

Research Article



The Urgency Of Understanding Taxonomy In Learning Biology

(Urgensi Pemahaman Taksonomi Dalam Pembelajaran Biologi)

Nisa Sholehah Pangsuma, Topik Hidayat*

Program Pascasarjana Studi Pendidikan Biologi, Universitas Pendidikan Indonesia
Jl. Dr. Setiabudi No.229, Isola, Kec. Sukasari, Kota Bandung, Jawa Barat 40154

*Corresponding Author: topikhidayat@upi.edu

Informasi Artikel	ABSTRACT
Submit: 04 – 03 – 2023 Diterima: 18 – 11 – 2023 Dipublikasikan: 28 – 12 – 2023	<p>Pemahaman taksonomi ialah pengetahuan seputar ruang lingkup taksonomi. Taksonomi merupakan disiplin ilmu yang mempelajari tingkatan suatu makhluk hidup. Pemahaman mengenai taksonomi yang mulanya ada pada kurikulum 2013 menjadi tidak tercantum dalam kurikulum Merdeka. Penelitian ini bertujuan untuk meninjau seberapa pentingnya pemahaman taksonomi dalam pembelajaran biologi. Penelitian ini menggunakan metode studi literatur berdasarkan jurnal dan buku yang relevan. Pemahaman taksonomi menunjang pengetahuan dalam materi Biologi lanjutan. Dengan mempertimbangkan pengetahuan prasyarat biologi dalam beberapa materi biologi lanjutan pemahaman taksonomi ini adalah sesuatu yang penting. Maka dari itu, memiliki pemahaman taksonomi adalah hal yang penting dalam pembelajaran biologi. Penelitian ini menggaris bawahi urgensi pemahaman taksonomi dalam pembelajaran biologi</p> <p>Kata kunci: Taksonomi, Urgensi Pengajaran, Pembelajaran biologi</p>
Penerbit	ABSTRAK
Program Studi Pendidikan Biologi FKIP Universitas Jambi, Jambi- Indonesia	<p><i>The understanding of taxonomy is the knowledge surrounding the scope of taxonomy. Taxonomy is a discipline that studies the level of a living being. The understanding of taxonomy that originally existed in the 2013 curriculum is not listed in the Merdeka curriculum. This study aims to review how important understanding of taxonomy is in biological learning. The study used literature study methods based on relevant journals and books. An understanding of taxonomy supports knowledge in advanced Biology materials. Taking into account the prerequisite knowledge of biology in some advanced biology material understanding of this taxonomy is something important. Therefore, having an understanding of taxonomy is important in learning biology. This study underscores the urgency of understanding taxonomy in biological learning</i></p> <p><i>Key Word: Taksonomi, Teaching's Urgently, Biology learning.</i></p>



This BIODIK : Jurnal Ilmiah Pendidikan Biologi is licensed under a CC BY-NC-SA ([Creative Commons Attribution-ShareAlike 4.0 International License](https://creativecommons.org/licenses/by-nc-sa/4.0/))

PENDAHULUAN

Pemahaman taksonomi diartikan sebagai suatu pengetahuan mengenai ilmu taksonomi. Taksonomi merupakan ilmu yang mempelajari mengenai sistematika makhluk hidup. Taksonomi adalah suatu sistem klasifikasi atau pengelompokan organisme hidup berdasarkan karakteristik yang dimiliki oleh organisme tersebut. Tujuan dari taksonomi adalah menyusun dan mengelompokkan organisme secara sistematis, sehingga informasi tentang organisme tersebut dapat disajikan secara terstruktur dan dapat diakses oleh ilmuwan, peneliti, maupun masyarakat umum. Dalam taksonomi, organisme dikelompokkan berdasarkan kesamaan sifat-sifat tertentu, yang mencakup ciri-ciri morfologi (struktur fisik), fisiologi (fungsi tubuh), serta karakteristik genetik (Hidayat, 2017).

Taksonomi merupakan cabang ilmu esensial bagi beberapa cabang-cabang ilmu biologi lainnya. Pentingnya ilmu taksonomi tergambar dalam penelitian ilmiah yang mengadopsi metode komparatif dan observasi terhadap organisme sebagai objek studi. Pengamatan data menjadi kurang bermakna tanpa adanya klasifikasi sebelum pertandingan dilakukan. Taksonomi menunjang pemahaman konsep pada pembelajaran biologi. Konsep-konsep tersebut di antaranya adalah konsep klasifikasi makhluk hidup, keanekaragaman hayati, ekosistem, evolusi, dan genetika. Hal tersebut menunjukkan betapa pentingnya pengetahuan taksonomi untuk dapat mencapai tujuan pembelajaran pada konsep-konsep biologi tersebut. Namun seringkali pada praktiknya, pemahaman mengenai taksonomi hanya terbatas pada definisi konsep taksonomi saja. Padahal bila ditinjau lebih mendalam lagi, taksonomi memiliki ruang lingkup yang cukup luas sehingga dapat dikatakan sebagai disiplin ilmu yang general (Hidayat, 2021b). Kurangnya pemahaman taksonomi pada siswa saat mempelajari Biologi, dapat menyebabkan kegagalan pemahaman konsep, tidak tercapainya tujuan pembelajaran secara esensial, atau bahkan miskonsepsi. Dengan demikian perlu adanya strategi pembelajaran khusus yang dapat memperluas wawasan siswa terhadap pengetahuan mengenai taksonomi. Pemahaman mengenai taksonomi yang mulanya ada pada kurikulum 2013 menjadi tidak tercantum dalam kurikulum Merdeka. Hal ini seolah mencerminkan bahwa pemahaman taksonomi ini tidaklah begitu penting, namun mempertimbangkan pengetahuan prasyarat biologi dalam beberapa materi biologi lanjutan pemahaman taksonomi ini adalah sesuatu yang penting.

Berdasarkan paparan tersebut maka dapat diketahui bahwa pemahaman mengenai taksonomi memiliki peran penting dalam pembelajaran biologi. Hal tersebut ditunjukkan dengan berapa esensialnya pengetahuan mengenai taksonomi dalam menunjang pembelajaran biologi. Dengan demikian, peneliti berupaya untuk menganalisis urgensi pemahaman taksonomi pada pembelajaran biologi dalam sebuah kajian literatur. Maka kajian literatur ini diberi judul “Urgensi pemahaman taksonomi dalam pembelajaran biologi”

METODE PENELITIAN

Penelitian ini adalah penelitian kualitatif dengan metode studi literatur. Studi literatur adalah sebuah upaya untuk mengumpulkan data yang relevan dari berbagai sumber seperti buku, jurnal, dan studi pustaka lainnya untuk ditelaah (Snyder, 2019). Penelitian ini berfokus pada kajian literatur perkembangan pemahaman taksonomi pada pembelajaran biologi dalam 10 tahun terakhir. Data yang diperoleh berupa data sekunder yang bersumber dari buku, jurnal, maupun penelitian terdahulu. Data yang telah terkumpul akan disusun berdasarkan hasil yang sesuai dan sumber yang dapat dipertanggungjawabkan. Analisis data yang dilakukan terdiri dari dua tahap yakni reduksi dan penyajian data. Reduksi data mempermudah penulis untuk menyeleksi data dari literatur yang valid, sehingga dapat disajikan dalam bentuk naratif (Jumriani et al., 2021). Tujuan dari penelitian ini adalah untuk memahami urgensi pengetahuan taksonomi

dalam pembelajaran biologi. Dimana tujuan tersebut akan menghadirkan suatu permasalahan yang perlu dikaji dalam bentuk rumusan masalah. Adapun rumusan masalah dalam penelitian ini adalah “Bagaimana urgensi pemahaman taksonomi dalam pembelajaran Biologi?”. Melalui rumusan masalah tersebut dapat dirumuskan pertanyaan penelitian. Adapun pertanyaan penelitian yang dimaksud adalah sebagai berikut:

1. Apa saja ruang lingkup pemahaman taksonomi?
2. Bagaimana urgensi pemahaman taksonomi dalam pembelajaran biologi?
3. Bagaimana memfasilitasi pemahaman taksonomi dalam pembelajaran biologi?.

