

ANALISIS KERAGAMAN MORFOLOGI DAN GENETIK NIBUNG (*Oncosperma tigillarium* (Jack) Rild.) SERTA PEMODELAN HABITAT POTENSIALNYA DI PESISIR PROVINSI RIAU

**DETI NOVELA
G3503231001**



**PROGRAM STUDI BIOLOGI TUMBUHAN
FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM
INSTITUT PERTANIAN BOGOR
BOGOR
2025**



@Hak cipta milik IPB University

Hak Cipta Dilindungi Undang-undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.

PERNYATAAN MENGENAI TESIS DAN SUMBER INFORMASI SERTA PELIMPAHAN HAK CIPTA

Dengan ini saya menyatakan bahwa tesis dengan judul “Analisis Keragaman Morfologi dan Genetik Nibung (*Oncosperma tigillarium* (Jack) Ridl.) serta Pemodelan Habitat Potensialnya di Pesisir Provinsi Riau” adalah karya saya dengan arahan dari dosen pembimbing dan belum diajukan dalam bentuk apa pun kepada perguruan tinggi mana pun. Sumber informasi yang berasal atau dikutip dari karya yang diterbitkan maupun tidak diterbitkan dari penulis lain telah disebutkan dalam teks dan dicantumkan dalam Daftar Pustaka di bagian akhir tesis ini.

Dengan ini saya melimpahkan hak cipta dari karya tulis saya kepada Institut Pertanian Bogor.

Bogor, Agustus 2025

Deti Novela
G3503231001

- Hak Cipta Dilindungi Undang-undang
1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan sumber :
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
 2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.



@Hak cipta milik IPB University

Hak Cipta Dilindungi Undang-undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.

RINGKASAN

DETI NOVELA. Analisis Keragaman Morfologi dan Genetik Nibung (*Oncosperma tigillarium* (Jack) Ridl.) serta Pemodelan Habitat Potensialnya di Pesisir Provinsi Riau. Dibimbing oleh TATIK CHIKMAWATI, NINA RATNA DJUITA dan FITMAWATI.

Nibung (*Oncosperma tigillarium* (Jack) Ridl.) merupakan salah satu jenis palma yang banyak ditemukan di wilayah pesisir, khususnya di Provinsi Riau. Spesies ini memiliki peran penting dalam kehidupan sosial, budaya, dan ekonomi masyarakat pesisir Riau. Saat ini populasi semakin menurun di habitat aslinya akibat eksploitasi langsung dari alam. Selain itu, degradasi ekosistem dan alih fungsi lahan menjadi faktor utama yang mengancam kelangsungan hidup populasi nibung di Provinsi Riau. Kondisi ini menjadikan kegiatan pengumpulan plasma nutfah nibung sebagai hal yang mendesak supaya dapat ditentukan strategi konservasinya. Kajian mengenai variasi genetik nibung dilakukan melalui pendekatan morfologi dan molekuler. Untuk mendukung upaya pelestarian nibung, analisis MaxEnt terhadap faktor lingkungan digunakan untuk menghasilkan peta prediksi sebaran nibung. Tujuan utama penelitian ini adalah untuk menganalisis keanekaragaman nibung berdasarkan penanda morfologi dan ISSR (*inter-simple sequence repeats*), menyusun peta distribusi aktual, serta memprediksi habitat yang sesuai untuk nibung di wilayah pesisir Provinsi Riau.

Kegiatan eksplorasi dan inventarisasi dilakukan di tiga kabupaten pesisir, yaitu Kabupaten Bengkalis, Kabupaten Kepulauan Meranti, dan Kabupaten Siak. Sebanyak 72 aksesori nibung berhasil dikoleksi dan teridentifikasi 29 karakter pembeda antaraksesi. Proses amplifikasi dilakukan menggunakan enam primer ISSR. Data morfologi dan molekuler disusun dalam bentuk matriks untuk dianalisis menggunakan analisis komponen utama (*Principal Component Analysis/PCA*) dan pembuatan dendrogram dengan metode *Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Average* (UPGMA) melalui perangkat lunak NTSys versi 2.20. Seluruh sampel daun nibung diekstraksi menggunakan *Geneaid Genomic DNA Mini Kit (Plant)*. Analisis struktur populasi dilakukan dengan GenAlex versi 6.501. Data koordinat titik persebaran nibung dikumpulkan menggunakan GPS, lalu dianalisis bersama 19 variabel bioklimatik dari database WorldClim menggunakan perangkat lunak MaxEnt, dan divisualisasikan dalam bentuk peta menggunakan QGIS versi 3.43.3.

