

1. PENDAHULUAN

1.1 Latar Belakang

Etlingera merupakan salah satu genus terbesar dalam famili Zingiberaceae yang memiliki sebaran geografis luas, mulai dari Sikkim di India hingga Tahiti di Samudra Pasifik, serta dari wilayah Tiongkok di bagian utara hingga Australia di bagian selatan (Poulsen, 2012). Secara ekologis, genus *Etlingera* mampu tumbuh pada berbagai tipe habitat, mulai dari hutan sekunder hingga hutan primer, serta pada rentang ketinggian yang cukup luas, yaitu antara 0–2.700 mdpl (Yeats, 2013). Genus *Etlingera* memiliki nilai ekonomi penting karena dimanfaatkan dalam berbagai sektor industri, terutama farmasi, aromaterapi, dan kosmetik (Yunus *et al.*, 2021, Koch *et al.*, 2024). Pemanfaatan tersebut mendorong meningkatnya permintaan terhadap beberapa spesies *Etlingera*, baik di pasar lokal maupun internasional, sehingga menjadikannya penting untuk terus dikembangkan dan dikaji lebih lanjut (Shafie *et al.*, 2017).

Etlingera loerzingii (Valeton) R.M.Sm. merupakan salah satu spesies dari genus *Etlingera* yang endemik di wilayah Sumatera, Indonesia. *E. loerzingii* salah satunya ditemukan di sepanjang lereng Bukit Barisan pada ketinggian 60–1400 MDPL (Poulsen *et al.*, 2009). Perkembangbiakan *Etlingera* umumnya dapat dilakukan melalui dua cara utama, yaitu secara vegetatif melalui rimpang dan secara generatif melalui bunga dan biji dengan masa perkecambahan antara 15 hari hingga 4 bulan (Yeats, 2013).

Berdasarkan IUCN *Red List*, *E. loerzingii* saat ini dikategorikan sebagai Rentan (*vulnerable*), yang menunjukkan bahwa spesies ini menghadapi risiko kepunahan tinggi di alam (Olander, 2020). Status tersebut berkaitan dengan luas persebaran yang diperkirakan kurang dari 20.000 km², serta adanya penurunan luas dan kualitas habitat hutan dataran rendah di Sumatera (Poulsen *et al.*, 2009). Spesies dengan ukuran populasi yang kecil umumnya memiliki variasi genetik yang rendah, yang dapat menurunkan kemampuan adaptasi terhadap perubahan lingkungan, dan pada akhirnya memperbesar risiko kepunahan (Furches *et al.*, 2013; Kusuma *et al.*, 2016).

Kondisi ini menegaskan bahwa upaya konservasi harus memprioritaskan pelestarian dan peningkatan variasi genetik untuk menjaga keberlanjutan spesies di masa depan.

Dalam konteks konservasi, informasi mengenai struktur dan variasi genetik suatu populasi sangat diperlukan dalam perencanaan strategi konservasi, baik *in-situ* maupun *ex-situ*. Analisis genetik juga dapat membantu mengidentifikasi tingkat kemurnian genetik serta hubungan kekerabatan antarindividu atau populasi dalam satu spesies (Frankham *et al.*, 2010). Oleh karena itu, pendekatan molekuler menjadi salah satu metode yang efektif untuk mengevaluasi variasi genetik suatu spesies, karena tidak dipengaruhi oleh faktor lingkungan dan mampu mendeteksi variasi pada tingkat DNA (Mondini & Pagnotta, 2015).

Salah satu penanda molekuler yang sering digunakan adalah *Inter Simple Sequence Repeat* (ISSR). Penanda ini menargetkan fragmen DNA di antara dua mikrosatelit identik dalam genom nuklear tanpa memerlukan informasi sekuens yang mendalam. ISSR dikenal sebagai penanda dominan dengan tingkat polimorfisme tinggi, efisien, dan memiliki reproduksibilitas yang baik (Reddy *et al.*, 2002). Selain itu, ISSR mampu mengungkap variasi genetik dengan tingkat heterogenitas berkisar antara 0,10 hingga 0,51, sehingga sering digunakan dalam studi populasi berbagai tanaman tropis (Ali *et al.*, 2011). Penerapan penanda ISSR telah berhasil dilakukan pada spesies lain dalam famili Zingiberaceae, seperti *Etlingera elatior* (Ismail *et al.*, 2019), *Curcuma aromatica* (Parida & Nayak, 2021), *Zingiber officinale* (Antala *et al.*, 2019) dan *Curcuma longa* (Prashanth *et al.*, 2015).

Berdasarkan keberhasilan penanda ISSR dalam menganalisis variasi genetik pada beberapa spesies famili Zingiberaceae maka penanda ini akan digunakan untuk menganalisis variasi genetik pada spesies *E. loerzingii*. Kajian ini diharapkan dapat memberikan informasi dasar mengenai tingkat polimorfisme, struktur genetik, dan hubungan kekerabatan antarpopulasi, serta menjadi landasan ilmiah bagi penyusunan strategi konservasi dan pengelolaan sumber daya genetik secara berkelanjutan terhadap spesies endemik Sumatera ini.

1.2 Rumusan Masalah

Memperhatikan spesies ini yang termasuk flora endemik Sumatera dengan status konservasi *vulnerable* dan adanya ancaman akibat kerusakan habitat maka masalah penelitian ini dibatasi sebagai berikut:

1. Bagaimana variasi genetik intrapopulasi dan interpopulasi *E. loerzingii* di Sumatera Barat?
2. Bagaimana struktur populasi *E. loerzingii* di Sumatera Barat?

1.3 Tujuan Penelitian

1. Mengetahui variasi genetik intrapopulasi dan interpopulasi *E. loerzingii* di Sumatera Barat
2. Mengetahui struktur populasi *E. loerzingii* di Sumatera Barat

1.4 Manfaat Penelitian

Manfaat yang di harapkan dari hasil penelitian ini adalah tersedianya informasi mengenai tingkat variasi genetik *E. loerzingii* sebagai spesies endemik Sumatera. Data variasi genetik ini dapat digunakan dalam program konservasi spesies tersebut, baik secara *ex-situ* maupun *in-situ*.

