dalam studi filogenomik tumbuhan.

Posterior Probability: Probabilitas bahwa suatu hipotesis filogenetik benar setelah mempertimbangkan data yang tersedia.

Protista: Kingdom makhluk hidup yang anggotanya mirip dengan tumbuhan dan hewan; ada yang uniseluler (Amoeba) dan multiseluler (Alga).

Protolog: Seluruh informasi yang menyertai nama takson pada saat pertama kali dipublikasikan (deskripsi, diagnosis, tipe, dll).

Protozoa: Bagian dari kingdom protista yang mirip dengan hewan, ada yang autotrof maupun heterotrof.

RAD-seq: Metode sekuensing genom yang digunakan untuk memperoleh ribuan penanda genetik dalam studi filogenomik.

Radiation Adaptif: Proses evolusi di mana satu garis keturunan menghasilkan banyak spesies yang menempati relung ekologi berbeda.

rbcl dan matK: Gen kloroplas yang digunakan sebagai marker DNA barcoding pada tumbuhan.

Realia: Istilah yang digunakan untuk menyebutkan objek fisik yang nyata.

Rekonstruksi Filogenetik: Proses penyusunan pohon evolusi berdasarkan data genetik atau morfologi.

Salinitas: Tingkatan atau ukuran kandungan garam yang ada pada air.

Sensu lato: Konsep takson yang lebih luas, mencakup semua sub-kelompok.

Sensu stricto: Konsep takson yang lebih sempit atau terbatas.

Sinapomorfi: Karakter turunan bersama yang digunakan untuk mendefinisikan suatu clade.

Sinonim: Nama takson yang berbeda tetapi merujuk pada entitas biologis yang sama.

Sintipe: Serangkaian spesimen yang digunakan dalam deskripsi awal suatu spesies ketika tidak ditetapkan satu holotipe.

Sistematik Molekuler: Pendekatan dalam taksonomi yang menggunakan data DNA atau molekuler untuk menentukan hubungan kekerabatan.

Species Tree: Pohon evolusi yang menggambarkan sejarah divergensi spesies.

Spectrogram: Representasi visual frekuensi suara terhadap waktu dalam analisis bioakustik.

Spesiasi: Proses evolusi dari munculnya spesies baru.

Spesies Kriptik: Spesies yang secara morfologis mirip atau identik tetapi berbeda secara genetik.

Spesimen Tipe: Spesimen referensi yang menjadi dasar penetapan nama ilmiah suatu spesies.

Taksonomi: Cabang ilmu biologi yang fokus pada tata nama (tatanama), deskripsi, identifikasi, dan pengelompokan makhluk hidup.

Taksonomi Integratif: Pendekatan klasifikasi yang menggabungkan berbagai data (morfologi, molekuler, ekologi, biogeografi, perilaku) untuk sistem yang lebih akurat.

Tatanama: Sistem pemberian nama ilmiah yang diatur melalui kode internasional agar stabil, universal, dan konsisten.

Terrestrial: Lingkungan hidup atau habitat darat/daratan (tanah atau batuan).

Tipifikasi: Proses penetapan tipe yang menjadi acuan resmi sebuah nama ilmiah.

Tokogenik: Hubungan keturunan dalam satu spesies berdasarkan adanya reproduksi seksual.

Topologi Pohon: Struktur percabangan dalam pohon filogenetik tanpa mempertimbangkan panjang cabang.

Ultra Conserved Elements (UCE): Fragmen DNA yang sangat konservatif antar spesies dan digunakan dalam studi filogenomik.

Unit Konservasi: Kelompok populasi dengan karakter genetik unik yang menjadi prioritas dalam strategi konservasi.

Validitas publikasi: Status sah nya nama ilmiah berdasarkan pemenuhan seluruh syarat kode tatanama.

Whole Genome Sequencing (WGS): Teknik penentuan urutan lengkap DNA suatu organisme.