Dendrogram berbasis karakter morfologi menunjukkan pembagian tiga kelompok aksesori dengan tingkat kemiripan antara 44–100%. Karakter pembeda utama di antaranya adalah lingkaran batang, panjang dan lebar pelepah, tangkai daun, anak daun, seludang bunga luar dan dalam, panjang rakila, serta jumlah rakila. Ciri kualitatif terbatas pada perbedaan warna batang, warna bekas pelepah daun, dan bentuk duri. Kelompok I memiliki karakter kuantitatif sedang dan dikenal masyarakat sebagai “nibung padi”, kelompok II dengan ukuran kecil dikenal sebagai “nibung udang”, dan kelompok III yang memiliki ukuran paling besar dikenal sebagai “nibung gajah”.



1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.

Analisis menggunakan 53 pita hasil amplifikasi ISSR juga menghasilkan tiga kelompok utama dengan koefisien kemiripan 60–100%, yang cenderung mencerminkan lokasi geografis asal akses. Kelompok I terdiri atas akses asal Kabupaten Bengkalis dan Kepulauan Meranti, kelompok II berasal dari populasi Kabupaten Bengkalis, dan kelompok III terdiri atas tiga akses asal Kabupaten Siak. Analisis variasi molekuler (AMOVA) menunjukkan bahwa keragaman genetik dalam populasi (69%) lebih tinggi dibandingkan antar populasi (31%). Indeks Informasi Shannon (0,19) dan indeks keragaman genetik Nei (0,13) menunjukkan bahwa tingkat keragaman genetik nibung di wilayah pesisir Provinsi Riau tergolong rendah. Walaupun demikian, data ini sangat penting sebagai dasar perencanaan konservasi dan pengelolaan sumber daya genetik nibung secara berkelanjutan.

Pemodelan habitat dengan MaxEnt menunjukkan bahwa wilayah dengan potensi sebaran tinggi berada di Kabupaten Bengkalis. Model prediksi tersebut menunjukkan nilai AUC sebesar 0,993, yang menandakan performa model sangat baik. Dua faktor lingkungan utama yang mempengaruhi keberadaan nibung di kawasan pesisir adalah radiasi matahari dan curah hujan. Lokasi optimal untuk pertumbuhan nibung berada pada area dengan intensitas radiasi matahari sebesar 18.000–19.000 kJ/m²/hari di bulan Maret, 15.300–16.000 kJ/m²/hari di bulan September, serta 13.600–14.200 kJ/m²/hari di bulan Desember. Curah hujan optimal berkisar antara 80–140 mm. Wilayah dengan kondisi lingkungan tersebut sangat sesuai dijadikan sebagai lokasi konservasi dan budidaya nibung secara berkelanjutan.

Kata kunci: GenAlex, ISSR, konservasi, MaxEnt, UPGMA

SUMMARY

DETI NOVELA. Analysis of Morphological and Genetic Diversity of Nibung (*Oncosperma tigillarium* (Jack) Ridl.) and Modeling of Its Potential Habitat on the Coast of Riau Province. Supervised by TATIK CHIKMAWATI, NINA RATNA DJUITA and FITMAWATI.

Nibung (*Oncosperma tigillarium* (Jack) Ridl.) is a palm species commonly found in coastal areas, particularly in Riau Province. This species plays a crucial role in the social, cultural, and economic lives of the coastal communities in the region. Currently, its population is declining in its natural habitat due to direct exploitation of the environment. Additionally, ecosystem degradation and land use conversion are the primary factors threatening the survival of nibung populations in Riau Province. This condition makes the collection of nibung germplasm an urgent priority in determine appropriate conservation strategies. The study of its genetic variation was carried out using both morphological and molecular approaches. Such information is essential for conservation, breeding programs, and cultivation development activities. To support nibung conservation efforts, MaxEnt analysis of environmental factors was used to generate a predictive map of nibung distribution. The main objectives of this study were to profile nibung diversity based on morphological markers and Inter Simple Sequence Repeats (ISSR), compile an actual distribution map, and predict suitable habitats for nibung in the coastal areas of Riau Province.

