

## BAB I. PENDAHULUAN

### 1.1 Latar Belakang

Sagu (*Metroxylon sago*) termasuk dalam famili Arecaceae (Palmae) merupakan salah satu komoditi tanaman pangan yang dapat digunakan sebagai sumber karbohidrat yang cukup potensial dalam mendukung program ketahanan pangan (Tarigan, 2001). Selain dimanfaatkan sebagai sumber pangan, sagu memiliki daun yang dapat digunakan sebagai atap rumah dan obat tradisional (Fatah, *et al.*, 2015), dan juga memiliki prospek dijadikan penghasil bahan bakar etanol sebagai pengganti bahan bakar minyak bumi (Tenda *et al.*, 2009).

Menurut Johnson (1997), sagu secara alami didapatkan dari Kepulauan Pasifik Selatan meluas ke arah barat melalui Melanesia, masuk ke Asia Tenggara, sampai ke India. Habitat sagu juga banyak ditemukan di Malaysia, Papua Nugini, Filipina, Thailand, dan Indonesia. Indonesia memiliki kawasan hutan dan budidaya sagu yang sangat luas sehingga menyimpan potensi plasma nutfah serta sumber daya genetik yang sangat besar. Diperkirakan sekitar 1,128 juta ha atau 51,3% dari luas areal sagu dunia terdapat di Indonesia, dengan daerah penyebaran utama adalah Maluku, Papua, dan beberapa daerah lain seperti di Sulawesi, Sumatera, dan Kalimantan. Sebagian besar lahan dalam bentuk hutan sagu dengan luasan berjumlah 1.067.590 ha atau 90,3% dan tanaman sagu yang semi budidaya sekitar 114.000 ha atau 9,7% (Budianto, 2003).

Pulau Sumatera memiliki potensi yang cukup besar dalam pelestarian tanaman sagu. Terdapat banyak persebaran tanaman sagu di Sumatera dengan tingkat

produksi yang tinggi yaitu provinsi Aceh, Riau, Kepulauan Riau dan Sumatera Barat (Direktorat Jenderal Perkebunan, 2021). Populasi sagu di pulau Sumatera tersebar sepanjang daerah bagian barat dari bukit barisan, daerah timur dari bukit barisan dan Kepulauan Mentawai. Diperkirakan persebarannya dipengaruhi oleh adanya isolasi geografis karena pulau Sumatera dipisahkan oleh bukit barisan dari ujung utara hingga ke ujung selatan dan oleh lautan antara Kepulauan Mentawai dengan Pantai Barat Sumatera.

Kepulauan Mentawai terletak kurang lebih 130 km dari pantai barat Sumatera yang diperkirakan terpisah sekitar lima ratus ribu tahun yang lalu dari pulau Sumatera (Verstappen 1975). Berdasarkan Orsini *et al.* (2013), isolasi geografis menyebabkan aliran gen menjadi rendah dan populasi mengalami diferensiasi genetik. Adanya isolasi geografis menyebabkan variasi genetik yang signifikan pada tanaman sagu yang terdapat di pulau Sumatera dengan Kepulauan Mentawai. Variasi genetik antar individu dapat terjadi karena adanya mutasi bahan genetik, migrasi antar populasi (aliran gen), dan perubahan susunan gen melalui reproduksi seksual (Cintamulya, 2013)

Analisis keragaman genetik diperlukan untuk mengungkap diferensiasi genetik serta memberikan informasi dalam upaya pelestarian tanaman sagu. Pelestarian sagu di beberapa wilayah di pulau Sumatera masih kurang diperhatikan sehingga dikhawatirkan dapat mengancam penurunan keanekaragaman plasma nutfah. Menurut Tenda *et al.* (2006), keragaman sagu yang dimiliki saat ini mengalami erosi plasma nutfah dari tahun ke tahun. Kondisi ini sejalan dengan tingkat konversi lahan atau hutan sagu menjadi komoditas lain, dan pembukaan lahan

untuk pembangunan serta tingkat eksploitasi yang berlebihan. Salah satu metode untuk mendeteksi variasi genetik yang akurat yaitu *Random Amplified Polymorphic DNA* (RAPD).

Beberapa penelitian mengenai variasi dan hubungan genetik menggunakan teknik RAPD pada sagu telah dilakukan, diantaranya hubungan genetik tanaman Sagu di beberapa daerah di Papua, Maluku dan Sulawesi berdasarkan penanda RAPD (Abbas, *et al.* 2009) dan variasi genetik keturunan sagu dengan penyerbukan alami di manokwari menggunakan marka RAPD (Abbas, *et al.*, 2017). Penelitian sebelumnya di Sumatera Barat oleh Aktrinisia (2010), menunjukkan adanya keragaman fenotipe antar populasi sagu dengan koefisien kemiripan 0,51 dan dibedakan menjadi lima kelompok utama. Kelompok I dibentuk oleh dua fenotipe tanaman sagu dari Dharmasraya, kelompok ke II terdiri dari tujuh fenotipe dari Dharmasraya, Pasaman Barat, Agam, Pesisir Selatan, Padang, kelompok ke III dibentuk dari 10 fenotipe tanaman sagu dari Padang Pariaman, Padang, Mentawai, Pasaman Timur, Pesisir Selatan, Agam, kelompok IV dibentuk dari tiga fenotipe tanaman sagu yang berasal dari Pasaman Barat, Pesisir Selatan, dan kelompok ke V dibentuk dari satu fenotipe tanaman sagu yang berasal dari Pasaman Timur. Namun, kajian secara molekuler masih pada tahap amplifikasi DNA dan belum dilaporkan variasi genetik baik dalam populasi maupun antar populasi. Oleh karena itu, dilakukan analisis variasi genetik populasi tanaman sagu berdasarkan isolasi geografis.

## 1.2 Perumusan masalah

Di pulau Sumatera terdapat banyak lokasi tanaman sagu yang beberapa populasinya terisolasi secara geografis, diantaranya populasi di Kepulauan Mentawai, daerah bagian barat dari bukit barisan, dan daerah bagian timur dari bukit barisan. Berdasarkan isolasi geografis maka dirumuskan permasalahan sebagai berikut:

1. Bagaimana keragaman genetik intra dan antar populasi sagu di pulau Sumatera dan Kepulauan Mentawai ?
2. Bagaimana diferensiasi genetik populasi sagu di pulau Sumatera dan Kepulauan Mentawai?

## 1.3 Tujuan Penelitian

1. Mengetahui keragaman genetik dalam dan antar populasi sagu di Pulau Sumatera dan Kepulauan Mentawai
2. Mengetahui diferensiasi genetik populasi sagu di pulau Sumatera dan Kepulauan Mentawai

## 1.4 Manfaat Penelitian

Penelitian ini diharapkan dapat menjadi sumber informasi mengenai variasi dan diferensiasi genetik pada Sagu (*Metroxylon sago*) di Pulau Sumatera dan Kepulauan Mentawai serta membantu program konservasi.