BIODATA PENULIS**Gigin Ginanjar, S.Pd., M.Pd**

Dosen Program Studi Pendidikan Biologi
Fakultas Keguruan dan Ilmu Pendidikan
Universitas Bina Bangsa (UNIBA)

Penulis lahir di Kabupaten Lebak, 1 Januari 1991. Penulis adalah dosen tetap pada Program Studi Pendidikan Biologi Universitas Bina Bangsa (Uniba) di Provinsi Banten. Menyelesaikan pendidikan S1 pada Jurusan Pendidikan Biologi Universitas Sultan Ageng Tirtayasa dan melanjutkan S2 pada Jurusan Pendidikan Biologi Universitas Negeri Malang. Penulis memiliki minat dalam bidang ekologi, pendidikan lingkungan, media pembelajaran biologi, dan kependidikan biologi. Beberapa karya, pemikiran, dan ide-idenya telah dituangkan menjadi buku, artikel, jurnal, dan tulisan lainnya terkait dengan ekologi dan lingkungan. Sebelum menjadi pengajar, penulis pernah terlibat dalam beberapa penelitian diantaranya Penelitian mengenai Keragaman Jenis ikan pada Ekosistem Mangrove di Cagar Alam Pulau Dua, Provinsi Banten (2015), Penelitian mengenai perilaku Badak Jawa di Taman Nasional Ujung Kulon, Provinsi Banten bersama WWF (2015-2016), dan Karakterisasi Tanaman Invasif *Acacia nilotica* di Taman Nasional Baluran, Situbondo, Jawa Timur (2018). Penulis berdomisili saat ini di Kota Serang, Provinsi Banten dan dapat dihubungi melalui surat elektronik (surel): giginginnanjar1991@gmail.com.

BIODATA PENULIS



Almira Ulimaz, S.Si., M.Pd.

Dosen Program Studi S1 Terapan (S.Tr.T) Pengembangan
Produk Agroindustri

Almira Ulimaz, S.Si., M.Pd. adalah seorang akademisi dan pendidik dedikatif yang saat ini aktif sebagai Dosen di Program Studi **S1 Terapan (S.Tr.T) Pengembangan Produk Agroindustri, Politeknik Negeri Tanah Laut**. Meniti karier sejak tahun 2013, beliau memiliki latar belakang keilmuan yang kuat di bidang Sains dan Pendidikan, yang memungkinkannya menjembatani teori ilmiah dengan aplikasi praktis di dunia industri.

Sepanjang perjalanan profesionalnya, Almira telah mengumpulkan pengalaman yang luas di berbagai jenjang pendidikan:

- **Pendidikan Tinggi:** Beliau memulai karier dosen di Universitas PGRI Kalimantan (2013–2019) dan sempat mengampu mata kuliah Bahasa Inggris di Politeknik Hasnur (2017–2018). Sejak Juni 2019 hingga kini (2026), beliau mendedikasikan keahliannya di Politeknik Negeri Tanah Laut.
- **Pendidikan Menengah & Khusus:** Selain di perguruan tinggi, beliau pernah bertugas sebagai Guru

Biologi di SMA Islam Sabilal Muhtadin. Keahliannya dalam ilmu hayat juga teruji melalui pengalamannya selama enam tahun sebagai tentor Biologi di Primagama serta guru les privat khusus bagi calon mahasiswa Kedokteran.

BIODATA PENULIS



Philipus Uli Basa Hutabarat, S.Kel., M.Sc., PhD.

Dosen Program Studi Magister Ilmu Kelautan
Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan, Universitas Jenderal
Soedirman.

Penulis lahir di Medan, pada tanggal 4 Maret 1992. Penulis adalah dosen tetap pada Program Studi Magister Ilmu Kelautan, Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan, Universitas Jenderal Soedirman, Purwokerto. Penulis menyelesaikan pendidikan S1 pada Program Studi Ilmu Kelautan Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan Universitas Diponegoro (UNDIP), pendidikan S2 pada Program Studi *Master of Science* dari *Department of Chemistry, Biology, and Marine Science, Graduate School of Science and Engineering University of The Ryukyus*, Okinawa, Japan, dan pendidikan S3 pada Program Studi *Doctoral Program* dari *Department of Marine and Environmental Sciences Graduate School of Science and Engineering University of The Ryukyus*, Okinawa, Japan. Penulis menyelesaikan Program S2 dan S3 dibawah Program *Coral Reefs Advanced Biology Systematic (CRABS)* dengan beasiswa *Ministry of Education, Culture, Sports, Science and Technology (MEXT)* dari Pemerintah Jepang. Pada tahun 2016-2017, Penulis bekerja sebagai *Teaching Assistant* di *Graduate School of Science and Engineering, University of The Ryukyus*, Okinawa, Japan. Pada tahun 2017-2022, Penulis