Exploration and inventory activities were conducted in three coastal districts, namely Bengkalis District, Meranti Islands District, and Siak District. A total of 72 nibung accessions were successfully collected and 29 distinguishing characters between accessions were identified. Amplification was performed using six ISSR primers. Morphological and molecular data were compiled into matrices for analysis using Principal Component Analysis (PCA) and dendrogram construction with the Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Average (UPGMA) through NTSys software version 2.20. All nibung leaf samples were extracted using the Geneaid Genomic DNA Mini Kit (Plant). Population structure analysis was performed using GenAlex version 6.501. The coordinate data of nibung distribution points were collected using GPS, then analyzed along with 19 bioclimatic variables from the WorldClim database using MaxEnt software and visualized as maps using QGIS version 3.43.3.

The dendrogram based on morphological characteristics showed three groups of accessions with similarity levels between 44–100%. The main distinguishing characteristics included stem circumference, leaf sheath length and width, leaf stalk, leaflets, outer and inner flower bracts, rachilla length, and number of rachilla. Qualitative characteristics were limited to variations in stem color, leaf sheath color, and spine shape. Group I which exhibits moderate quantitative characteristics is locally

referred to as “nibung padi”. Group II, characterized by a smaller size, is known as “nibung udang”. Group III, the largest, is known as “nibung gajah”.

Analysis using 53 ISSR amplification bands also yielded three main groups with similarity coefficients ranging from 60 to 100%, which tend to reflect the geographical origin of the accessions. Group I consists of accessions from Bengkalis District and Meranti Islands, Group II originates from the population of Bengkalis District, and Group III comprises three accessions from Siak District. Molecular variation analysis (AMOVA) showed that genetic diversity within populations (69%) was higher than between populations (31%). The Shannon Information Index (0.19) and Nei's genetic diversity index (0.13) indicated that the level of genetic diversity of nibung in the coastal areas of Riau Province was relatively low. Nevertheless, this data is very important as a basis for conservation planning and sustainable management of the nibung genetic resources.

Habitat modeling with MaxEnt revealed that areas with high distribution potential are in Bengkalis District. The prediction model yielded an AUC value of 0.993, indicating excellent model performance. The two main environmental factors influencing the presence of nibung in coastal areas are solar radiation and rainfall. The optimal location for nibung growth is in areas with solar radiation intensity of 18,000–19,000 kJ/m²/day in March, 15,300–16,000 kJ/m²/day in September, and 13,600–14,200 kJ/m²/day in December. The optimal rainfall ranges from 80–140 mm. Areas with such environmental conditions are highly suitable for sustainable nibung conservation and cultivation.

Keywords: conservation, GenAlex, ISSR, MaxEnt, UPGMA



Hak Cipta Dilindungi Undang-undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.

© Hak Cipta milik IPB, tahun 2025
Hak Cipta dilindungi Undang-Undang

Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan atau menyebutkan sumbernya. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik, atau tinjauan suatu masalah, dan pengutipan tersebut tidak merugikan kepentingan IPB.

Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apa pun tanpa izin IPB.



ANALISIS KERAGAMAN MORFOLOGI DAN GENETIK NIBUNG (*Oncosperma tigillarium* (Jack) Rild.) SERTA PEMODELAN HABITAT POTENSIALNYA DI PESISIR PROVINSI RIAU

DETI NOVELA

Tesis
sebagai salah satu syarat untuk memperoleh gelar
Magister Sains pada
Program Studi Biologi Tumbuhan

**PROGRAM STUDI BIOLOGI TUMBUHAN
FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM
INSTITUT PERTANIAN BOGOR
BOGOR
2025**



@Hak cipta milik IPB University

- Hak Cipta Dilindungi Undang-undang
1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
 2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.

