

## BAB I PENDAHULUAN

### A. Latar Belakang

*Pinus merkusii* adalah salah satu pinus yang tumbuh secara alami di wilayah Asia tenggara dan satu-satunya jenis Pinus yang tumbuh di Indonesia. Persebarannya meliputi bagian timur Myanmar, Thailand, Kamboja, Vietnam, Indonesia dan Filipina. *Pinus merkusii* memiliki ukuran pohon yang sedang dengan tinggi mencapai 70 m (Theilade *et al.*, 2000), Sehingga dikenal dengan jenis pinus paling tinggi didunia dengan tipe tutupan pohon berbentuk *piramida-conical* pada waktu muda dan kanopi cenderung lebih rata serta menyebar saat pohon dewasa (Bharali *et al.*, 2012). *Pinus merkusii* dapat tumbuh pada ketinggian 500-1300 mdpl dengan ciri khas daun jarum yang terdiri dua daun jarum (needles) dalam satu *fasikel* serta organ reproduksi jantan dan betina yang berbentuk *strobilus* (Cooling, 1968).

Pemanfaatan *Pinus merkusii* sangat banyak bahkan pada tahun 1999 *Pinus merkusii* merupakan tumbuhan berkayu produksi yang paling banyak ditanam setelah pohon jati (*Tectona grandis*) (Siregar dan Hattemer, 1999). *Pinus merkusii* atau dikenal dengan Tusam telah banyak di tanam dan dijadikan sebagai tanaman hutan produksi pada daerah Jawa yang hasilnya digunakan untuk kayu pertukangan, penghasil gondorukem (getah), dan penghasil korek api (Harahap, 1999). Produk dari getah Pinus berupa gondorukem dan terpentin memiliki nilai tinggi bagi industri di Indonesia dimana telah banyak digunakan sebagai bahan dasar batik dan pelarut cat (Saputra *et al.*, 2014).

Di Indonesia *Pinus merkusii* hanya tersebar secara alami di pulau Sumatra yaitu daerah Aceh, Tapanuli (Sumatra Utara) dan Kerinci. Ketiga populasi *Pinus merkusii* di Sumatera memiliki beberapa perbedaan dilihat dari segi morfologi, anatomi, fisiologi dan genetik. Morfologi antara ketiga populasi tidak berbeda secara signifikan, perbedaan dapat dilihat dari tebal kulit pohon, panjang daun dan bentuk cabang (Cooling, 1968; Harahap, 1999). Jika dilihat secara anatomi, hasil penelitian menunjukkan bahwa ekotipe Kerinci dan Tapanuli memperlihatkan batas *earlywood* dan *latewood* sehingga lingkaran tumbuh terlihat jelas, sedangkan pada ekotipe Aceh tidak jelas (Sandri *et al.*, 2016). Serta pada beberapa penelitian menunjukkan perbedaan tingkat kandungan resin dan variasi genetik antara ketiga populasi (Coppen *et al.*, 1993; Siregar dan Hattemer, 1999). Selain itu pada populasi *Pinus merkusii* asal Kerinci terdapat jarak persebaran yang jauh dengan kedua populasi lainnya yaitu populasi Tapanuli dan Aceh, sehingga terlihat bahwa populasi *Pinus merkusii* asal Kerinci terisolasi dari populasi lainnya dan kecilnya potensi aliran gen antara populasi memungkinkan dapat terjadi spesiasi (Cooling, 1968).

Dalam membedakan ketiga populasi beberapa publikasi mengelompokkan populasi *Pinus merkusii* dari Aceh, Tapanuli dan Kerinci dengan istilah Strain, Provenansi, Ras dan Ekotipe (Lamb dan Coolling, 1967; Cooling, 1968; Isotomo *et al.*, 2000; Sandri *et al.*, 2016). Beberapa penyebutan tersebut tidak sesuai dengan kategori *rank* berdasarkan tata nama yang berlaku sesuai aturan *International Code Of Nomenclature For Algae, Fungi, And Plants*. Dalam aturan yang dibuat berdasarkan *International Code Of Nomenclature* (IAPT,2018), untuk

kategori kelompok dibawah spesies dinamakan Subspesies, Varietas, Subvarietas, Forma, dan Subforma. Hal ini menunjukkan bahwa status taksonomi antara ketiga populasi asal belum jelas, sehingga dibutuhkan evaluasi mengenai status taksonomi populasi *Pinus merkusii* di Sumatera.