HASIL PENELITIAN DAN PEMBAHASAN

Istilah taksonomi berasal dari bahasa Yunani *taxis* (susunan) dan *nomos* (hukum/aturan), yang pertama kali diusulkan oleh Candolle (1813) sebagai teori klasifikasi tumbuhan. Dalam perkembangannya, taksonomi diberi batasan sebagai teori dan praktek klasifikasi organisme. Taksonomi terbagi menjadi dua cabang, yaitu: taksonomi mikro dan taksonomi makro. Taksonomi mikro diterapkan pada tingkat spesies, sedangkan taksonomi makro digunakan untuk klasifikasi takson yang lebih tinggi (Rosadi & Pratomo, 2014). Taksonomi berkaitan erat dengan cabang biologi yang lebih besar yaitu sistematika. Istilah sistematika, berasal dari bahasa Yunani yang dilatinkan yaitu *systema*, dan diterapkan dalam sistem klasifikasi oleh Linnaeus (1735) dalam bukunya yang berjudul *Systema Naturae*. Definisi yang lebih maju dikemukakan oleh Simpson (1961) bahwa sistematika adalah kajian ilmiah terhadap bermacam-macam organisme dan keanekaragamannya serta segala hubungan biologis di antara mereka. Secara sederhana dapat dikatakan bahwa sistematika adalah ilmu tentang keanekaragaman organisme (Rosadi & Pratomo, 2014).

Taksonomi berkembang sejak masa Aristoteles, dikembangkan lebih sistematis oleh Carolus Linnaeus, kemudian mendapat pengaruh besar dari teori evolusi Darwin, dan dikembangkan lebih lanjut menjadi sistematika populasi dan taksonomi numerik. Dua aktivitas penting yang ada dalam sistematika adalah klasifikasi dan identifikasi. Dalam klasifikasi, kita berusaha mengadakan penyusunan dan pengelompokan populasi pada semua arah dengan prosedur induktif, sedangkan dengan identifikasi individu-individu ditempatkan ke dalam takson-takson yang telah ditetapkan lebih dahulu dengan prosedur deduktif. Taksonomi terus berkembang, aktivitas ilmuwan dalam bidang ini terus meningkat. Tugas taksonomi di masa depan masih banyak, Dimana spesies dan takson yang lebih tinggi akan terus ditemukan (Rosadi & Pratomo, 2014). Beberapa ahli Yunani yang tersohor namanya, seperti Hippocrates (460- 377 SM) mengenumerasi tipe-tipe hewan tetapi belum menunjukkan indikasi klasifikasi yang bermanfaat. Pembahasan soal taksonomi pertama kali dicetuskan oleh filsuf Yunani, yaitu: Aristoteles (384-322 SM) yang dianggap sebagai bapak klasifikasi biologi. Aristoteles banyak menghabiskan waktu mempelajari zoologi, khususnya organisme-organisme laut. Studi yang dilakukannya tidak hanya pada aspek morfologi tetapi menyangkut embriologi, kebiasaan perilaku, dan ekologi. Menurut Aristoteles, hewan dapat dikarakterisasi menurut cara hidup, aksi-aksi, kebiasaan perilaku, dan bagian-bagian tubuh (Rosadi & Pratomo, 2014). Pada masa Cesalpino (1519- 1603) sampai Carolus Linnaeus (1707-1778) klasifikasi tumbuhan sangat berkembang, bukan hanya sebagai buah pikiran kedua taksonomis tersebut tetapi melibatkan ahli-ahli lain seperti Magnol, Tournefort, Rivinus, dan Bauhin. Seorang naturalis Inggris, John Ray kemudian merevisi konsep penamaan dan penggambaran organisme-organisme. Metode klasifikasi ke bawah yang dikembangkan oleh mereka adalah prinsip pembagian logis, yaitu: membagi kelompok yang lebih besar (superordinat) secara dikotomi menjadi dua kelompok yang lebih kecil (subordinate). Selanjutnya perkembangan taksonomi dipengaruhi oleh pemikiran Carolus Linnaeus.

Carolus Linnaeus memiliki pemikiran yang erat dengan prinsip klasifikasi ke bawah dengan pembagian logis. Salah satu inti pemikirannya adalah spesies merefleksikan ciri-ciri yang tetap dan tidak berubah. Walaupun, pada periode di mana ditemukan banyak sekali spesies baru dan macam-macam organisme, Linnaeus adalah inovator metodologi. Identifikasi cepat dan tepat yang dibutuhkan naturalis

difasilitasi oleh Linnaeus melalui kunci-kunci identifikasi yang disusun secara hati-hati, diagnosis yang tegas dengan sistem bergaya telegrafi, standardisasi sinonim, dan penemuan tatanama binomial (Rosadi & Pratomo, 2014).

Klasifikasi kemudian berkembang dengan metode yang terdiri atas pembentukan spesies melalui penyelidikan ke dalam kelompok-kelompok spesies yang serupa atau berkaitan dan pembentukan hierarki taksa yang lebih tinggi dengan mengelompokkan takson serupa yang hirarkinya lebih rendah. Secara sistematis metode ini diaplikasikan oleh seorang ahli botani, Adanson (1763) dan dipraktikkan oleh ahli-ahli zoologi pasca Linnaeus sampai dikemukakannya teori evolusi oleh Darwin (1859). Selama periode antara Linnaeus dan Darwin terjadi beberapa perkembangan dalam klasifikasi, yaitu: pertama, spesialisasi menjadi lebih menonjol. Para ahli menjadi spesialis pada satu kelompok hewan seperti burung, kumbang, atau kupu-kupu. Kedua, klasifikasi menjadi lebih hierarkis. Pada masa Linnaeus hanya dikenal genus, ordo, kelas, dan kingdom, tetapi kemudian segera muncul kategori famili dan filum, sejumlah tambahan menyusul. Ketiga, pedoman filosofis diabaikan, dan klasifikasi menjadi pekerjaan yang seutuhnya bersifat empirik. Keempat, pencarian sistem alami lebih intensif (Rosadi & Pratomo, 2014).

Teori evolusi yang dikemukakan Charles Darwin (1859) menyatakan bahwa semua makhluk hidup memiliki nenek moyang yang sama dan berevolusi satu sama lain melalui seleksi alam. Sebelum teori tersebut muncul para ahli taksonomis tidak memiliki alternatif jawaban mengenai sebab anggota-anggota satu takson lebih mirip satu sama lain, daripada anggota takson yang lain (Rosadi & Pratomo, 2014). Setelah periode Darwin berkembang beberapa teori berkaitan dengan keanekaragaman hewan di antaranya neo-Darwinisme, teori endosimbiotik, *punctuated equilibrium*, teori evolusi netral. Ketiga teori dari awal masih berakar dari teori evolusi Darwin. Secara paralel berkembang pula teori yang bertentangan dengan teori evolusi, yaitu: teori perancangan cerdas. Semua teori tersebut berada pada tataran teoritis dan praktis yang mempengaruhi perkembangan taksonomi dan kegiatan yang inheren di dalamnya (klasifikasi dan identifikasi).

Pada perkembangan sistematika dan taksonomi muncul tantangan menarik pada level populasi. Ketika sampel populasi dari bagian yang berbeda dari satu lingkup geografis suatu spesies dibandingkan, maka perbedaan kecil maupun besar sering kali ditemukan. Pada akhirnya hal ini menyebabkan penggantian sekelompok hewan tertentu dari spesies yang ditentukan secara tipologis menjadi spesies tersendiri. Studi dan perbandingan populasi intraspesifik menjadi tujuan dari sistematika populasi yang dipelopori oleh J.S Huxley (1940). J.S Huxley memberi nama sistematika baru tersebut sebagai suatu sistematika yang menyebabkan pengevaluasian kembali konsep spesies dan pendekatan yang lebih biologis terhadap taksonomi (Rosadi & Pratomo, 2014).

Pada periode yang sama dengan munculnya sistematika populasi, dua aspek tambahan mencuat ke permukaan. Pertama, aspek yang disebut pendekatan biologis terhadap taksonomi. Ketika para taksonomis lebih banyak turun ke lapangan, mereka menambahkan banyak ciri sebagai pelengkap ciri morfologis seperti perilaku, suara, kebutuhan ekologi, fisiologi, dan biokimia. Taksonomi secara nyata berubah menjadi taksonomi biologi. Kedua, diperkenalkannya eksperimen ke dalam taksonomi. Walaupun banyak dilakukan pada botani daripada zoologi, analisis eksperimen dari mekanisme-mekanisme yang diisolasi (khususnya pada vertebrata, *Drosophila*, dan protozoa) dan metode eksperimen lainnya sangat bermanfaat (Rosadi & Pratomo, 2014).