Judul Tesis : Analisis Keragaman Morfologi dan Genetik Nibung (*Oncosperma tigillarium* (Jack) Ridl.) serta Pemodelan Habitat Potensialnya di Pesisir Provinsi Riau

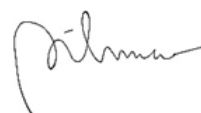
Nama : Deti Novela

NIM : G3503231001

Disetujui oleh

Pembimbing 1:
Prof. Dr. Ir. Tatik Chikmawati, M.Si.

Pembimbing 2:
Dr. Nina Ratna Djuita, S.Si, M.Si.



Pembimbing 3:
Prof. Dr. Fitmawati, S.Si, M.Si.

Diketahui oleh

Ketua Program Studi
Dr. Ir. Aris Tjahjoleksono, DEA.
NIP 196111201987031005

Dekan Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam
Dr. Berry Juliandi, S.Si., M.Si.
NIP 197807232007011001

Tanggal Ujian: 11 Agustus 2025

Tanggal Lulus:



@Hak cipta milik IPB University

Hak Cipta Dilindungi Undang-undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.

PRAKATA

Puji syukur penulis panjatkan kepada Allah *subhanaahu wa ta'ala* atas segala karunia-Nya sehingga tesis ini dapat diselesaikan. Tema yang dipilih dalam penelitian ini ialah keanekaragaman nibung, dengan judul “Analisis Keragaman Morfologi dan Genetik Nibung (*Oncosperma tigillarium* (Jack) Ridl.) serta Pemodelan Habitat Potensialnya di Pesisir Provinsi Riau”.

Penulis mengucapkan terima kasih kepada tim komisi pembimbing, yaitu Prof. Dr. Ir. Tatik Chikmawati, M.Si., Dr. Nina Ratna Djuita, S.Si., M.Si. dan Prof. Dr. Fitmawati, S.Si., M.Si. yang telah bersedia membimbing, memberi saran, arahan dan dukungan selama proses penyusunan tesis ini. Penulis juga mengucapkan terima kasih untuk seluruh dosen di Departemen Biologi atas ilmu pengetahuan yang diberikan.

Penghargaan penulis sampaikan kepada Lembaga Pengelola Dana Pendidikan (LPDP) Kementerian Keuangan Indonesia yang selama ini memberikan bantuan finansial sehingga penulis dapat menempuh pendidikan magister di Institut Pertanian Bogor. Ucapan terima kasih penulis sampaikan kepada seluruh rekan seperjuangan: Artina Atri Norantin, Nurul Hafizah, dan Fathania Amalia serta teman BOT 2023 atas kebersamaan, semangat, dan dukungan yang telah terjalin sepanjang masa studi. Semoga silaturahmi dan ikatan ini tetap terjaga di masa mendatang.

Dengan sepenuh hati, penulis menyampaikan terima kasih yang mendalam kepada Bapak Kamsari, Ibu Siti Katijah, Abang Koryando, Kakak Siti Nurhidayah, serta Keponakan tercinta Ixora Yordan, juga seluruh keluarga di rumah yang tak pernah lelah mengirimkan doa dan semangat dari kejauhan. Kehadiran dan dukungan kalian yang terus menguatkan langkah penulis hingga akhirnya dapat menyelesaikan studi ini. Ucapan terima kasih yang tulus juga penulis sampaikan kepada Cahyo, yang dengan kesabaran dan ketulusan hati telah setia mendampingi dalam setiap proses dan tantangan selama perjalanan ini. Untuk Adik Vidya Asyura, terima kasih atas bantuan dan kebersamaan di lapangan dan Kakak Erwina Juliantari, terima kasih atas segala bantuan yang sangat berarti dalam menyelesaikan penelitian ini. Tak lupa, penulis juga menyampaikan apresiasi setinggi-tingginya kepada semua pihak yang telah memberikan dukungan dalam penyusunan tesis ini. Semoga karya sederhana ini dapat memberikan dan turut berkontribusi dalam perkembangan ilmu pengetahuan di bidang ini.

Bogor, Agustus 2025

Deti Novela



@Hak cipta milik IPB University

Hak Cipta Dilindungi Undang-undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.