pernah bekerja sebagai *Research Assistant Assistant* di *Graduate School of Science and Engineering*, University of The Ryukyus, Okinawa, Japan. Sebagai tenaga pendidik, penulis mengajar beberapa mata kuliah pada jenjang S1 seperti Biologi Laut, Mikrobiologi Laut, Planktonologi Laut, Algologi, *English for Academic Purpose*, Bahasa Inggris II dan Bahasa Jepang sedangkan mata kuliah yang diajar pada jenjang S2 antara lain Bioteknologi Industri Kelautan, Bioenergi, Bioinformatika, Analisis Biodiversitas Molekuler, Analisis Kuantitatif Biofisik Kelautan, Pencemaran Perairan, Bioteknologi Sumberdaya Akuatik Tropis, dan Eksplorasi Tumbuhan Akuatik. Penulis telah menulis buku: Pemberdayaan Masyarakat (Strategi, Model, dan Inovasi untuk Transformasi Sosial) (Bayfa Cendekia Indonesia, 2024); Membangun Ekonomi Biru Melalui Perikanan Budi Daya Berkelanjutan (Deepublish, 2025); Mengenal Alam dan Sains: Pengantar Ilmu Pengetahuan Bagi Guru Pemula (GetPress, 2026).

BIODATA PENULIS



Ashari Bagus Setiawan, S.Pd., M.Si.
Dosen Praktisi

Penulis dilahirkan pada 17 Agustus 1992 di Surabaya. Saat ini, penulis bekerja sebagai dosen praktisi pada matakuliah Biosistematika di Universitas Negeri Malang melalui skema program Praktisi Mengajar Mandiri Semester Ganjil 2025/2026. Pendidikan Sarjana diselesaikan di Universitas Negeri Surabaya pada program studi Pendidikan Biologi, jurusan Biologi. Penulis kemudian melanjutkan pendidikan magisternya di Departemen Biologi, program studi Biologi Tumbuhan minat Sistematika di IPB University. Buku ini merupakan buku kesebelas dari penulis.

Pada 2018 hingga 2020, penulis bekerja sebagai Kurator Herbarium di UPT. Laboratorium Terpadu Universitas Trunojoyo Madura. Penulis juga bekerja sebagai pengajar tetap Biologi untuk kurikulum Cambridge AS/A Level di SMA AL WILDAN 4 ISLAMIC SCHOOL JAKARTA pada tahun 2022 hingga 2025. Kepakaran penulis di bidang Sistematika Tumbuhan telah dibuktikan dengan beberapa publikasi penelitian terindeks serta buku kolaborasi yang telah terdaftar sebagai karya cipta di Direktorat Jenderal Kekayaan Intelektual (HKI). Penulis dapat dihubungi melalui surel asharibagussetiawan@gmail.com.

BIODATA PENULIS**Herlina Putri Endah Sari, S.Si., M.Sc.**

Dosen Program Studi Biologi
Fakultas Sains dan Teknologi, Universitas Samudra

Penulis lahir di Bojonegoro (Jawa Timur) pada Desember 1990. Menyelesaikan pendidikan S1 pada Program Studi Biologi di Universitas Negeri Malang dan menyelesaikan pendidikan S2 pada Program Studi Biologi di Universitas Gadjah Mada bidang Entomologi. Saat ini Penulis merupakan dosen tetap pada Program Studi Biologi, Fakultas Sains dan Teknologi, Universitas Samudra, Aceh. Bidang keahlian pengajaran dan penelitian yaitu bidang Entomologi, Biosistematika dan Ekologi.

BIODATA PENULIS



Muhammad Rifqi Hariri, S.Si., M.Si.