Menurut Singh (1999) menjelaskan bahwasanya sistematika memiliki tujuan untuk mengembangkan klasifikasi yang berdasarkan pada perbedaan kriteria serta metode yang dipergunakan untuk analisis data. Taksonomi berperan sebagai alat bantu dalam kajian berbagai bidang biologi maupun bidang ilmu yang lain. Peran taksonomi dalam biologi adalah:

1. Merupakan satu-satunya ilmu yang menyediakan gambaran cukup jelas mengenai keanekaragaman organik yang ada di bumi.
2. Menyediakan sebagian besar informasi yang diperlukan untuk rekonstruksi filogeni kehidupan.
3. Menyediakan informasi yang diperlukan oleh seluruh cabang biologi.

4. Menyediakan klasifikasi-klasifikasi yang bernilai penjelasan dan heuristik tinggi pada sebagian besar cabang biologi. Contohnya: biokimia, imunologi, ekologi, genetik, etologi, dan geologi sejarah.
5. Sebagai eksponen awal dari sistematika, taksonomi memberi kontribusi konseptual penting yang susah diperoleh bagi ahli biologi eksperimental.

Berdasarkan paparan tersebut dapat dipahami bahwa secara garis besar taksonomi adalah disiplin ilmu yang kompleks dan menunjang ilmu-ilmu lainnya terkhusus dalam konsep biologi. Taksonomi berkontribusi secara signifikan untuk memperluas biologi dan keseimbangan yang lebih baik dalam ilmu biologi secara keseluruhan (Rosadi & Pratomo, 2014). Pada penelitian ini akan dibahas ruang lingkup taksonomi, urgensi taksonomi, dan taksonomi dalam pembelajaran biologi.

1. Ruang Lingkup Pemahaman Taksonomi

Pemahaman mengenai taksonomi merupakan pengetahuan yang berkembang dalam berbagai bidang yang berkaitan dengan taksonomi. Ruang lingkup pemahaman tentang taksonomi meliputi pengetahuan tentang taksonomi numerik, keterampilan *tree thinking*, filogenetik molekuler, bioinformatika, dan DNA *barcode*. Berikut adalah pemaparan lebih lanjut terkait ruang lingkup pada pemahaman mengenai taksonomi:

a. Taksonomi numerik

Taksonomi numerik adalah sistem pengelompokan makhluk hidup menggunakan algoritma numerik dari unit taksonomi yang diuji berdasarkan karakter-karakter yang diamati (Hidayat, 2021b). Terdapat dua metode berbeda yang digunakan untuk menentukan klasifikasi organisme, yaitu fenetik (numerik) dan Kladistik (Sokal, 1986). Aplikasi taksonomi numerik dalam konstruksi klasifikasi biologis memungkinkan terwujudnya sirkumskripsi taksonomi berdasarkan prinsip yang tetap dan bukan sekedar klasifikasi yang bersifat subyektif (Sembiring, 2004). Urutan tahapan teknik klasifikasi numerik meliputi empat tahap yaitu:

1. Menentukan karakter dan spesies yang ingin diamati
2. Mengklasifikasikan spesies berdasarkan nilai similaritas dan disimilaritas.
3. Mengelompokkan spesies dengan menggunakan algoritma pengklasteran (*clustering algorithm*).
4. Kelompok yang dibentuk secara numerik kemudian dipelajari dan karakter yang bersifat membedakan (*separating character*) dipilih diantara data dalam matriks untuk selanjutnya digunakan dalam identifikasi.

Taksonomi numerik juga dikenal sebagai taksonomi Adansonian yang didasarkan atas lima prinsip utama yaitu:

1. Taksonomi yang ideal adalah taksonomi yang mengandung informasi terbesar yaitu yang didasarkan atas sebanyak-banyaknya karakter.
2. Masing-masing karakter diberi nilai yang setara dalam mengkonstruksi takson yang bersifat alami.
3. Tingkat kedekatan antara dua strain (OTU: *operational taxonomic unit*) merupakan fungsi proporsi similaritas sifat yang dimiliki bersama. Menurut Sokal & Sneath (1963), karakter yang digunakan sebagai identifikasi OTU merupakan deskripsi terhadap bentuk, struktur, atau sifat yang membedakan sebuah unit taksonomi dengan unit lainnya. Setiap karakter memiliki nilai yang dapat bersifat kualitatif atau kuantitatif. Karakter yang berkaitan dengan bentuk dan struktur merupakan karakter kualitatif. Sedangkan karakter yang mendeskripsikan ukuran, panjang, dan jumlah merupakan karakter kuantitatif. Secara umum, karakter kualitatif lebih berguna dalam membedakan takson pada tingkat taksonomi yang lebih tinggi. Sementara karakter kuantitatif banyak digunakan untuk membedakan kategori taksonomi pada tingkatan yang lebih rendah (Singh, 1999).
4. Taksa yang berbeda dibentuk berdasarkan atas sifat yang dimiliki.
5. Similaritas tidak bersifat filogenetis melainkan bersifat genetik.

Taksonomi numerik membandingkan kemiripan sifat antara spesies tanpa memperhatikan hubungan kekerabatan secara evolusionernya sehingga kadang disebut juga dengan **sistem fenetik** (Hidayat, 2017). Selaras dengan pendapat Sokal & Sneath (1963) mendefinisikan taksonomi numerik (aksonometri) sebagai metode kuantitatif mengenai kesamaan atau kemiripan sifat antar golongan organisme, serta penataan golongan-golongan tersebut melalui analisis kluster ke dalam kategori takson yang lebih tinggi atas dasar kesamaan tersebut (Sokal, 1986). Taksonometri didasarkan atas bukti-bukti fenetik, yaitu kemiripan yang diperlihatkan objek studi yang diamati dan dicatat, dan bukan berdasarkan kemungkinan perkembangan filogenetiknya. Hasil dari analisis fenetik akan menghasilkan pohon fenogram yang menggunakan pemahaman filogenetik.

Filogenetik adalah studi yang membahas tentang hubungan kekerabatan antar berbagai macam organisme melalui analisis molekuler dan morfologi. Karakter morfologi telah banyak digunakan dalam banyak penelitian filogenetik. Dengan pesatnya perkembangan teknik biologi molekuler, seperti PCR dan pengurutan DNA, penggunaan urutan DNA dalam penelitian filogenetik telah meningkat pesat dan telah digunakan pada semua tingkatan taksonomi, misalnya famili, marga, dan spesies.

Analisis filogenetik merupakan proses bertahap untuk mengolah data sekuen DNA atau protein sehingga diperoleh suatu hasil yang menggambarkan estimasi mengenai hubungan evolusi suatu kelompok organisme. Ada sejumlah asumsi yang harus diperhatikan sebelum menggunakan analisis sekuen DNA atau protein, diantaranya yaitu (1) sekuen berasal dari sumber yang spesifik, baik dari inti, kloroplas, atau mitokondria; (2) sekuen bersifat homolog (diturunkan dari satu moyang); (3) sekuen memiliki sejarah evolusi yang sama; dan (4) setiap sekuen berkembang secara bebas (Hidayat et al., 2021). Paling sedikit ada tiga tahap penting dalam analisis filogenetik, yaitu sequence alignment, rekonstruksi pohon filogenetika, dan evaluasi pohon filogenetika dengan metode statistik (Cavalli-Sforza, 1997).