Pembudidayaan *Pinus merkusii* Sumatera di Pulau Jawa telah dimulai dari sebelum Indonesia mendapat kemerdekaannya yaitu pada tahun 1920, dengan mengenalkan *Pinus merkusii* asal Aceh hingga Jawa sebagai hutan produksi kayu (Suseno, 2001; Sukarno *et al.*, 2015). Kemudian dilanjutkan upaya reboisasi nasional sejak tahun 60- an yang dilakukan oleh pemerintah melalui Kementerian Lingkungan, sekitar 60 % jenis tumbuhan yang digunakan adalah *Pinus merkusii*, hal ini dikarenakan oleh beberapa faktor yaitu tersedianya benih cukup banyak, laju pertumbuhannya cepat bahkan dapat menjadi jenis pionir dan dapat tumbuh pada lahan-lahan yang marginal (Mangundikoro, 1983). Bibit yang digunakan dalam upaya reboisasi berasal dari sub populasi Aceh sedangkan asal Tapanuli dan Kerinci belum dikembangkan secara intensif. Begitu juga pada *Pinus merkusii* yang saat ini telah banyak tersebar di daerah Sumatra yang diduga berasal dari populasi *Pinus merkusii* Aceh (Harahap, 1999; Saputra *et al.*, 2014).

Dari ketiga populasi *Pinus merkusii* Aceh, Tapanuli dan Kerinci. *Pinus merkusi* asal Kerinci memiliki beberapa keunggulan yang berpotensi untuk dikembangkan menjadi tumbuhan produksi yaitu dibandingkan dengan populasi Aceh dan Tapanuli, *Pinus merkusii* asal Kerinci memiliki batang lebih lurus, silindris, kulit batang tipis, percabangan sangat tinggi dan diameter batang setinggi dada dapat mencapai 100 cm sehingga cocok untuk dijadikan kayu

produksi. Populasi ini juga mampu tumbuh dengan baik di lahan kritis (tanah berbatu dan daerah terjal) dan memiliki potensi sebagai indikator perubahan iklim karena menghasilkan lingkaran tumbuh yang jelas (Isotomo *et al.*, 2000; Sandri *et al.*, 2016). *Pinus merkusii* asal Kerinci juga menghasilkan getah yang cepat dan banyak serta kemampuan hidup dan pertumbuhan *P. merkusii* Kerinci pada plot konservasi eksitu menunjukkan pertumbuhan yang baik, sehingga jenis ini dapat dikembangkan dan diperbanyak (Saputra *et al.*, 2014).

Namun sebelum dilakukan pemuliaan lebih lanjut keberadaan *Pinus merkusii* Kerinci semakin berkurang hal ini disebabkan adanya gangguan akibat perambahan atau penggunaan ladang oleh masyarakat dengan mematikan pohon *Pinus merkusii* sehingga populasi Kerinci terbagi-bagi menjadi populasi kecil, regenerasi *Pinus merkusii* asal Kerinci sangat rendah, dilihat dari sedikitnya pemudaan alam dan banyaknya strobilus yang tidak berbiji (Edy *et al.*, 2012).

Faktor lain yang paling mengancam potensi genetik *Pinus merkusii* asal Kerinci adalah masuknya *Pinus merkusii* asal Aceh disekitar habitat populasi *Pinus merkusii* asal Kerinci, yang sengaja ditanam sebagai upaya reboisasi hutan, Hal ini terbukti pada studi pendahuluan lapangan, pada lokasi populasi *P. merkusii* asal Kerinci telah banyak tersebar populasi *P.merkusii* asal Aceh, bahkan individu antara *P. merkusii* Aceh dengan *P.merkusii* Kerinci tumbuh berdekatan. Sehingga dapat memungkinkan terjadinya aliran gen antar populasi yang membuat berubahnya frekuensi gen asli dari *Pinus merkusii* asal Kerinci, yang secara tidak langsung mempengaruhi tingkat keragaman genetik populasi *Pinus merkusii* asal Kerinci. Adanya percampuran informasi genetik antara populasi

dapat mengakibatkan tergerusnya sumber genetik asli (plasma nutfah) hingga hilangnya *Pinus merkusii* asal Kerinci. Masalah ini diperburuk dengan belum adanya status taksonomi yang jelas atau kajian karakter yang lebih jauh yang membedakan antara dua populasi, khususnya kajian karakter dalam bidang molekuler.

Dalam hal ini dibutuhkan kajian mengenai evaluasi status taksonomi dalam ruang lingkup molekuler sebagai informasi taksonomi dan karakter genetik untuk mengarahkan upaya konservasi tumbuhan dengan benar serta upaya pelestarian sumber plasma nutfah. Sehingga tidak terjadi kesalahan dalam menempatkan status konservasi dalam kategori jenis maupun kategori kelompok dibawahnya pada *Pinus merkusii*. Dalam kajian ini digunakan *Pinus merkusii* asal Aceh yang tersebar di Sumatera barat sebagai pembanding karakter *Pinus merkusii* asal Kerinci. *Pinus merkusii* asal Aceh diketahui sebagai sumber bibit *Pinus merkusii* budidaya yang tersebar di Indonesia (Harahap, 1999; Suseno, 2001; Saputra *et al.*, 2014; Sukarno *et al.*, 2015; Imanuddin *et al.*, 2020).

