

## BAB I. PENDAHULUAN

### A. Latar Belakang

Jeruk siam (*Citrus nobilis* Lour.) merupakan salah satu komoditas hortikultura unggulan nasional yang memiliki prospek cerah di Indonesia (Dirjen Hortikultura, 2022). Sekitar 70–80% dari total produksi jeruk nasional merupakan jeruk siam, dengan produksi tahun 2023 mencapai 2,83 juta ton, mengalami peningkatan sebesar 10,95% dibandingkan tahun sebelumnya (Dimiyati, 2005; Badan Pusat Statistik, 2023). Keunggulan jeruk siam terletak pada kemampuannya untuk tumbuh di berbagai ketinggian dan beradaptasi dengan beragam kondisi iklim, sehingga dapat dibudidayakan di hampir seluruh wilayah Indonesia (Nurasa *et al.*, 2011).

Secara historis, seluruh jeruk siam yang dibudidayakan di Indonesia berasal dari tiga sumber utama, yaitu Tlekung (Batu, Jawa Timur), Purworejo (Jawa Tengah), dan Tulungagung (Jawa Timur). Meski memiliki asal yang sama, penyebaran jeruk siam ke berbagai daerah telah menghasilkan munculnya beragam kultivar dengan nama dan karakteristik lokal yang berbeda. Terdapat setidaknya 20 kultivar yang tersebar di beberapa pulau, yakni tiga kultivar di Sumatra, delapan kultivar di Jawa, tujuh kultivar di Kalimantan, serta masing-masing satu kultivar di Sulawesi dan Bali (Martasari *et al.*, 2012). Setiap populasi tumbuh dan berkembang di lingkungan geografis yang berbeda, sehingga menunjukkan karakteristik yang khas masing-masing (Nurasa & Hidayat, 2011). Berdasarkan pengamatan

morfologis dan analisis menggunakan penanda RAPD, 20 kultivar tersebut dapat dikelompokkan ke dalam empat kelompok utama (Martasari *et al.*, 2012).

Di Pulau Sumatra, kultivar jeruk siam menunjukkan tingkat keragaman yang cukup tinggi. Jeruk siam Madu dari Sumatra Utara termasuk dalam kelompok Mamuju, sedangkan kultivar Bangkinang tergolong dalam kelompok Banyuwangi (Agisimanto *et al.*, 2007). Beberapa kultivar di wilayah ini, seperti jeruk siam Madu (Sumatra Utara) dan jeruk siam Gunung Omeh (Sumatra Barat), dikategorikan sebagai kultivar unggul karena memiliki cita rasa manis yang khas (Kementerian Pertanian, 2020). Di Sumatra Barat juga terdapat kultivar Pasaman yang dikenal dengan rasa manisnya, dengan luas areal tanam mencapai 273,39 hektar dan luas panen sebesar 240,55 hektar (Badan Pusat Statistik Sumatra Barat, 2022).

Selain itu, penelitian menunjukkan bahwa ketiga kultivar jeruk siam di Sumatra (Madu, Jambi, dan Bangkinang) memiliki variasi morfologi buah yang cukup beragam (Martasari *et al.*, 2012). Jeruk siam Madu yang dibudidayakan di Berastagi menunjukkan keragaman sifat vegetatif, seperti tinggi tanaman dan bentuk tajuk (Tobing *et al.*, 2013), sedangkan kultivar Gunung Omeh di Sumatra Barat memperlihatkan variasi dalam ukuran buah serta daya simpan pascapanen, yang merupakan indikator penting mutu buah (Devy *et al.*, 2017). Dari aspek genetik, jeruk siam Gunung Omeh yang ditanam selama masa intensifikasi pertanian menunjukkan tingkat variasi genetik yang rendah, namun populasi yang ditanam setelah program intensifikasi mengindikasikan peningkatan variasi genetik. Peningkatan ini diduga disebabkan oleh ketidakdisiplinan petani dalam menggunakan bibit bersertifikat dari PIT (Pohon Induk Tunggal), sehingga terjadi

pencampuran materi genetik dari berbagai sumber (Mulyani *et al.*, 2017; Devy *et al.*, 2017).