Peneliti Pusat Riset Biosistematika dan Evolusi
Badan Riset dan Inovasi Nasional

Penulis merupakan staf peneliti di Badan Riset dan Inovasi Nasional (BRIN). Beberapa penelitian yang dilakukannya bersama kolega telah diterbitkan di beberapa jurnal nasional dan internasional yang berkaitan dengan konservasi tumbuhan, *alien flora*, identifikasi dan verifikasi jenis tumbuhan berbasis DNA *barcoding*, dan analisis keragaman genetik tumbuhan langka. Sebelum bekerja, penulis menyelesaikan studi sarjana di Jurusan Biologi Universitas Negeri Malang dan melanjutkan ke jenjang Magister bidang Biologi Tumbuhan di Departemen Biologi Institut Pertanian Bogor. Selain bekerja sebagai peneliti, juga aktif mengajar sebagai dosen praktisi di Universitas melalui skema *team teaching* maupun Praktisi Mengajar KEMDIKBUDRISTEK.

BIODATA PENULIS**Dr. Hasmiwati, M.Kes**

Dosen Departemen Parasitologi
Fakultas Kedokteran Universitas Andalas

Penulis dilahirkan di Pasir Lawas Batusangkar, Kabupaten Tanah Datar, Sumatera Barat pada 13 Desember 1965, anak dari Alifahmi (alm) dan Kamsani (almh). Penulis menyelesaikan program Doktor/S3 (Dr) di Program Ilmu Biomedik Fakultas Kedokteran Universitas Andalas pada tahun 2015 dengan judul disertasi “Karakteristik DNA Mikrosatelit, Desain penanda Genetik dan Struktur Genetik Populasi *Aedes aegypti* Vektor Demam Berdarah Dengue (DBD) di Sumatera Barat”. Kegiatan ilmiah dan beberapa artikel sudah dipublikasikan dari hasil riset bidang Biologi Molekuler. Penulis mengampu beberapa mata kuliah terkait Parasitologi, Kedokteran Tropis, Biologi Sel, Immunoparasitologi, Genomik, Proteomik, dan Metabolomik serta Diagnostik Molekuler Penyakit Tropik. Penulis juga melaksanakan penelitian kolaborasi Indonesia bersama UNHAS, BRIN, dan UI terkait Simian Malaria dan Vektornya di tahun 2022.

Email : hasmiwati65@med.unand.ac.id.

Email Google Scholar : hasmiwati65@gmail.com.

BIODATA PENULIS



Alexander Kurniawan Sariyanto Putera, S.Si., M.Si.

Dosen Program Studi Pendidikan Biologi
Fakultas Keguruan dan Ilmu Pendidikan Universitas
Sulawesi Barat

Penulis lahir di Surabaya tanggal 26 September 1992. Penulis adalah dosen tetap pada Program Studi Pendidikan Biologi Fakultas Keguruan dan Ilmu Pendidikan Universitas Sulawesi Barat. Menyelesaikan pendidikan S1 pada Jurusan Biologi di Universitas Airlangga dan melanjutkan S2 pada Jurusan Biosains Hewan di IPB University. Penulis menekuni bidang menulis terutama artikel ilmiah di bidang biologi dan lingkungan sejak tahun 2014 hingga saat ini, baik tingkat nasional maupun internasional. Penulis dapat dihubungi melalui e-mail: alexanderksp92@gmail.com ini.

BIODATA PENULIS

Dara Juliana, S.Pd., M.Si.

Dosen Program Studi Biologi
Fakultas Kedokteran, UPN Veteran Jakarta

Penulis merupakan salah seorang Dosen di Program Studi Kedokteran UPN Veteran Jakarta. Penulis lahir di Kerinci, pada tanggal 05 Juli 1999. Penulis adalah dosen tetap pada Program Studi S1 Kedokteran UPN Veteran Jakarta. Menyelesaikan pendidikan S1 tahun 2020 pada Jurusan Pendidikan Kimia di Universitas Jambi, dan melanjutkan S2 pada tahun 2020 di Institut Pertanian Bogor (IPB) pada bidang konsentrasi Biokimia. Fokus riset penulis saat ini adalah terkait tumbuhan berkhasiat herbal yang bertindak sebagai antioksidan yang mampu menanggulangi beberapa permasalahan medis/kesehatan yaitu terutama pada penyakit degeneratif dan kardiovaskular. Penulis dapat dihubungi melalui e-mail: darajuliana@upnvj.ac.id