Adapun analisis **kladistik** adalah pendekatan dalam taksonomi numerik yang digunakan untuk memahami hubungan kekerabatan antar organisme. Kladistik adalah metode hipotesis hubungan antara organisme dengan kata lain, metode rekonstruksi pohon evolusi. Dasar analisis kladistik adalah data pada karakter, atau ciri-ciri, dari organisme yang menarik bagi peneliti. Karakter ini bisa menjadi karakteristik anatomi dan fisiologi, perilaku, atau urutan genetik. Analisis tersebut didasarkan pada asal-usul suatu nenek moyang dari sekelompok organisme. Analisis kladistik berfokus pada konsep klad atau *klade*, yang mencakup nenek moyang bersama dan semua keturunannya. Kladistik adalah cabang ilmu sistematika yang mempelajari kekerabatan makhluk hidup berdasarkan persamaan dan perbedaan ciri. Persamaan ciri sering disebut juga karakteristik umum, sedangkan perbedaan ciri lazim disebut ciri khas (ciri yang tidak dimiliki oleh spesies lain) (Rusyana, 2021). Kladistik mengembangkan *system thinking*, dengan langkah-langkah: (1) menentukan spesies yang akan dikelompokkan, (2) menentukan ciri atau karakteristik, (3) membuat matrik penyesuaian karakteristik, (4) menentukan persamaan (karakteristik umum spesies yang dikelompokkan), (5) menentukan perbedaan ciri (ciri khas atau ciri yang hanya dimiliki oleh spesies tersebut dan tidak dimiliki oleh spesies lain), (5) menentukan dasar pengelompokan, dan (6) melakukan pengayaan sebagai pelengkap atau keterangan tabel kladistik. Tabel kladistik disebut juga matrik penyeleksian karakteristik secara cepat. Analisis kladistik akan menghasilkan kladogram sebagai hasil akhirnya (Fuadiyah, et. al., 2021).

b. Tree thinking

Tree thinking merupakan suatu keterampilan untuk memahami, menggunakan, dan menginterpretasikan pohon filogenetik sebagai suatu informasi yang relevan. Dalam mekanismenya, *Tree thinking* menggunakan dua metode dasar. Metode tersebut dapat berupa metode fenetik dan kladistik. Metode fenetik menganalisis kekerabatan melalui persamaan karakter yang dimiliki oleh setiap organisme. Sedangkan metode kladistik berfokus pada asal-usul nenek moyang suatu organisme untuk mempresentasikan hubungan kekerabatannya (Khofifah et al., 2020).

Aspek paling mendasar dari *tree thinking* mencakup pemahaman tentang pohon filogenetik, dan kemampuan menggunakannya untuk memikirkan secara mendalam tentang evolusi. Pohon filogenetik adalah alat yang digunakan para ahli biologi untuk menggambarkan hubungan evolusioner dan diversifikasi organisme (Rahmania et al., 2023). Pohon filogenetik dapat menjadi tantangan bagi siswa untuk memahami konsep taksonomi itu sendiri.

Pada tingkat praktis, *tree thinking* memungkinkan siswa memahami informasi dari diagram pohon dengan benar. *Tree thinking* juga memerlukan kemampuan untuk mengubah diskusi verbal atau tekstual tentang hubungan atau klasifikasi evolusioner menjadi filogeni. Keterampilan ini sangat penting untuk dipelajari, agar siswa dapat mulai membangun pemahaman mengenai pohon kehidupan sebagai dasar untuk mengatur pengetahuan tentang keanekaragaman hayati (Baum & Smith, 2012). Selain itu *tree thinking* dapat melatih keterampilan berpikir kritis pada siswa (Hidayat, 2021b). Terdapat lima kriteria penilaian dalam pemahaman *tree thinking*. Kriteria tersebut terdiri dari:

1. Mengidentifikasi karakter bersama yang dimiliki dua taksa atau lebih berdasarkan warisan dari MRCA (*most recent common ancestor*)
2. Mengidentifikasi karakter taksa berdasarkan informasi yang tersedia
3. Memahami konsep *clade* atau kelompok
4. Mengevaluasi hubungan evolusi suatu taksa
5. Menggunakan fakta dari MRCA untuk mendukung kesimpulan terkait karakter bersama.

c. Filogenetik Molekuler

Filogenetik molekuler telah menjadi bagian integral dari berbagai jenis penelitian di bidang biologi molekuler, genetika populasi, biologi perkembangan, dan evolusi biologi. Metode filogenetik molekuler sering digunakan secara luas di seluruh cabang biologi untuk membandingkan genom dan mengidentifikasi hubungan antara spesies dengan merancang pohon evolusi berdasarkan analisis statistik urutan basa (Tindi et al., 2017). Filogenetik molekuler mengkombinasikan teknik biologi molekuler dengan statistik untuk merekonstruksi hubungan filogenetik. Data yang digunakan pada filogenetika molekuler dapat berupa DNA, Protein, ataupun intisel (Hidayat et al., 2008). DNA dipilih sebagai sumber data yang diteliti dikarenakan sifatnya yang konstan, keberadaannya yang stabil, dan sebagai penciri hereditas yang baik. Adapun pemilihan protein sebagai sumber data molekuler dikarenakan protein dapat dikelompokkan dan didokumentasikan (Chen et al., 2017).

Pemikiran dasar penggunaan sekuen DNA dalam studi filogenetik adalah bahwa terjadi perubahan basa nukleotida menurut waktu, sehingga akan dapat diperkirakan kecepatan evolusi yang terjadi dan akan dapat direkonstruksi hubungan evolusi antar kelompok organisme. Sekuen DNA telah menarik perhatian para praktisi taksonomi dunia untuk dijadikan karakter dalam penelitian filogenetik karena beberapa fakta. Pertama, sekuen DNA menawarkan data yang akurat melalui pengujian homologi yang lebih baik terhadap karakter-karakter yang ada. Kedua, sekuen DNA menyediakan banyak karakter karena perbedaan laju perubahan basa nukleotida di dalam lokus yang berbeda adalah besar. Dan ketiga, sekuen DNA telah terbukti menghasilkan hubungan kekerabatan yang lebih alami (Nei, 1996: (Hidayat et al., 2021). Terdapat tiga tahap penting dalam analisis filogenetika molekuler, yaitu *sequence alignment*, rekonstruksi pohon filogenetika, dan evaluasi pohon filogenetika dengan uji statistik.

1. *Sequence Alignment*

Tujuan utama dari tahap ini adalah untuk menentukan apakah suatu sekuen DNA atau protein adalah homolog dengan yang lainnya (Hidayat et al., 2021). *Alignment* yang melibatkan dua sekuen yang homolog disebut *pairwise alignment*, sedangkan yang melibatkan banyak sekuen yang homolog disebut *multiple alignment*. Keberhasilan analisis filogenetika sangat tergantung kepada akurasi proses *alignment*. Terdapat beberapa aplikasi yang dapat membantu efisiensi pada proses ini, diantaranya disajikan pada tabel berikut:

Tabel 1. Aplikasi Program *Alignment*

Program	Kelebihan	Kekurangan
CLUSTALW	Menggunakan sedikit memori dibandingkan program lainnya	Kurang dalam hal akurasi dan skalabilitas dibandingkan program baru lainnya
DIALIGN*	Mampu mengenali daerah yang dapat dan tidak dapat di-align	Kurang akurat dibandingkan dengan CLUSTALW dalam hal penjajaran global
MAFFT, MUSCLE	Komputasi cepat, hasil lebih akurat dibanding CLUSTALW, dan skalabilitas besar	Menurunnya akurasi pada penjajaran dataset urutan yang sangat besar (>1000 urutan)

Sumber: (Apriliyanto & Sembiring, 2016)

2. Rekonstruksi Pohon Filogenetika

Metode dalam membangun suatu pohon filogenetika dengan menggunakan karakter molekuler seperti sekuens DNA. Metode ini dibagi menjadi empat kelompok utama, yaitu *distance method* (DM), *likelihood method* (LM), *Bayesian method* (BM), dan *parsimony method* (PM). Prinsip DM adalah jumlah perbedaan nukleotida antara dua sekuens DNA menunjukkan jarak evolusi yang terjadi. Prinsip dari LM ini adalah bahwa perubahan-perubahan diantara semua basa nukleotida adalah sebanding. Prinsip BM pada dasarnya adalah sama dengan LM, hanya berbeda dalam penghitungan distribusi prior untuk membangun pohon filogenetika. Prinsip PM beranggapan bahwa perubahan mutasional berlangsung pada semua arah diantara empat basa nukleotida atau 20 asam amino yang berbeda dan, berbeda dengan ketiga metode yang lain, hanya jumlah perubahan basa nukleotida atau asam amino yang terkecil yang dapat memberikan penjelasan yang baik mengenai keseluruhan proses evolusi yang terjadi. Kemudian, topologi pohon yang dipilih sebagai yang terbaik adalah yang mengalami jumlah perubahan yang paling kecil.