Dalam mengkaji informasi genetik suatu spesies diperlukan primer genetik yang akurat. Aplikasi teknik molekuler yang telah dilakukan pada spesies *Pinus merkusii*, seperti isozim (Changtragoon & Finkeldey, 1995, Siregar & Hatemmer, 1999), mikrosatelit (Nurtjahjaningsih *et al.*, 2011, Diputra, 2013), RAPD (Gusmiaty *et al.*, 2016, Tuong *et al.*, 2016) , dan DNA sekuen (rbcl, MATK, RPL20-RPS18 Spacer, dan TRNV intron) (Wang *et al.*, 1999). Setiap primer molekuler memiliki kelebihan dan kekurangan tersendiri, sehingga dibutuhkan seleksi primer molekuler yang lebih efisien.

Teknik molekuler yang banyak digunakan dalam memecahkan persoalan taksonomi maupun klasifikasi adalah DNA sekuensing dan Analisis PCR. Dalam pemanfaatannya sebagai identifikasi spesies DNA sekuensing memiliki penilaian yang lebih objektif, sehingga dapat memisahkan secara akurat antara dua spesies yang berbeda (Zachos, 2016), sedangkan untuk teknik analisis berdasarkan PCR lebih menunjukkan variasi karakter molekuler dibawah level spesies (Mondini *et al.*, 2009; Arif *et al.*, 2010), sehingga dapat dijadikan acuan pertimbangan dalam menentukan taksa pada *Pinus merkusii*.

Primer *rbcl* merupakan salah satu DNA kloroplas yang direkomendasikan oleh CBOL (Consortium for the Barcode of Life's) sebagai DNA barcode tumbuhan terutama pada jenis gymnospermae, memenuhi kriteria standar primer yang baik yaitu dalam hal sifat primer universal, kualitas sekuen, dan diskriminasi spesies (CBOL, 2009). Primer *rbcl* terbukti dapat mendiskirminasi taksa *Pinus* pada level spesies dan genus (Wang *et al.*, 1999; Armenise *et al.*, 2012). Selain itu primer *rbcl* berpotensi untuk menunjukkan karakter variasi dalam level intraspesies (Basith, 2015).

Primer molekuler SRAP (Sequence-related amplified polymorphism) merupakan salah satu primer molekuler baru, yang dikembangkan oleh Li dan Quiros (2001). SRAP menggabungkan kelebihan teknik molekuler RAPD (random amplified polymorphic DNA) yaitu mudah dan efisien dalam pengerjaan, dengan AFLP (amplified fragment length polymorphism) yang menghasilkan sekuen yang lebih akurat. Marker AFLP memiliki kekurangan yaitu prosesnya yang panjang (*multistep*) sehingga kurang efisien untuk dijadikan marker,

sedangkan RAPD kekurangannya adalah tingkat akurasi rendah, dimana terkadang sekuen tidak teramplifikasi dengan baik. Sehingga dapat disimpulkan kelebihan dari primer SRAP yaitu teknik pengerjaannya sederhana dan terbukti kuat dalam menunjukkan daerah polimorfik yaitu sekitar 68,7%-90% (Robarts and Wolfe, 2014).

Primer SRAP telah banyak digunakan pada tumbuhan pertanian, dan tumbuhan budidaya lainnya. Beberapa penelitian primer SRAP efektif dalam menentukan pengelompokan populasi suatu spesies atau identifikasi dan mengukur keanekaragaman genetik suatu spesies (Robarts and Wolfe, 2014). Pada penelitian ini digunakan dua teknik molekuler yaitu DNA sekuensing (*rbcL*) dan SRAP (Sequence-related amplified polymorphism) untuk mengevaluasi status *Pinus merkusii* asal Kerinci dan beberapa Populasi asal Aceh yang tersebar di Sumatra Barat.

## **B. Perumusan Masalah**

Berdasarkan latar belakang di atas, dapat dirumuskan masalah sebagai berikut :

1. Bagaimana karakteristik molekuler *Pinus merkusii* pada Populasi Kerinci dan beberapa populasi lainnya di Sumatera Barat dengan menggunakan primer *rbcL*?
2. Bagaimana karakteristik molekuler *Pinus merkusii* pada Populasi Kerinci dan beberapa populasi lainnya di Sumatera Barat dengan menggunakan primer SRAP?
3. Apakah status taksonomi dari *Pinus merkusii* asal Kerinci ?

### C. Tujuan Penelitian

Tujuan penelitian ini adalah sebagai berikut :

1. Untuk menganalisis karakteristik molekuler *Pinus merkusii* pada Populasi Kerinci dan beberapa populasi lainnya di Sumatera Barat dengan menggunakan primer rbcL.
2. Untuk menganalisis karakteristik molekuler *Pinus merkusii* pada Populasi Kerinci dan beberapa populasi lainnya di Sumatera Barat dengan menggunakan primer SRAP.
3. Untuk mengevaluasi status taksonomi *Pinus merkusii* asal Kerinci.

### D. Manfaat Penelitian

Hasil penelitian ini diharapkan dapat dijadikan dasar dalam pengembangan teknik pemuliaan serta dalam menilai status konservasi dalam kategori spesies dan dibawah spesies pada *Pinus merkusii*.