Analisis variasi genetik jeruk siam di beberapa sentra produksi utama di Sumatra, yaitu Gunung Omeh, Pasaman, Bangkinang, dan Berastagi menggunakan penanda RAPD menunjukkan bahwa variasi genetik intrapopulasi tergolong rendah, sedangkan variasi genetik interpopulasi antar keempat lokasi tersebut tergolong tinggi (Setriani, 2024). Berdasarkan pola kekerabatan genetik, populasi jeruk siam tersebut dapat dikelompokkan ke dalam dua klaster utama, yaitu klaster pertama yang mencakup Gunung Omeh, Pasaman, dan Bangkinang, serta klaster kedua yang terdiri dari populasi Berastagi. Meski demikian, asal usul dan jalur introduksi keempat kultivar tersebut masih belum diketahui secara pasti, padahal informasi tersebut penting untuk mendukung proses seleksi dan penyediaan bibit unggul secara berkelanjutan.

Penelitian sebelumnya menggunakan penanda RAPD yang hanya mendeteksi pola fragmen DNA berdasarkan ukuran tanpa memberikan data sekuens spesifik, sehingga kurang informatif untuk analisis filogenetik mendalam. Untuk mengungkap asal usul dan pola divergensi genetik secara lebih akurat, diperlukan pendekatan molekuler berbasis sekuensing, seperti penggunaan penanda *Internal Transcribed Spacer* (ITS). ITS merupakan urutan DNA non-koding yang terdapat di wilayah DNA ribosom dan bersifat berulang, serta telah terbukti efektif dalam studi taksonomi dan filogenetik berbagai spesies jeruk (Huda *et al.*, 2019; Badotti *et al.*, 2017). Penanda ITS telah digunakan untuk mengidentifikasi hubungan kekerabatan antar kultivar jeruk, contohnya pada *Citrus ichangensis* (Kim *et al.*,

2021), menelusuri asal usul jeruk budidaya dari spesies liar (Li *et al.*, 2010), serta menunjukkan bahwa jeruk mandarin, pamelu, limau, dan papada merupakan hasil hibridisasi antar spesies berkerabat dekat (Yamaji *et al.*, 2013). Selain itu, ITS telah diaplikasikan dalam identifikasi taksonomi dan filogenetik berbagai spesies dalam genus Citrus, antara lain *C. kinokuni*, *C. unshiu*, *C. medica*, *C. sinensis*, *C. grandis*, *C. limon*, dan *C. tachibana* (Sun *et al.*, 2015; Amar *et al.*, 2014).

Berdasarkan keberhasilan penggunaan penanda ITS dalam studi-studi sebelumnya, penelitian lanjutan akan dilakukan untuk mengidentifikasi tingkat variasi nukleotida dan pola divergensi genetik jeruk siam dari berbagai sentra produksi di Sumatra. Pendekatan ini diharapkan dapat memberikan gambaran yang lebih komprehensif mengenai struktur genetik, asal usul, serta potensi pemuliaan kultivar jeruk siam unggul di Indonesia.

## **B. Rumusan Masalah**

Berdasarkan uraian diatas, rumusan masalah dalam penelitian ini adalah sebagai berikut:

1. Bagaimana karakteristik sekuen 40 sampel *C. nobilis* di beberapa sentra produksi Sumatra dengan menggunakan penanda ITS?
2. Bagaimana keragaman haplotipe dan *haplotype network* 40 sampel *C. nobilis* di beberapa sentra produksi Sumatra berdasarkan penanda ITS?
3. Bagaimana pola kekerabatan filogenetik serta nilai divergensi genetik 40 sampel *C. nobilis* dari beberapa sentra produksi Sumatra berdasarkan penanda ITS?

### C. Tujuan Penelitian

Adapun tujuan dari penelitian ini diantaranya:

1. Mengetahui karakteristik sekuen 40 sampel *C. nobilis* di beberapa sentra produksi Sumatra dengan menggunakan penanda ITS.
2. Menganalisis keragaman haplotipe dan *haplotype network* 40 sampel *C. nobilis* di beberapa sentra produksi Sumatra berdasarkan penanda ITS.
3. Menganalisis pola kekerabatan filogenetik serta nilai divergensi genetik 40 sampel *C. nobilis* di beberapa sentra produksi Sumatra dengan menggunakan penanda ITS.

### D. Manfaat Penelitian

Manfaat yang diharapkan dari penelitian ini adalah dapat menambah informasi genetik mengenai data sekuens DNA jeruk siam berdasarkan penanda ITS di beberapa sentra produksi Sumatra, serta menjadi sumber data genetik plasma nutfah yang berpotensi untuk dikembangkan di masa mendatang.

