



Volume 10, nomor 2, tahun 2025

Biogenerasi

Jurnal Pendidikan Biologi

<https://e-journal.my.id/biogenerasi>



ANALISIS POHON FILOGENETIK GEN ITS1 *Amanita muscaria* DARI BERBAGAI NEGARA

Tri Mutia Andini, Afifatul Achyar, Universitas Negeri Padang, Sumatera Barat, Indonesia

*Corresponding author E-mail: trimutiandini@gmail.com

Abstract

The purpose of this study is to determine the genetic diversity of the ITS1 gene from *Amanita muscaria* originating from various countries and create a phylogenetic tree based on ITS1 gene data to show the evolutionary relationship and distribution history of *Amanita muscaria* in various countries. The method used in this study is the Neighbor-Joining Method which is used to construct phylogenetic trees quickly and efficiently. Bootstrap tests (10,000 replicates) indicate the confidence level of the tree branches. Evolution was calculated using the Maximum Composite Likelihood method. The analysis involved 13 nucleotide sequences and was performed with MEGA11 software. The results of this study are The phylogenetic tree of *Amanita muscaria* shows two main clades with bootstrap values of 27 and 39, which reflect the level of confidence in the group of specimens. The first clade with a value of 27 includes specimens AB096048.1, AJ549964.1, AB080778.1, AB081295.1, and LN877747.1, while the second clade with a value of 39 includes AB015700.1, AB081294.1, AB080779.1, and AB080983.1. The branch with a bootstrap value of 63 shows greater genetic diversity. Specimens AB096048.1 and AJ549964.1 and AB080777.1 and AB096052.1 have very close evolutionary relationships.

Keywords: *Amanita muscaria*, Genetic diversity, Phylogenetic tree

Abstrak

Tujuan dari penelitian ini adalah menentukan keragaman genetik gen ITS1 dari *Amanita muscaria* yang berasal dari berbagai negara serta membuat pohon filogenetik berdasarkan data gen ITS1 untuk memperlihatkan hubungan evolusi dan sejarah penyebaran *Amanita muscaria* di berbagai negara. Metode yang digunakan dalam penelitian ini yaitu Metode Neighbor-Joining yang digunakan untuk menyusun pohon filogenetik dengan cepat dan efisien. Uji bootstrap (10.000 ulangan) menunjukkan tingkat kepercayaan cabang pohon. Evolusi dihitung menggunakan metode Maximum Composite Likelihood. Analisis melibatkan 13 sekuen nukleotida dan dilakukan dengan perangkat lunak MEGA11. Hasil dari penelitian ini adalah Pohon filogenetik *Amanita muscaria* menunjukkan dua clade utama dengan nilai bootstrap 27 dan 39, yang mencerminkan tingkat kepercayaan pada kelompok spesimen. Clade pertama dengan nilai 27 mencakup spesimen AB096048.1, AJ549964.1, AB080778.1, AB081295.1, dan LN877747.1, sementara clade kedua dengan nilai 39 mencakup AB015700.1, AB081294.1, AB080779.1, dan AB080983.1. Cabang dengan nilai bootstrap 63 menunjukkan keragaman genetik yang lebih besar. Spesimen AB096048.1 dan AJ549964.1 serta AB080777.1 dan AB096052.1 memiliki hubungan evolusi yang sangat dekat.

Kata Kunci: *Amanita muscaria*, Keragaman genetik, Pohon filogenetik

© 2025 Universitas Cokroaminoto Palopo

PENDAHULUAN

Pohon filogenetik merupakan diagram yang menunjukkan struktur pengetahuan tentang keanekaragaman spesies dan merepresentasikan hubungan evolusi antar taksa. Pohon filogenetik adalah alat penting yang digunakan oleh ahli biologi evolusi untuk mencatat dan mensintesis informasi, menjelaskan fenomena, dan memprediksi hubungan antar organisme. Filogenetik digunakan oleh para peneliti untuk menjawab pertanyaan mendasar tentang sejarah dan keanekaragaman kehidupan di Bumi, seperti epidemiologi manusia, resistensi antibiotik, dan efek antropogenik terhadap domestikasi tumbuhan dan hewan. Kemampuan memahami dan menalar tentang pohon filogenetik (disebut dengan pemikiran kladistik/pemikiran pohon) merupakan keterampilan penting bagi mahasiswa biologi. Selama ini siswa sering kali tidak diajarkan bagaimana memikirkan hubungan keluarga yang digambarkan dalam diagram (Sa'adah dkk, 2015).

