

BAB I PENDAHULUAN

1.1 Latar Belakang

Tanaman aren sangat berpotensi sebagai komoditas perkebunan dengan prospek pengembangan yang masih sangat luas. Menurut Ruslan *et al.* (2018), aren merupakan tanaman potensial karena hampir semua bagian pohonnya dapat dimanfaatkan untuk berbagai kebutuhan, mulai dari akar, batang, daun, ijuk, hingga hasil produksinya seperti nira, pati atau tepung, dan buah. Produk utama tanaman aren adalah nira, diikuti oleh kolang-kaling dan ijuk sebagai produk sampingan. Nira tersebut merupakan hasil metabolisme tanaman yang keluar melalui penyadapan pada tangkai bunga jantan (mayang) (Harahap *et al.*, 2019).

Potensi aren sebagai tanaman perkebunan unggulan dapat dimaksimalkan dengan upaya pengembangan melalui pemuliaan tanaman menjadi sangat penting. Hal ini memerlukan pemahaman mendalam tentang kekerabatan genetik aren di Indonesia yang menunjukkan pola beragam, dan penyebaran geografisnya di berbagai wilayah nusantara. Kekerabatan genetik penting diketahui dalam kegiatan pemuliaan tanaman, karena menjadi dasar bagi pemulia dalam merancang, memilih, dan menggabungkan sifat-sifat unggul berbagai tetua (Rinawati *et al.*, 2021). Keragaman genetik yang luas sangat diharapkan dalam mengidentifikasi sumber plasma nutfah terbaik, dengan tujuan menentukan kekerabatan tanaman menggunakan karakter pada sifat agronomi, morfologi, biokimia, dan marka molekuler seperti SSR (*Simple Sequenc Repeat*).

Penelitian Rinawati *et al.* (2021) dengan marka SSR pada 144 aksesori aren dari sembilan daerah di Indonesia, ditemukan bahwa keragaman genetik dalam populasi mencapai 79%, sedangkan antar populasi 21%. Hal ini menandakan adanya keragaman yang tinggi di dalam populasi sedangkan keragaman antar populasi rendah yang hanya mencapai angka 21%.

Tanaman aren secara umum terbagi menjadi tiga jenis, yaitu aren genjah, aren sedang, dan aren dalam. Penggolongan ini sejalan dengan penelitian Sebayang (2016) yang mengklasifikasikan jenis aren berdasarkan umur mulai menghasilkan. Aren

genjah mulai menghasilkan pada umur 4 hingga 6 tahun, aren sedang mulai menghasilkan pada umur 7 hingga 9 tahun, sedangkan aren dalam baru mulai menghasilkan setelah berumur lebih dari 10 tahun. Tingginya keragaman genetik dalam populasi aren erat kaitannya dengan sistem reproduksi *open pollinated* yang dimilikinya. Sistem ini memungkinkan terjadinya penyerbukan silang antar individu dalam populasi yang sama maupun berbeda, sehingga menghasilkan keturunan dengan kombinasi alel yang beragam dan menimbulkan variasi genetik yang luas (Rinawati *et al.*, 2021). Lamanya masa produksi aren dan ketiadaan metode deteksi cepat untuk menentukan jenis tanaman secara tepat menjadi perhatian utama dalam pengembangan potensinya, sehingga diperlukan upaya deteksi dini untuk mengelompokkan tanaman berdasarkan kualitas dan potensi produksinya. Salah satu pendekatan deteksi dini adalah menggunakan karakteristik posisi operkulum aren, yang dapat mengelompokkan varietas seperti genjah Medan, semi-dalam Smulen ST-1, dan dalam Tomohon. Deteksi dini ini penting sebagai pedoman pengelolaan agar kelompok aren unggul dapat diidentifikasi dan dikembangkan secara optimal (Mariati, 2013).

Operkulum merupakan struktur khusus pada tanaman palma seperti aren yang berfungsi melindungi organ reproduktif sebelum mencapai tahap antesis (Uhl dan Dransfield, 1987). Senada dengan Suhendra *et al.* (2024), perkecambahan biji aren ditandai munculnya tabung panjang (apokol) sebagai pergerakan embrio yang menembus operkulum pada permukaan testa benih. Posisi operkulum berkaitan erat dengan sifat fisiologis dan vigor perkecambahan, sehingga variasinya memberikan nilai tambah untuk seleksi varietas unggul (Rofik dan Murniati, 2017). Untuk mendukung keakuratan identifikasi varietas aren, dilakukan pendekatan secara molekuler salah satunya dengan penggunaan marka molekuler dengan SSR.