3. Evaluasi Pohon Filogenetik

Evaluasi pohon filogenetika berkaitan dengan uji reliabilitas dari sebuah pohon dan uji topologi antara dua atau lebih pohon yang berbeda berdasarkan set data yang sama (Hidayat et al., 2021). Banyak metode telah dikembangkan untuk menguji reliabilitas, diantaranya yaitu *interior branch test* (IB) dan *Felsenstein's bootstrap test* (FB).

d. Bioinformatika

Bioinformatika merupakan gabungan metode statistika, matematika, teknologi informasi, dan ilmu komputer untuk menyelesaikan masalah yang berbasis pada data biologi. Bioinformatika merupakan bidang penelitian interdisipliner yang menyatukan ilmu komputer dan ilmu biologi. Sebagai integrasi antara biologi dan informatika, bioinformatika menggunakan teknologi komputer untuk menyimpan, mengambil, memanipulasi, dan mendistribusikan informasi yang terkait dengan makromolekul. Makromolekul biologis yang dimaksud seperti DNA, RNA, dan protein. Fokus utama dalam bioinformatika adalah pada pemanfaatan komputer, terutama karena sebagian besar tugas dalam analisis data genom bersifat berulang atau kompleks secara matematis. Penggunaan komputer menjadi krusial dalam memproses genom untuk mengumpulkan informasi dan memperluas pengetahuan (Sardi, 2022).

Bioinformatika berbeda dengan biologi komputasi. Ruang lingkup bioinformatika terbatas pada sekuens, struktural, dan analisis fungsional gen dan genom serta produk-produk terkaitnya, sering kali dianggap sebagai komputasi biologi molekuler. Adapun biologi komputasi mencakup seluruh area biologi yang melibatkan perhitungan, termasuk metode data-analitis dan teoritis, pemodelan matematika, serta teknik simulasi komputasi untuk memahami sistem biologis, perilaku, dan sosial (Lewis University, 2022).

Dengan volume data biologis yang sangat besar hasil dari analisis biologi, maka menganalisisnya secara manual menjadi sangatlah sulit. Oleh karena itu, ilmu komputer digunakan untuk membantu dalam berbagai teknik komputasi yang dapat menganalisis kumpulan data biologis secara lebih akurat

dan efisien melalui proses otomatis. Sebagai Solusi dari permasalahan tersebut, bioinformatika dapat dianggap sebagai bidang ilmu data yang memecahkan masalah dalam biologi dan kedokteran. Dengan kemajuan teknologi eksperimental, telah terjadi peningkatan signifikan dalam volume data yang dihasilkan. Oleh karena itu, penting untuk mengelola dan mengekstraksi informasi yang bermanfaat dari sumber-sumber data besar ini. Hal ini menjadi krusial jika kita ingin menemukan pengetahuan baru yang dapat meningkatkan pemahaman kita tentang dunia kehidupan (Sardi, 2022).

Bioinformatika telah berkembang menjadi ilmu interdisipliner yang memiliki dampak signifikan di berbagai bidang pengetahuan. Seorang ahli biologi yang memiliki pengetahuan dalam bioinformatika memiliki keunggulan yang lebih besar dalam memahami dan mengelola data penelitian. Pentingnya bioinformatika tidak terbatas pada penelitian dasar genom dan biologi molekuler saja, tetapi juga memiliki implikasi besar dalam berbagai bidang bioteknologi dan ilmu biomedis (Shameer et al., 2017).

Aplikasi bioinformatika dalam bidang biologi dan kedokteran sangat bervariasi, termasuk dalam desain obat berbasis pengetahuan genetika, analisis DNA forensik, dan bioteknologi pertanian. Sebagaimana pada studi komputasi interaksi protein-ligand memberikan landasan rasional untuk mengidentifikasi dengan cepat penemuan obat sintetik baru. Pengetahuan tentang struktur tiga dimensi dari protein memungkinkan molekul yang dirancang untuk dapat terikat dengan tingkat afinitas dan spesifisitas yang tinggi ke lokasi reseptor protein target. Pendekatan berbasis bioinformatika ini secara signifikan mengurangi waktu dan biaya yang diperlukan untuk pengembangan obat, dengan potensi hasil yang lebih tinggi, efek samping yang lebih minim, dan toksisitas yang lebih rendah dibandingkan dengan menggunakan pendekatan uji coba berulang (Zloh & Kirton, 2018).

Di dunia ini terdapat tiga database urutan biologis sentral, yakni: (i) GenBank yang berada di bawah NCBI (*National Center for Biotechnology Information*), Bethesda, Maryland, Amerika; *European Nucleotide Archive* (ENA) yang berada di bawah *European Molecular Biology Laboratory–European Bioinformatics Institute* (EMBL–EBI), Hinxton, Inggris; dan (iii) *DNA Data Bank of Japan* (DDBJ) yang berada di bawah *NIG/CIB (National Institute of Genetics, Center for Information Biology)*, Mishima, Jepang. Ketiga database tersebut merupakan database primer yang menampung semua urutan DNA yang didepositokan oleh para peneliti dari seluruh dunia (Apriliyanto & Sembiring, 2016; Hidayat, 2021b)

e. DNA Barcode

DNA *barcoding* merupakan suatu sistem yang dirancang untuk memudahkan identifikasi dan autentikasi makhluk hidup secara cepat dan akurat karena menggunakan sekuen gen pendek dan telah terstandarisasi. Panjang urutan gen pada DNA *barcoding* berkisar antara 400-600 pasang basa. Awalnya metode ini, digunakan untuk memberikan informasi tambahan pada ahli taksonomi untuk meningkatkan kapasitas identifikasi makhluk hidup dalam mendokumentasikan keanekaragaman hayati (Hidayat, 2021a). *Barcode* DNA dapat dipakai sebagai alat identifikasi pada sampel yang tidak diketahui dengan mencocokkan penanda genetik spesifik ke perpustakaan referensi sekuen. Pada tahun 2003 *Consortium for the Barcode of Life* (CBOL) dibentuk. CBOL berpusat di *National Museum of Natural History*, Washington DC, Amerika Serikat. Pendirian Lembaga tersebut didasarkan pada penggunaan DNA *barcoding* dalam penelitian ini cukup kompleks dan tidak mungkin dilakukan oleh hanya satu instansi.

Gen dari daerah genom yang disarankan sebagai DNA *barcoding* pada makhluk hidup diantaranya, bagian dari gen mitokondria yaitu CO1 (*Cytochrome c oxidase subunit 1*) untuk DNA *barcoding* pada hewan, bagian dari gen kloroplas yaitu maturase K (*matK*) dan *ribulose-bisphosphate carboxylase* (*rbcl*), dan sekuen gen 16S rRNA direkomendasikan untuk DNA *barcoding* pada mikroba. DNA barcode merupakan sistem yang dibuat untuk mengidentifikasi dengan cepat dan akurat berdasarkan urutan nukleotida pada gen penanda pendek yang telah distandarasi, seperti gen *Cytochrome Oxidase Subunit I* (COI). Gen COI ini adalah bagian dari genom mtDNA yang memiliki beberapa keunggulan, salah satunya adalah kemampuannya yang minim mengalami delesi dan

insersi pada urutannya, serta sejumlah besar bagian yang bersifat konservatif (lestari). Oleh karena itu, gen COI dapat berfungsi sebagai DNA barcode, yang berperan sebagai ciri khas unik untuk setiap spesies (Tindi et al., 2017).

Pemilihan pada gen tersebut didasari oleh gen-gen di atas sangat terkonservasi, yang mana hanya mengalami sedikit perubahan nukleotida dalam proses evolusi. Di samping itu, gen tersebut dapat membedakan dan memiliki urutan basa tertentu yang dapat membedakan antara satu spesies dengan spesies lainnya. Proses pembuatan DNA *barcoding*, yakni dengan memperhatikan empat komponen yang perlu dilakukan untuk penelitian barcode berdasarkan petunjuk di CBOL sebagai berikut:

- a. Spesimen, berupa fosil, jaringan, benih, dan lain-lain
- b. Laboratorium analisis, untuk isolasi DNA, PCR Database, berupa data yang telah dikoreksi dan dapat dicocokkan dengan spesimen yang telah dianalisis
- c. Database digunakan untuk mendesain primer spesifik dari gen target yang akan dijadikan DNA *barcoding*
- d. Data analisis, dilakukan menggunakan program komputer tertentu yang dapat membaca hasil data molekuler. Hasil DNA *barcoding* adalah pembacaan sekuen DNA hasil dari proses sekuensing merupakan data yang harus dianalisis.