DAFTAR ISI

DAFTAR TABEL	xi
DAFTAR GAMBAR	xii
I PENDAHULUAN	1
1.1 Latar Belakang	1
1.2 Rumusan Masalah	2
1.3 Tujuan Penelitian	3
1.4 Manfaat Penelitian	3
II TINJAUAN PUSTAKA	4
2.1 Morfologi, Distribusi dan Manfaat Nibung	4
2.2 Penanda Morfologi	6
2.3 Penanda Molekuler <i>Inter Simple Sequence Repeat</i> (ISSR)	7
2.4 <i>Maximum Entropy</i> (MaxEnt)	9
III METODE PENELITIAN	10
3.1 Waktu dan Tempat Penelitian	10
3.2 Pengambilan Nibung di Lapangan	10
3.3 Alat dan Bahan Penelitian	10
3.4 Pengambilan Sampel Data Morfologi	11
3.5 Analisis Molekuler	12
3.6 Analisis Data Morfologi dan Molekuler	12
3.7 Peta Distribusi	13
3.8 Analisis <i>Maximum Entropy</i>	13
IV HASIL DAN PEMBAHASAN	15
4.1 Morfologi Nibung di Pesisir Provinsi Riau	15
4.1.1 Akar	15
4.1.2 Batang	16
4.1.3 Duri	17
4.1.4 Daun	19
4.1.5 Perbungaan dan Bunga Nibung	20
4.1.6 Buah dan Biji	22
4.2 Analisis Komponen Utama Nibung	23
4.3 Analisis Fenetik Nibung di Pesisir Provinsi Riau	25
4.4 Ciri Morfologi Kelompok Aksesori Nibung di Pesisir Provinsi Riau	28
4.4.1 Kunci Identifikasi Kelompok Aksesori Nibung	28
4.4.2 Deskripsi Kelompok Aksesori Nibung	28
4.5 Pemanfaatan Nibung di Pesisir Provinsi Riau	31
4.6 Keanekaragaman Molekuler Nibung	32
4.6.1 Efektivitas Primer ISSR Menilai Keragaman Genetik Nibung	32
4.6.2 Analisis Gugus Nibung di Pesisir Provinsi Riau	34
4.6.3 Keanekaragaman Genetik dan Struktur Populasi Nibung	37
4.6.4 Analisis AMOVA dan Jarak Genetik	39
4.7 Model Kesesuaian Habitat Nibung di Pesisir Provinsi Riau	41
4.7.1 Persebaran dan Faktor Lingkungan Nibung di Pesisir Provinsi Riau	41
4.7.2 Penampilan Model	42

Hak Cipta Dilindungi Undang-undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.



4.7.3	Respons Variabel Terhadap Kesesuaian Habitat Nibung	44
4.7.4	Peta Distribusi Potensi Saat Ini	46
4.7.5	Ancaman Terhadap Keberadaan Nibung di Pesisir Provinsi Riau	49
SIMPULAN DAN SARAN		50
5.1	Simpulan	50
5.2	Saran	50
DAFTAR PUSTAKA		51
RIWAYAT HIDUP		65

DAFTAR TABEL

1	Ciri morfologi nibung yang diamati	11
2	Primer ISSR yang akan digunakan dalam penelitian nibung	12
3	Ciri morfologi yang berkontribusi pada komponen utama I dan II	24
4	Sekuen primer ISSR dan profil pita hasil amplifikasi DNA nibung	34
5	Keanekaragaman genetik 12 populasi nibung di Pesisir Provinsi Riau	38
6	Matriks jarak genetik antar populasi aksesori nibung	40
7	Kondisi lingkungan tiga wilayah penelitian di Pesisir Provinsi Riau	42
8	Persentase kontribusi dan kepentingan permutasi variabel lingkungan prediktor dalam model MaxEnt	44