Simple Sequence Repeat atau disebut juga dengan mikrosatelit merupakan penanda atau marka molekuler yang sering digunakan untuk studi keragaman genetik. Penanda ini memiliki kelebihan bersifat kodominan, keberadaannya melimpah pada genom tanaman, dikembangkan berbasis teknik PCR, tingkat *reproducibilitas* tinggi, polimorfisme tinggi, serta mudah untuk dilakukan skoring sehingga dapat mendeteksi variasi alel yang tinggi. Oleh karena itu, penanda SSR dapat digunakan untuk

mendeteksi tanaman yang berkerabat dekat (Santoso *et al.*, 2006).

Posisi morfologis pada benih aren, yaitu operkulum, telah terbukti berkorelasi dengan keragaman genetik yang dapat dideteksi melalui marka molekuler. Penelitian Anwar *et al.* (2024) menyatakan bahwa keragaman pada kecambah aren berdasarkan posisi apokol, terdapat keragaman genetik di antara kecambah aren tersebut, dengan jarak genetik antara apokol yang diamati dengan primer SSR berkisar 0.28-0.72. Menurut Botstein *et al.* (1980), tingkat informativitas primer dikategorikan tinggi ($PIC > 0.5$), sedang ($0.25 \leq PIC \leq 0.5$), dan rendah ($PIC < 0.25$). Terdapat dua primer dengan informativitas tinggi pada penelitian ini, yaitu AD647 dan AD707, dengan nilai PIC masing-masing 0,547 dan 0,551. Empat primer lainnya memiliki informativitas sedang, yaitu AD87, AD299, AD 499, dan AD139, dengan nilai PIC masing-masing sebesar 0,304, 0,413, 0,373, dan 0,322. Primer AD623, AD655, dan AD671 memiliki tingkat keinformatifan yang rendah dengan nilai PIC sebesar 0,207, 0,020, dan 0,007 (Rinawati *et al.*, 2021).

Penanda molekuler hanya melihat keragaman genetik aren, perlu adanya penggunaan beberapa penanda lain yang dapat menjelaskan tentang variasi dan adaptasi varietas aren terhadap lingkungan. Karakter anatomi daun seperti ketebalan epidermis, ketebalan kutikula, ketebalan mesofil (terdiri dari jaringan tiang dan bunga karang), merupakan parameter fenotipik penting yang merefleksikan mekanisme adaptasi morfologi dan fisiologi tanaman terhadap lingkungan (Anwar *et al.*, 2024). Penggabungan data SSR dan karakter anatomi daun akan memberikan gambaran yang lebih lengkap mengenai keragaman genetik dan fenotipik varietas aren. Studi menunjukkan bahwa meskipun ada korelasi antara klaster genetik dan variasi anatomi daun, hubungan ini tidak selalu linier karena faktor lingkungan juga mempengaruhi ekspresi fenotipik (Zulfiana *et al.*, 2021). Untuk mengetahui dan mempelajari karakter genetik posisi operkulum aren dan penanda karakter anatomi terhadap varietas unggul aren, maka penulis telah melakukan penelitian yang berjudul “Analisis Kekerabatan Genetik Aren Berdasarkan Posisi Operkulum Dengan Menggunakan Penanda *Simple Sequence Repeat* (SSR)”.

1.2 Rumusan Masalah

1. Bagaimana hubungan kekerabatan genetik aren berdasarkan posisi operkulum dengan menggunakan marka *Simple Sequence Repeat* (SSR)?
2. Bagaimana variasi anatomi daun mencerminkan keragaman genetik yang terdeteksi menggunakan marka *Simple Sequence Repeat* (SSR)?

1.3 Tujuan

1. Menganalisis kekerabatan genetik aren berdasarkan posisi operkulum dengan menggunakan marka *Simple Sequence Repeat* (SSR).
2. Mempelajari hubungan antara posisi operkulum dengan anatomi pada tanaman aren.

1.4 Manfaat

Manfaat penelitian ini adalah sebagai sumber informasi kekerabatan genetik varietas aren berdasarkan posisi operkulum dengan menggunakan penanda *simple sequence repeat* (SSR) dan anatomi daun aren membantu pemulia tanaman dalam kegiatan pemuliaan tanaman aren antara lain dalam seleksi dan pemilihan tanaman induk, serta untuk keperluan konservasi tanaman aren.