DNA *barcoding* sangat membantu ahli taksonomi dalam proses identifikasi spesies dengan memanfaatkan sekuen DNA. Perkembangan metode molekuler dan genetika saat ini mempengaruhi maraknya penggunaan metode DNA *barcoding* pada bidang keilmuan lainnya. Keilmuan lain tersebut diantaranya adalah studi ekologi, kedokteran, farmasi, dan bidang industri.

2. Urgensi Pemahaman Taksonomi

Urgensi pemahaman tentang taksonomi dalam pembelajaran biologi sangat penting karena taksonomi merupakan suatu sistem klasifikasi yang digunakan untuk mengelompokkan dan menyusun organisme berdasarkan karakteristik yang dimiliki. Pemahaman terhadap taksonomi memberikan dasar yang kuat dalam memahami keragaman hayati, evolusi, ekologi, dan berbagai konsep biologi lainnya (Hidayat, 2021b). Berikut adalah beberapa point penting dalam urgensi pemahaman taksonomi pada pembelajaran biologi:

1. Mengidentifikasi dan Mendeskripsikan Organisme
Taksonomi membantu dalam memberikan nama dan mengklasifikasikan organisme sesuai dengan karakteristik morfologi, fisiologi, dan genetiknya. Kemampuan untuk mengidentifikasi dan mendeskripsikan organisme adalah keterampilan dasar dalam studi biologi dan ekologi.
2. Memahami Keragaman Hayati
Taksonomi memungkinkan siswa untuk memahami keragaman hayati yang luar biasa di dunia ini. Dengan mengetahui bagaimana organisme diklasifikasikan, siswa dapat mengapresiasi keanekaragaman hayati dan peran setiap spesies dalam ekosistem.
3. Memahami Hubungan Evolusi
Sistem taksonomi mencerminkan hubungan evolusioner antara-organisme. Pemahaman terhadap taksonomi membantu siswa menyusun informasi tentang evolusi dan sejarah kehidupan di Bumi.
4. Membantu Identifikasi dan Pengendalian Penyakit
Pemahaman taksonomi penting dalam identifikasi mikroorganisme penyebab penyakit. Hal ini mendukung pengembangan strategi pengendalian penyakit dan pengembangan obat-obatan.
5. Menyediakan Dasar untuk Penelitian Ilmiah
Taksonomi memberikan kerangka kerja untuk penelitian ilmiah dan studi lapangan. Para ilmuwan dan peneliti menggunakan sistem taksonomi untuk menyusun dan memahami data hasil penelitian.
6. Kontribusi terhadap Konservasi Hayati

Pemahaman taksonomi penting dalam upaya konservasi hayati. Dengan mengetahui organisme apa yang ada dan di mana mereka berada, kita dapat mengembangkan strategi yang lebih efektif untuk melindungi spesies yang terancam punah dan ekosistemnya.

7. Meningkatkan Komunikasi Ilmiah

Taksonomi memberikan bahasa umum bagi ilmuwan di seluruh dunia untuk berkomunikasi tentang organisme tertentu. Hal ini mendukung pertukaran informasi dan kolaborasi lintas disiplin ilmu biologi.

Pemahaman tentang taksonomi bukan hanya relevan untuk para ilmuwan dan peneliti, tetapi juga esensial bagi siswa yang mempelajari biologi. Melalui pemahaman ini, siswa dapat membangun landasan yang kuat untuk pemahaman konsep-konsep biologi lebih lanjut untuk kepentingan kehidupan sehari-hari.

3. Pemahaman Taksonomi dalam Pembelajaran Biologi

Pemahaman taksonomi dapat menjadi pengetahuan dasar untuk menunjang pengetahuan tingkat lanjut dalam mempelajari biologi. Pemahaman mengenai taksonomi erat kaitannya dengan materi biologi yang bersifat holistik dan berfokus pada tingkatan organisme/ individu sebagai subjek kajiannya (Hidayat, 2021a). Maka dari itu peneliti mencoba untuk memetakan cakupan materi biologi yang berkaitan dengan pemahaman taksonomi, model pembelajaran yang dapat memfasilitasi pemahaman taksonomi, dan strategi pembelajaran yang dapat diadaptasi untuk mencapai pemahaman tentang taksonomi dengan baik.

a. Materi Biologi

Pemahaman tentang taksonomi sangat diperlukan dalam pembelajaran biologi, terkhusus untuk memberikan pengetahuan penunjang siswa terhadap materi biologi lanjutan. Beberapa materi biologi yang memerlukan pemahaman taksonomi diantaranya adalah materi klasifikasi makhluk hidup, keanekaragaman hayati, evolusi, ekologi, dan genetika. Materi biologi tersebut memiliki peran penting dalam tujuan pembelajaran biologi, khususnya pada kurikulum merdeka.

Kurikulum Merdeka adalah suatu pendekatan kurikulum yang diterapkan dengan landasan pengembangan profil peserta didik agar mereka dapat menjalani kehidupan sesuai dengan nilai-nilai yang terkandung dalam sila-sila Pancasila (Khatimah et al., 2023; Rifqi Hamzah, 2022). Dalam Kurikulum Merdeka, terdapat dorongan bagi guru dan peserta didik untuk secara bebas mengeksplorasi pengetahuan, sikap, dan keterampilan dari lingkungan sekitar, sekaligus membantu dalam pengembangan karakter mandiri (Khatimah et al., 2023). Kurikulum Merdeka merupakan suatu perubahan dalam pendekatan pembelajaran, di mana tanggung jawab penuh terletak pada guru dan peserta didik (Hilda et al., 2022; Khatimah et al., 2023). Berikut adalah pemetaan materi biologi dan kaitannya dengan pemahaman tentang taksonomi dalam kurikulum merdeka.

1. Klasifikasi Makhluk Hidup

Klasifikasi makhluk hidup dalam kurikulum merdeka dipelajari pada fase E, yakni pada tahapan kelas X. Klasifikasi makhluk hidup mempelajari tingkatan organisasi makhluk hidup dari mulai terkecil yakni sel, sampai dengan tingkatan tertinggi sebagai sebuah kingdom. Klasifikasi makhluk hidup adalah proses pengelompokan organisme hidup ke dalam kategori-kategori yang berbeda berdasarkan kesamaan atau perbedaan karakteristik tertentu. Sistem klasifikasi umumnya didasarkan pada taksonomi, yang merupakan ilmu yang mempelajari prinsip-prinsip pengelompokan dan penamaan organisme (Campbell et al., 2008). Berikut adalah pemetaan materi klasifikasi makhluk hidup dan keterkaitannya dengan pemahaman mengenai taksonomi:

Tabel 2. Pemetaan Materi Biologi Dengan Pemahaman Taksonomi

Klasifikasi Makhluk Hidup		
Tujuan Pembelajaran	Ruang Lingkup	Pemahaman Taksonomi
Memahami karakteristik makhluk hidup, dan tingkatannya dalam sistem kehidupannya	<ol style="list-style-type: none"> Karakteristik makhluk hidup Klasifikasi makhluk hidup berdasarkan biotik dan abiotic Tingkat organisasi kehidupan Klasifikasi kingdom 	Taksonomi membantu dalam mengelompokkan dan memberi nama pada organisme berdasarkan karakteristik mereka. Ini mempermudah identifikasi dan studi organisme secara sistematis.

2. Keanekaragaman hayati

Keanekaragaman hayati dalam kurikulum merdeka dipelajari pada fase E, yakni pada tahapan kelas X. Keanekaragaman hayati mempelajari tentang keragaman makhluk hidup baik dalam tingkat gen, spesies, dan ekosistem. Keragaman tersebut yang memunculkan perbedaan pola interaksi makhluk hidup dalam lingkungannya (Simon et al., 2012). Berikut adalah pemetaan materi keanekaragaman hayati dan keterkaitannya dengan pemahaman mengenai taksonomi:

Tabel 3. Pemetaan Materi Biologi Dengan Pemahaman Taksonomi

Keanekaragaman Hayati		
Tujuan Pembelajaran	Ruang Lingkup	Pemahaman Taksonomi
Mengidentifikasi tingkatan keanekaragaman hayati dengan menyajikan laporan dari hasil pengamatan di lingkungan sekitar	<ol style="list-style-type: none"> Kenakaragaman hayati Kenakaragaman hayati tingkat gen Kenakaragaman hayati spesies Keanekaragaman hayati ekosistem 	Sistem taksonomi mencerminkan keragaman hayati di planet ini. Dengan memahami taksonomi, siswa dapat mengeksplorasi keanekaragaman organisme dan hubungan evolusionernya.