Gen ITS1 *Amanita* dari berbagai negara telah banyak dipelajari di berbagai hasil penelitian. *Amanita muscaria* adalah spesies terkenal dalam genus *Amanita*, tetapi fokus dari konteks yang disediakan terutama pada spesies *Amanita* lainnya. Namun, makalah ini membahas keragaman genetik, hubungan filogenetik, dan evolusi toksin di berbagai bagian genus *Amanita* (termasuk bagian *Amanita phalloides*, *Amanita* subgenus *Amanitina*, dan *Amanita Phalloideae*) (Milton, 2023). Studi-studi ini menyoroti pentingnya analisis genetik, termasuk Kajian filogenetik multigen termasuk gen ITS, NR1, RPB2, TEF1- α , dan TUB untuk memahami sejarah evolusi, keanekaragaman spesies, dan perkembangan racun *Amanita*. Meskipun data genetik ITS1 spesifik *Amanita* tidak dibahas secara langsung dalam konteks yang diberikan, wawasan yang lebih mendalam tentang genetika dan filogeni *Amanita* akan berguna untuk penelitian masa depan mengenai populasi *Amanita* di berbagai negara (Liu, 2023).

Penelitian tentang populasi gen *Amanita muscaria* ITS1 dari berbagai negara mengungkapkan keragaman genetik yang signifikan. Studi menunjukkan bahwa *Amanita muscaria* memiliki distribusi geografis yang luas di berbagai benua, dengan clades filogenetik berbeda yang ada di daerah seperti Alaska, Amerika Selatan, dan China (Vargas,

2019). Di Kolombia, strain *Amanita muscaria* yang diperkenalkan dari Eurasia telah membentuk asosiasi baru dengan hutan asli, berdampak pada ekosistem dan mengharuskan penggunaan jamur lokal untuk restorasi (Cao, 2009). Selain itu, metode yang diusulkan untuk analisis *in silico* dari *Amanita muscaria* daerah ITS rDNA mengurangi ruang pencarian untuk enzim restriksi, membantu dalam karakterisasi molekuler dan identifikasi spesies (Ramos, 2013). Temuan ini menyoroti sejarah evolusi yang kompleks, pola penyebaran, dan diferensiasi genetik populasi *Amanita muscaria* di seluruh dunia, serta menekankan pentingnya memahami dan melestarikan keanekaragaman jamur.

Tujuan dari penelitian ini adalah menentukan keragaman genetik gen ITS1 dari *Amanita muscaria* yang berasal dari berbagai negara serta membuat pohon filogenetik berdasarkan data gen ITS1 untuk memperlihatkan hubungan evolusi dan sejarah penyebaran *Amanita muscaria* di berbagai negara.