DAFTAR GAMBAR

1	Ilustrasi tumbuhan nibung	4
2	Distribusi geografis nibung di dunia	5
3	Wilayah amplifikasi marka <i>Inter Simple Sequence Repeats</i> (ISSR)	8
4	Lokasi pengambilan aksesori nibung di lapangan	10
5	Morfologi akar nibung	15
6	Variasi warna kulit batang luar dan dalam batang nibung	16
7	Tunas muda di bagian pangkal batang nibung	17
8	Variasi duri batang nibung di Pesisir Provinsi Riau	18
9	Morfologi daun nibung	19
10	Morfologi perbungaan nibung	20
11	Perbungaan dan struktur reproduksi bunga nibung	21
12	Perubahan warna rakila selama perkembangan bunga dan buah	22
13	Buah dan biji nibung	23
14	Plot dua dimensi komponen utama 72 aksesori nibung di Pesisir Provinsi Riau berdasarkan ciri morfologi	24
15	Dendrogram 72 aksesori nibung berdasarkan ciri morfologi menggunakan metode UPGMA	27
16	Morfologi nibung kelompok I	29
17	Morfologi nibung kelompok II	30
18	Morfologi nibung kelompok III	31
19	Pemanfaatan nibung oleh masyarakat Pesisir Provinsi Riau	32
20	Profil pita primer ISSR-3	33
21	Profil pita primer UBC-868	33
22	Dendrogram 72 aksesori nibung dengan metode UPGMA berdasarkan 37 pita ISSR	36
23	Persentase variasi molekuler di dalam dan antar populasi nibung	39
24	Persebaran nibung di Pesisir Provinsi Riau	41
25	Hasil kurva AUC dalam model kesesuaian habitat nibung menggunakan MaxEnt	43
26	Uji Jackknife yang menunjukkan pentingnya variabel untuk memprediksi habitat yang sesuai untuk nibung	44
27	Kurva respons dari empat variabel iklim utama yang digunakan dalam model kesesuaian habitat nibung di Pesisir Provinsi Riau menggunakan MaxEnt	45
28	Prediksi habitat potensial nibung di Pesisir Provinsi Riau	47
29	Rumpun nibung yang dimusnahkan saat konversi lahan	48

Hak Cipta Dilindungi Undang-undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
2. Dilarang mengumunkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.

I PENDAHULUAN

1.1 Latar Belakang

Nibung (*Oncosperma tigillarium*) termasuk spesies palem (Arecaceae) yang tumbuh di habitat pesisir, rawa-rawa, tepi sungai, pantai berpasir atau berbatu di wilayah Asia Tenggara (Fitmawati *et al.* 2022). Persebaran nibung di Indonesia banyak ditemukan di lahan-lahan rawa pantai timur Sumatra; hilir Sungai Sembilang, Provinsi Sumatra Selatan; Muara Sabak, Provinsi Jambi; hilir Sungai Indragiri dan pesisir pantai Bengkalis, Provinsi Riau (Hasanah *et al.* 2019). Tumbuhan ini berkerabat dengan pinang, kelapa, sagu, dan nipah. Berbeda dengan spesies palem lainnya, nibung tumbuh merumpun seperti bambu (Baba *et al.* 2013). Nibung memiliki karakter morfologi khas yaitu hampir seluruh bagian tumbuhan ditutupi oleh duri, tinggi hingga 25 m; batang berwarna cokelat hingga abu-abu, duri berwarna hitam; daun majemuk, anak daun tersusun berselingan, pertulangan daun sejajar; bunga berwarna kuning; buah berbentuk bulat, dan buah masak berwarna hitam hingga ungu (Westphal dan Jansen 1989).

Nibung dimanfaatkan dalam berbagai keperluan oleh masyarakat pesisir Riau. Hampir seluruh bagian tumbuhan nibung dapat digunakan mulai dari akar, batang, daun, bunga dan buah. Akar nibung sebagai obat sakit demam. Umbut dan rebung dapat dikonsumsi langsung atau diolah menjadi 'gulai lemak' (Desti *et al.* 2019a; Desti *et al.* 2024). Batang nibung mempunyai kulit yang keras, sehingga tidak mudah lapuk, tahan rayap dan tahan air asin. Karakter unggul tersebut membuat nibung banyak dimanfaatkan sebagai tiang rumah, jembatan, kapal dan alat tangkap ikan nelayan (Desti dan Mellisa 2017; Hasanah *et al.* 2019). Batang menjadi bagian yang paling banyak digunakan (Maryanti 2019). Duri nibung atau "pating" digunakan sebagai paku bangunan sesaji dalam upacara adat (Partomihardjo *et al.* 2020). Daun nibung menjadi bahan dasar kerajinan seperti keranjang dan atap rumah. Bunga nibung dijadikan pengharum beras (Desti *et al.* 2019b). Buahnya digunakan sebagai pelengkap makan sirih (Nurlia *et al.* 2013).