3. Ekosistem

Ekosistem dipelajari pada Fase E, yakni materi terakhir yang dipelajari pada tingkatan kelas X SMA. Ekosistem mempelajari suatu hubungan timbal balik antara makhluk hidup dengan lingkungannya. Ekosistem diartikan sebagai suatu hubungan atau interaksi yang terjalin antara makhluk hidup dengan lingkungannya (Campbell. N.A et al., 2008). Berikut adalah pemetaan materi ekosistem dan keterkaitannya dengan pemahaman mengenai taksonomi:

Tabel 4. Pemetaan Materi Biologi Dengan Pemahaman Taksonomi

Ekosistem		
Tujuan Pembelajaran	Ruang Lingkup	Pemahaman Taksonomi
Mengidentifikasi komponen ekosistem dengan menyajikan laporan hasil pengamatan ekosistem di lingkungan sekitarnya	<ol style="list-style-type: none"> Pengelompokan Ekosistem Komponen-komponen ekosistem Interaksi antar komponen ekosistem 	Dengan memahami taksonomi, siswa dapat menyusun informasi tentang ekologi dan interaksi antarorganisme. Ini membantu dalam memahami peran setiap organisme dalam ekosistem.

4. Evolusi

Evolusi pada kurikulum merdeka dipelajari pada Fase F, yakni pada tingkatan kelas XII. Evolusi mempelajari tentang asal-usul suatu makhluk hidup. Evolusi berkaitan erat dengan kekerabatan suatu makhluk hidup (Simon et al., 2012). Teori evolusi seringkali mengalami miskonsepsi, hal ini ditunjukkan oleh (Yulianty et al., 2022) pada penelitiannya yang mengatakan bahwa tingkat penerimaan teori evolusi pada mahasiswa sarjana biologi rendah. Berikut adalah pemetaan materi evolusi dan keterkaitannya dengan pemahaman mengenai taksonomi:

Tabel 5. Pemetaan Materi Biologi Dengan Pemahaman Taksonomi

Evolusi		
Tujuan Pembelajaran	Ruang Lingkup	Pemahaman Taksonomi
<ol style="list-style-type: none"> Mendeskripsikan mekanisme evolusi dengan menyajikan data contoh kejadian evolusi pada hewan, seperti jerapah atau burung finch Memprediksi kejadian evolusi pada suatu makhluk hidup dengan membuat poster dari hasil kajian literatur Menyusun sebuah kladogram sederhana dari beberapa makhluk hidup 	<ol style="list-style-type: none"> Teori-teori evolusi Bukti evolusi 	Taksonomi mencerminkan hubungan evolusioner antara-organisme. Pemahaman ini membantu siswa memahami dasar-dasar evolusi dan konsep-konsep terkait.

5. Genetika

Genetika dipelajari pada Fase F, tepatnya pada tingkatan kelas XII. Genetika mencakup pembahasan mengenai substansi nya, dan penerapannya pada pola pewarisan sifat. Genetika dipahami sebagai disiplin ilmu yang mempelajari tentang materi genetic, dan peranannya dalam pola pewarisan sifat suatu makhluk hidup (Campbell et al., 2008). Berikut adalah pemetaan materi genetika dan keterkaitannya dengan pemahaman mengenai taksonomi:

Tabel 6. Pemetaan Materi Biologi Dengan Pemahaman Taksonomi

Genetika		
Tujuan Pembelajaran	Ruang Lingkup	Pemahaman Taksonomi
<ol style="list-style-type: none"> Menganalisis hubungan antara DNA, gen dan kromosom dengan menggambar struktur penyusun kromosom Menganalisis pola-pola pewarisan sifat pada manusia dengan menyusun peta silsilah keluarga 	<ol style="list-style-type: none"> Substansi genetika Hukum mendel Pola pewarisan sifat 	Pemahaman mengenai taksonomi dapat membantu siswa dalam menganalisis sifat yang muncul (fenotif) dan sifat yang tidak tampak (genotip) dalam suatu kasus silsilah kekerabatan

Berdasarkan paparan tersebut dapat dipahami bahwa pengetahuan tentang taksonomi memegang peran penting sebagai pengetahuan penunjang dalam mempelajari biologi. Sehingga dapat dikatakan bahwa pemahaman taksonomi adalah pengetahuan penting yang perlu diajarkan kepada siswa, khususnya pada pembelajaran biologi.

b. Model Pembelajaran

Terdapat beberapa model pembelajaran yang dapat membantu memfasilitasi pemahaman ilmu taksonomi biologi. Pemilihan model pembelajaran tergantung pada konteks pembelajaran, karakteristik siswa, dan tujuan pembelajaran. Beberapa model pembelajaran yang dapat memfasilitasi pemahaman taksonomi diantaranya adalah model *think pair share* (TPS), Model STEM, Model PBL (*problem based learning*), dan dapat pula diterapkan pada penilaian TPACK guru biologi. Oleh sebab itu, penting bagi guru untuk mengenal model-model pembelajaran tersebut, misalnya melalui kegiatan sosialisasi atau pelatihan tertentu (Sadikin, et al., 2023).

Menurut (Wulandari et al., 2017) dalam penelitiannya menyatakan bahwa model *think pair share* (TPS) dibantu oleh pohon filogenetik positif berpengaruh terhadap hasil belajar kognitif siswa dan kemampuan berpikir kritis mereka. Adapun pendapat (Ballen et al., 2019) mengungkapkan bahwa keterampilan *tree thinking* dapat memfasilitasi kemampuan pemecahan masalah siswa pada pembelajaran biologi. Khususnya pada kajian filogenetik forensik yang menjadi bahan penelitian utama yang ditelitinya. Menurut (Putri et al., 2020) pelatihan taksonomi numerik dapat dijadikan strategi untuk meningkatkan TPACK guru biologi. Dimana taksonomi numerik dapat melatih guru dalam mengidentifikasi tujuan pembelajaran, merumuskan tujuan pembelajaran, menentukan konsep penting, menentukan keluasan dan kedalaman materi, mengidentifikasi miskonsepsi, menentukan pertimbangan mengajar, menentukan strategi mengajar, menentukan urutan penyajian materi, memanfaatkan

teknologi, menentukan tujuan penggunaan teknologi, menyiasati ketiadaan teknologi, dan mengukur pemahaman peserta didik.

Sangat penting untuk menyesuaikan kebutuhan siswa dan menciptakan lingkungan belajar yang dapat memberikan siswa pemahaman yang mendalam. Kombinasi dari beberapa model pembelajaran yang bersifat inkuiri dapat memberikan pengalaman belajar yang lebih beragam dan holistik. Sehingga pemahaman mengenai taksonomi dapat diterima dengan baik oleh siswa. Selain itu perlu dilakukan upaya pengembangan perangkat pembelajaran, misalnya perangkat asesmen berbasis kontekstual, untuk mengukur keterampilan tertentu (Sembiring & Nasution, 2023).

SIMPULAN

Berdasarkan pemaparan diatas dapat disimpulkan pengetahuan tentang taksonomi memegang peran penting sebagai pemahaman dasar untuk memahami materi biologi tingkat lanjut. Untuk itu penting sekali membelajarkan pemahaman mengenai taksonomi beserta ruang lingkupnya dalam pembelajaran biologi. Terlebih pemahaman mengenai taksonomi ini mulai ditinggalkan dalam kurikulum terbaru. Hal ini menjadi tugas penting bagi guru untuk senantiasa dapat membekalkan pemahaman taksonomi kepada siswa yang mempelajari biologi.