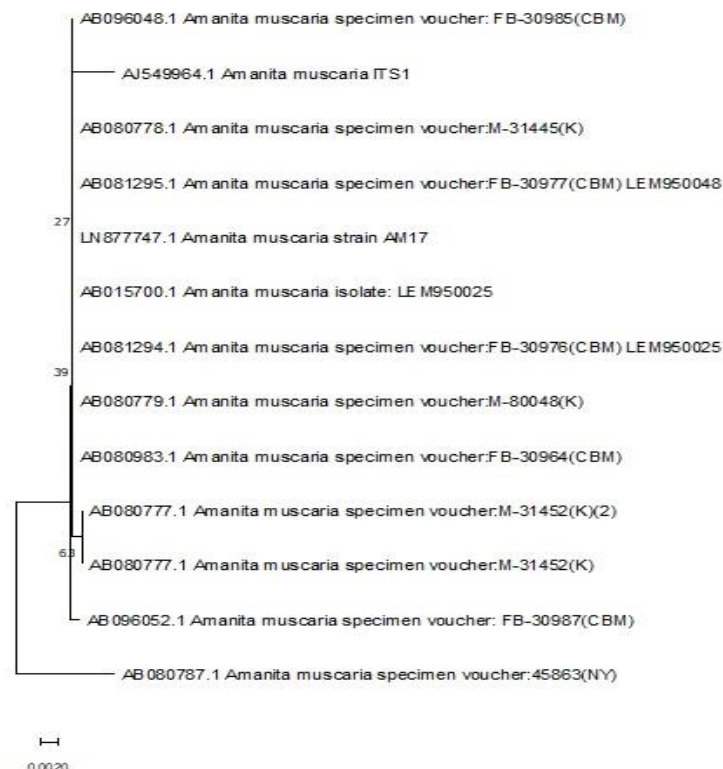
METODE

Metode yang digunakan untuk menyimpulkan sejarah evolusi taksa adalah Metode Neighbor-Joining. Metode Neighbor-Joining adalah algoritma untuk menyusun pohon filogenetik yang terutama digunakan dalam studi evolusi molekuler. Metode ini dirancang untuk memperkirakan pohon filogenetik dengan cepat dan efisien, terutama ketika jumlah taksa yang dianalisis besar. Pohon filogenetik optimal ditampilkan dengan persentase pohon replikasi di mana taksa terkait mengelompok bersama dalam uji bootstrap (10.000 ulangan), yang ditunjukkan di sebelah cabang-cabang pohon. Pohon ini digambar sesuai skala, dengan panjang cabang dinyatakan dalam satuan yang sama dengan jarak evolusi yang digunakan untuk menyimpulkan pohon filogenetik. Evolusi dihitung menggunakan metode Maximum Composite Likelihood dan dinyatakan dalam satuan jumlah substitusi basa per situs. Analisis ini melibatkan 13 sekuens nukleotida dengan posisi kodon yang disertakan adalah 1, 2, 3, dan posisi non-kode. Semua posisi yang ambigu dihapus untuk setiap urutan pasangan menggunakan opsi penghapusan berpasangan, menghasilkan total 704 posisi dalam set data akhir. Analisis evolusi ini dilakukan menggunakan perangkat lunak MEGA11.

HASIL DAN PEMBAHASAN

Pohon filogenetik menunjukkan dua clade utama dari spesimen *Amanita muscaria*, yang dipisahkan oleh nilai bootstrap 27 dan 39. Nilai bootstrap ini menunjukkan tingkat kepercayaan pada kelompok spesimen, dengan nilai lebih tinggi menunjukkan dukungan lebih kuat. Clade pertama dengan nilai bootstrap 27 mencakup spesimen AB096048.1, AJ549964.1, AB080778.1, AB081295.1, dan LN877747.1, yang memiliki hubungan evolusi dekat. Clade kedua dengan nilai bootstrap 39 mencakup

spesimen AB015700.1, AB081294.1, AB080779.1, dan AB080983.1. Pada cabang dengan nilai bootstrap 63, terdapat pemisahan lebih lanjut menunjukkan keragaman genetik yang lebih besar. Spesimen AB096048.1 dan AJ549964.1 serta spesimen AB080777.1 dan AB096052.1 menunjukkan hubungan evolusi yang sangat dekat. Berdasarkan hasil yang diperoleh dari analisis gen ITS1 *Amanita Muscaria* didapatkan pohon filogenetik seperti gambar dibawah ini.



Gambar 1. Analisis Pohon Filogenetik Gen ITS1 *Amanita Muscaria*

Nilai bootstrap adalah indikator penting dalam filogenetik yang memberikan gambaran mengenai tingkat kepercayaan dari klad yang dihasilkan. Dalam pohon ini, nilai bootstrap yang tinggi (misalnya, 63) menunjukkan bahwa cabang tersebut didukung dengan kuat oleh data sekuens. Sebaliknya, nilai bootstrap yang rendah menunjukkan bahwa hubungan tersebut kurang pasti dan mungkin memerlukan data tambahan untuk memvalidasi. Pohon filogenetik ini menunjukkan adanya diversitas genetik di antara spesimen *Amanita muscaria*. Kelompok pertama memiliki kesamaan genetik yang lebih tinggi, sementara kelompok kedua menunjukkan diversitas yang lebih besar. Hal ini dapat mengindikasikan adanya variasi

geografis atau evolusi yang menyebabkan diferensiasi genetik di antara spesimen-spesimen tersebut.