Pemanfaatan nibung yang luas belum diiringi kesadaran masyarakat untuk melestarikannya. Eksploitasi nibung dilakukan langsung dari alam tanpa adanya kegiatan budidaya. Hal ini mengakibatkan jumlah nibung di alam semakin berkurang. Degradasi habitat dan konversi hutan alam menjadi perkebunan sawit menjadi ancaman signifikan bagi populasi nibung di Provinsi Riau. Menurut laporan Fitmawati *et al.* (2022), eksploitasi nibung di Provinsi Riau telah menyisakan tunggakan pohon, helaian daun yang rusak dan kerusakan habitat yang serius. Ancaman kerusakan habitat menyebabkan pengumpulan plasma nutfah nibung di Provinsi Riau mendesak untuk kegiatan pengembangan meliputi konservasi dan budidaya. Pengelolaan plasma nutfah akan menjadi efektif setelah dilakukan eksplorasi, karakterisasi berdasarkan ciri morfologi dan molekuler, kajian hubungan kekerabatan dan menyusun pengelompokan yang sistematis (Hidayat dan Pancoro 2008). Kegiatan ini berguna untuk menetapkan status taksonomi dan dapat menjadi rujukan dalam kegiatan konservasi.

Kegiatan konservasi nibung diawali dengan eksplorasi dan karakterisasi. Karakterisasi berdasarkan ciri morfologi dapat dilakukan jika seluruh organ vegetatif dan generatif tersedia (Lestari dan Azrianingsih 2019). Namun, ketersediaan organ lengkap tidak mudah diperoleh karena perbedaan masa pertumbuhan dan pembungaan di setiap daerah. Penanda morfologi juga sangat

Hak Cipta Dilindungi Undang-undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
2. Dilarang mengumunkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.

dipengaruhi oleh lingkungan, sehingga sulit membedakan antara ciri yang diwariskan secara genetik atau hasil adaptasi terhadap lingkungan (Babić *et al.* 2012), sehingga dibutuhkan dukungan data lain untuk memudahkan dalam kajian taksonomi nibung yaitu marka molekuler berbasis DNA.

Marka molekuler dapat menjadi alat untuk mengonfirmasi identitas tumbuhan, terutama untuk spesimen pada tahap perkembangan belum dewasa, dimana karakteristik diagnostik bunga jarang ditemukan (Alapetit *et al.* 2014). Marka molekuler juga memberikan banyak karakteristik karena beragamnya bentuk nukleotida basa di setiap lokus. Marka molekuler *Inter Simple Sequence Repeat* (ISSR) merupakan marka yang efisien dan akurat yang dapat digunakan untuk mengkaji keanekaragaman di bawah tingkat spesies (Mosa *et al.* 2019).

Marka ISSR terbukti menjadi alat yang ampuh untuk mendeteksi keragaman genetik di antara dan di dalam populasi beberapa spesies tumbuhan. Pemanfaatan marka ISSR pada *Euphorbia resinifera* memperlihatkan tingkat keragaman genetik yang tinggi dan terdapat variasi di dalam populasi (Abd-Dada *et al.* 2023). Penelitian karakterisasi genetik menggunakan ISSR terbukti dapat menentukan jenis kelamin bibit kurma secara dini (Sabir *et al.* 2013), mendeteksi keragaman genetik tinggi pada genotipe pinang (*Areca catechu*) (Adivappar *et al.* 2022), serta mengidentifikasi variasi dan kemiripan genetik dalam populasi rotan (Sinha dan Panda 2016). Selain itu, ISSR juga berhasil mengungkap keragaman genetik moderat antar varietas kelapa (*Cocos nucifera*) (Rasam *et al.* 2016). Namun demikian, penelitian yang menerangkan keragaman genetik nibung di pesisir Provinsi Riau berdasarkan marka ISSR belum pernah dilaporkan sebelumnya.