RUJUKAN

- Apriliyanto, & Sembiring. (2016). *Filogenetik Molekuler: Teori dan Aplikasi*. Innosains. <https://www.researchgate.net/publication/335126070>
- Ballen, C. J., Drake, A. G., & Zamudio, K. R. (2019). Forensic Phylogenetics: Implementing Tree-thinking in a Court of Law. *CourseSource*, 6. <https://doi.org/10.24918/cs.2019.16>
- Baum, D. A., & Smith, S. D. (2012). *Tree thinking : an introduction to phylogenetic biology*. Roberts.
- Campbell, N. A., Reece, J. B., Urry, L. A., Cain, M. L., Wasserman, S. A., Minorsky, P. V., & Jackson, R. B. (2008). *Biologi Edisi kedelapan Jilid 2*. Erlangga.
- Campbell, N.A, Reece, J. B., Urry, L. A., Cain, M. L., Wasserman, S.A, Minorsky, P.V, & Jackson, R.B. (2008). *Biologi: Vol. Jilid 3* (8th ed.). Erlangga.
- Chen, C., Huang, H., & Wu, C. H. (2017). Protein bioinformatics databases and resources. *Methods in Molecular Biology*, 1558, 3–39. https://doi.org/10.1007/978-1-4939-6783-4_1
- Fuadiyah, S., Hidayat, T., & Priyandoko, D. (2021). Cladogram misreading of undergraduate students in understanding evolution. *JPBI (Jurnal Pendidikan Biologi Indonesia)*, 7(2), 179-187.
- Hidayat, T. (2017). Menggairahkan pembelajaran taksonomi di kelas menggunakan metode fenetik. *ResearchGate*, 5(1). <https://www.researchgate.net/publication/313525815>
- Hidayat, T. (2021a). Kajian Biologi Sistematika Molekuler: Dari Klasifikasi Modern Hingga Kode Batang DNA. . In Pidato Pengukuhan Guru Besar Fakultas Pendidikan Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam Universitas Pendidikan Indonesia.
- Hidayat, T. (2021b). Numerical Taxonomy in School: Sustainability in Biodiversity Learning. *International Conference on Mathematics and Science Education (ICMScE)*.
- Hidayat, T., Kusumawaty, D., Din Yati, D., Agusthina Muchtar, A., Dina Mariana Jurusan Pendidikan Biologi, dan, & Pendidikan Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, F. (2008). Analisis Filogenetik Molekuler pada *Phyllanthus niruri* L. (Euphorbiaceae) Menggunakan Urutan Basa DNA Daerah Internal Transcribed Spacer (ITS). *Jurnal Matematika Dan Sains*, 13.
- Hidayat, T., Saputro, N. W., Khamid, M. B. R., & Bayfurqon, F. M. (2021). First phylogenetic treatment of apple cucumber (Family cucurbitaceae) from indonesia utilizing dna variation of internal transcribed spacer region. *HAYATI Journal of Biosciences*, 28(1), 48–53. <https://doi.org/10.4308/hjb.28.1.48>

- Hilda, Zahwa, N., Kusuma Astuti, Biryani, W., Prasetyawati, Y., & Zulkardi. (2022). *Studi Literatur: Implementasi Merdeka Belajar Dalam Meningkatkan Mutu Pembelajaran Matematika Selama Pandemi*. 8(1), 110–119. <http://ejournal.unsub.ac.id/index.php/FKIP>
- Jumriani, Mutiani, Putra, M. A. H., Syaharuddin, & Abbas, E. W. (2021). The Urgency of Local Wisdom Content in Social Studies Learning: Literature Review. *The Innovation of Social Studies Journal*, 2(2), 2723–1119. <https://doi.org/10.20527/Available>
- Khatimah, H., Darussyamsu, R., Fadilah, M., & Anggriyani, R. (2023). Validity of Development of Biology Teaching Modules with Content Characters in Biodiversity Materials Content Character Teaching Module Validity. *Ruang-Ruang Kelas: Jurnal Pendidikan Biologi*, 3(3). <http://rrkjurnal.ppj.unp.ac.id/index.php/RRKJURNAL>
- Khoffah, U., Ratnasari, J., & Juhanda, A. (2020). Analisis Butir Soal Kemampuan Tree Thinking Pada Instrumen Uji Coba Materi Spermatophyta. *BIODIK*, 6(3), 328–335. <https://doi.org/10.22437/bio.v6i3.9907>
- Putri, A. R. A., Hidayat, T., & Purwianingsih, W. (2020). Pelatihan Taksonomi Numerik Sebagai Strategi Untuk Meningkatkan Technological Pedagogical Content Knowledge Guru Biologi. *Jurnal Pendidikan Sains Indonesia*, 7(2), 64–78. <https://doi.org/10.24815/jpsi.v7i2.14332>
- Rahmania, S., Hidayat, T., & Supriatno, B. (2023). Implementation of Phylogenetic Worksheet to Improve Students' Tree Thinking and Critical Thinking Skills on Spermatophyte Classification. *Lectura : Jurnal Pendidikan*, 14(2), 249–260. <https://doi.org/10.31849/lectura.v14i2.14472>.
- Rifqi Hamzah. (2022). Proyek Profil Pelajar Pancasila sebagai Penguatan Pendidikan Karakter pada Peserta Didik. *Jurnal Jendela Pendidikan*, 2(04).
- Rosadi, B., & Pratomo, H. (2014). *Modul 1 Taksonomi Secara Umum*. Universitas Terbuka Pers.
- Rusyana, A. (2021). Pengaruh Penggunaan Tabel Kladistik Terhadap Pemahaman Materi Zoologi Invertebrata. *Jurnal Pendidikan Biologi*, 9(1), 18–26.
- Sadikin, A., Siburian, J., Sembiring, D. A. E. P., Mardiyanti, L., & Mursyd, D. (2023). Pelatihan Model-Model Pembelajaran Inovatif Bagi Guru-Guru Di SMA N 2 Muaro Jambi. *Jurnal JUPEMA*, 2(2), 1-7.
- Sardi, A. (2022). Bioinformatics: Challenges in Integrating Biological Information. *Jurnal Biologi Tropis*, 22(4), 1297–1301. <https://doi.org/10.29303/jbt.v22i4.4346>
- Sembiring, L. (2004). Peranan biosistemika dalam menunjang pemanfaatan keanekaragaman hayati. *In Seminar Nasional Biologi*.
- Sembiring, D. A. E. P., & Nasution, L. (2023). Pengembangan Perangkat Asesmen Autentik Berbasis Kontekstual untuk Mengukur Keterampilan Proses Sains Mahasiswa pada Matakuliah Mikrobiologi:(Development of Contextual-based Assessment Tool to Measure Student's Science Process Skill in Microbiology Course). *BIODIK*, 9(1), 139-150.
- Shameer, K., Badgeley, M. A., Miotto, R., Glicksberg, B. S., Morgan, J. W., & Dudley, J. T. (2017). Translational bioinformatics in the era of real-time biomedical, health care and wellness data streams. *Briefings in Bioinformatics*, 18(1), 105–124. <https://doi.org/10.1093/bib/bbv118>
- Simon, E. J., Dickey, J. L., & Reece, J. B. (2012). *Campbell Essential Biology With Physiology* (4th ed.). Pearson.
- Snyder, H. (2019). Literature Review as a Research Methodology: An Overview and Guidelines. *Journal of Business Research*, 104, 333–339.
- Sokal, R. R. (1986). Phenetic Taxonomy: Theory and Methods. In *Ann. Rev. Ecol. Syst* (Vol. 17). www.annualreviews.org
- Tindi, M., Gustaf Mamangkey, N. F., & Wullur, S. (2017). DNA Barcode Dan Analisis Filogenetik Molekuler Beberapa Jenis Bivalvia Asal Perairan Sulawesi Utara Berdasarkan Gen COI. *Jurnal Pesisir Dan Laut Tropis*, 1(2). www.qiagen.com

- Wulandari, H., Supriyanto, & Priyono, B. (2017). The Influence Of Phylogeny Tree-Assisted Tps Of Invertebrata Materials Towards Students' Cognitive Learning Results And Critical Thinking Ability. *Unnes Science Education Journal*, 6(1). <http://journal.unnes.ac.id/sju/index.php/usej>.
- Yulianty, S., Hidayat, T., Hamdiyati, Y., & Tresnawati, C. (2022). Identification of undergraduate biology students' level acceptance and perceptions of evolution theory: A preliminary study. *AIP Conference Proceedings*, 2468. <https://doi.org/10.1063/5.0104643>
- Zloh, M., & Kirton, S. B. (2018). The benefits of in silico modeling to identify possible small-molecule drugs and their off-target interactions. In *Future Medicinal Chemistry* (Vol. 10, Issue 4, pp. 423–432). Future Medicine Ltd. <https://doi.org/10.4155/fmc-2017-0151>.