Analisis filogenetik ini memberikan wawasan penting bagi taksonomi *Amanita muscaria* dengan mengidentifikasi kelompok-kelompok genetik yang jelas, yang membantu dalam klasifikasi dan penamaan spesimen baru. Dengan memetakan hubungan evolusi antara spesimen, taksonom dapat lebih akurat menentukan bagaimana spesimen berbeda satu sama lain dan mengelompokkan mereka sesuai dengan garis keturunan yang sama. Selain itu, pohon filogenetik ini juga bisa digunakan untuk mengidentifikasi spesimen yang mungkin memiliki karakteristik unik atau perbedaan

ekologis yang signifikan, sehingga memperkaya pemahaman tentang variasi dalam spesies tersebut dan potensial aplikasinya dalam ekosistem.

Gen ITS1 dari *Amanita muscaria* (jamur beracun), memainkan peran penting dalam memahami susunan genetik dan sejarah evolusinya. Penelitian telah menunjukkan bahwa *Amanita muscaria* memiliki beragam gen, termasuk gen MSDIN yang bertanggung jawab atas toksisitasnya, yang tunduk pada seleksi alam yang kuat dan menunjukkan diferensiasi yang signifikan antara populasi California dan Eropa (Milton *et al.*, 2023). Selain itu, studi tentang sekte *Amanita Phalloideae* telah mengungkapkan hubungan filogenetik antara spesies mematikan dan tidak mematikan dalam bagian ini, menyoroti perbedaan genetik berdasarkan urutan gen seperti ITS (Barbare, 2022). Selanjutnya, efek ekstrak *Amanita muscaria* pada sel neuroinflamasi telah diselidiki, menunjukkan perubahan respons inflamasi mungkin karena adanya metabolit seperti trehalosa (Ashley *et al.*, 2023). Memahami gen ITS1 di *Amanita muscaria* sangat penting untuk mengungkap keragaman genetik, pola evolusi, dan aplikasi terapeutik potensial.

Pohon filogenetik untuk spesimen *Amanita muscaria* menunjukkan adanya dua clade utama yang terbentuk dengan nilai bootstrap masing-masing 27 dan 39. Nilai bootstrap ini tingkat kepercayaan pada kelompok spesimen yang terbentuk, di mana nilai yang lebih merepresentasikan tinggi menunjukkan dukungan yang lebih kuat terhadap kelompok tersebut. Clade pertama, yang memiliki nilai bootstrap 27, mencakup spesimen AB096048.1, AJ549964.1, AB080778.1, AB081295.1, dan LN877747.1, menunjukkan bahwa spesimen-spesimen ini memiliki hubungan evolusi yang dekat satu sama lain.

Clade kedua, dengan nilai bootstrap 39, mencakup spesimen AB015700.1, AB081294.1, AB080779.1, dan AB080983.1. Ini menunjukkan bahwa spesimen dalam clade kedua juga memiliki hubungan evolusi yang dekat, meskipun dukungan terhadap kelompok ini sedikit lebih kuat dibandingkan clade pertama. Nilai bootstrap yang lebih tinggi ini menunjukkan bahwa spesimen dalam clade kedua lebih mungkin berasal dari nenek moyang yang sama dibandingkan spesimen di clade pertama.

Kemudian pada cabang dengan nilai bootstrap 63, terdapat pemisahan lebih lanjut yang menunjukkan keragaman genetik yang lebih besar di antara spesimen *Amanita muscaria*. Di sini, spesimen AB096048.1 dan AJ549964.1, serta spesimen AB080777.1 dan AB096052.1, menunjukkan hubungan evolusi yang sangat dekat. Pemisahan dengan nilai bootstrap yang lebih tinggi ini menegaskan bahwa spesimen-spesimen tersebut memiliki kemiripan genetik yang sangat signifikan, mengindikasikan mereka mungkin berbagi garis keturunan yang sangat baru atau kurang mengalami variasi genetik dibandingkan kelompok lainnya.

SIMPULAN DAN SARAN

Analisis pohon filogenetik gen ITS1 dari spesimen *Amanita muscaria* menunjukkan adanya dua clade utama yang memiliki tingkat kedekatan genetik berbeda, ditandai oleh nilai bootstrap 27 dan 39. Meskipun nilai bootstrap ini masih tergolong rendah, mereka tetap memberi gambaran awal tentang hubungan evolusi antar spesimen. Clade dengan nilai bootstrap lebih tinggi (39) menunjukkan dukungan yang sedikit lebih kuat terhadap hubungan kekerabatan di dalamnya. Nilai bootstrap 63 pada cabang tertentu mengindikasikan adanya hubungan genetik yang sangat dekat antara spesimen tertentu, yang memperkuat bukti adanya keragaman genetik di dalam spesies ini. Keseluruhan pohon ini membantu memahami variasi genetik, sejarah evolusi, serta potensi aplikasi taksonomi dan ekologis dari *Amanita muscaria*.

Penelitian ini membuka wawasan mengenai ragam jenis jamur beracun sehingga kita perlu mewaspadaikan jenis – jenis jamur beracun yang beracun dan berbahaya bagi makhluk hidup.

DAFTAR RUJUKAN

- Ashley, L., Wagner, M., Yan, Z., & Kulka, M. (2023). *Amanita muscaria* extract potentiates production of proinflammatory cytokines by dsRNA-activated human microglia. *Frontiers in Pharmacology*.
<https://doi.org/10.3389/fphar.2023.1102465>
- Barbare, J. (2022). *Amanita sect. Phalloideae: Two interesting non-lethal species from West Africa*. *Mycological Progress*.

- <https://doi.org/10.1007/s11557-022-01778-0>
- Cao, J., Zhang, Z., Liu, D., Li, F., Cheng, X., Zhang, Y., Wang, H., Chang, Y., & Li, Z. (2009). ITS sequence analysis of 8 *Amanita* species from Tibetan and Yunnan. *Journal of Yunnan University*.
- Felsenstein J. (1985). Confidence limits on phylogenies: An approach using the bootstrap. *Evolution* 39:783-791.
- Liu, Y., Liu, J.-K., Kumla, J., Suwannarach, N., & Lumyong, S. (2023). Taxonomic novelties and new records of *Amanita* subgenus *Amanitina* from Thailand. *Journal of Fungi*. <https://doi.org/10.3390/jof9060601>
- Milton, T. D., Park, S.-C., Wang, W. Y., Keller, N. P., & Pringle, A. (2023). Pangenomics of the death cap mushroom *Amanita phalloides*, and of Agaricales, reveals dynamic evolution of toxin genes in an invasive range. *The ISME Journal*. <https://doi.org/10.1038/s41396-023-01432-x>
- Milton, T., Drott, S.-C., Park, Y., Wang, W., Harrow, L., Keller, N. P., & Pringle, A. (2023). Pangenomics of the death cap mushroom *Amanita phalloides*, and of Agaricales, reveals dynamic evolution of toxin genes in an invasive range. *The ISME Journal*. <https://doi.org/10.1038/s41396> 023-01432-x
- Ramos A., López-Ramírez, F., Flores-Estévez, N., & Miguel, A. (2013). An approach to finding enzymatic restriction patterns for molecular characterization of *Amanita muscaria*. *Journal of Food Agriculture & Environment*.
- Sa'adah, S., Hidayat, T., & Sudargo, F. (2015). Identifikasi miskonsepsi mahasiswa pendidikan biologi dalam memahami pohon filogenetika.
- Saitou N. and Nei M. (1987). The neighbor-joining method: A new method for reconstructing phylogenetic trees. *Molecular Biology and Evolution* 4:406-425.
- Tamura K., Nei M., and Kumar S. (2004). Prospects for inferring very large phylogenies by using the neighbor-joining method. *Proceedings of the National Academy of Sciences (USA)* 101:11030-11035.
- Tamura K., Stecher G., and Kumar S. (2021). MEGA 11: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 11. *Molecular Biology and Evolution*.
- Vargas, N., Gonçalves, S. C., Franco-Molano, A. E., Restrepo, S., & Pringle, A. (2019). In Colombia the Eurasian fungus *Amanita muscaria* is expanding its range into native, tropical *Quercus humboldtii* forests. *Mycologia*.