Pengelolaan konservasi nibung tidak hanya membutuhkan data keanekaragaman genetik, tetapi juga faktor lingkungan yang mempengaruhi keberadaannya. Karakteristik lingkungan yang berbeda berperan dalam membatasi distribusi suatu spesies (Wiens 2011). Analisis faktor lingkungan berguna untuk memperoleh peta prediksi distribusi nibung. *Species Distribution Models* (SDM) sebagai alat untuk menentukan habitat potensial tumbuhan nibung, sehingga membantu upaya konservasi dan budidaya (Xu *et al.* 2018; Booth 2018; Zheng *et al.* 2024).

Salah satu SDM yang paling banyak digunakan untuk menghasilkan peta distribusi yaitu *Maximum Entropy* (MaxEnt) (Liu *et al.* 2021). MaxEnt hanya membutuhkan data koordinat distribusi spesies dan data lingkungan untuk mengevaluasi kesesuaian habitat spesies target (Hayati *et al.* 2019; Dai *et al.* 2022). Selain itu, MaxEnt terbukti mempunyai tingkat akurasi tinggi, mampu memperkirakan distribusi optimal berdasarkan catatan kemunculan spesies dan faktor lingkungan yang mempengaruhinya (Fois *et al.* 2018; Ghareghan *et al.* 2020).

Berdasarkan uraian di atas maka penelitian keanekaragaman genetik berdasarkan karakter morfologi dan molekuler serta pendataan persebaran nibung di pesisir Provinsi Riau perlu dilakukan. Informasi keanekaragaman dan data persebaran nibung diharapkan dapat menjadi rujukan dalam kegiatan konservasi nibung.

1.2 Rumusan Masalah

Nibung banyak dimanfaatkan untuk berbagai keperluan, sementara eksploitasi nibung dilakukan langsung dari alam tanpa kegiatan budidaya

mengakibatkan jumlahnya di alam semakin berkurang. Degradasi habitat dan konversi lahan hutan alam menjadi perkebunan sawit menjadi ancaman signifikan bagi populasi nibung di Provinsi Riau. Ancaman kerusakan habitat menyebabkan pengumpulan plasma nutfah nibung di Provinsi Riau mendesak untuk dilakukan sebelum hilang tanpa diketahui keanekaragaman genetiknya.

Informasi keanekaragaman nibung dibutuhkan untuk kegiatan pengembangan meliputi pemuliaan, konservasi dan budidaya. Kajian berdasarkan morfologi dapat dilakukan jika seluruh organ vegetatif dan generatif tersedia dan memungkinkan untuk diamati. Namun, ketersediaan organ lengkap tidak mudah diperoleh karena perbedaan masa pertumbuhan dan pembungaan di setiap daerah, sehingga dibutuhkan dukungan data lain untuk memudahkan dalam kajian taksonomi nibung yaitu marka molekuler berbasis DNA. Marka molekuler ISSR merupakan marka yang efisien dan akurat. ISSR dapat memperlihatkan tingkat keragaman genetik yang tinggi dan terdapat variasi di dalam populasi.

Pengelolaan konservasi nibung tidak hanya membutuhkan data keanekaragaman genetik, tetapi juga faktor lingkungan yang mempengaruhi keberadaannya. Analisis faktor lingkungan berguna untuk memperoleh peta prediksi distribusi nibung. Berdasarkan uraian tersebut maka perlu dilakukan penelitian keanekaragaman genetik nibung berdasarkan karakter morfologi dan molekuler serta mendata persebaran nibung di pesisir Provinsi Riau.

1.3 Tujuan Penelitian

Penelitian ini bertujuan menganalisis keberagaman nibung berdasarkan penanda ciri morfologi dan *inter-simple sequence repeats* (ISSR), memetakan persebaran nibung, dan memprediksi kesesuaian habitat nibung di pesisir Provinsi Riau.

1.4 Manfaat Penelitian

Penelitian ini diharapkan dapat mengelompokkan nibung berdasarkan ciri morfologi dan marka ISSR, memberikan informasi baru mengenai faktor lingkungan yang mempengaruhi keberadaan nibung dan data persebaran nibung di Pesisir Provinsi Riau.



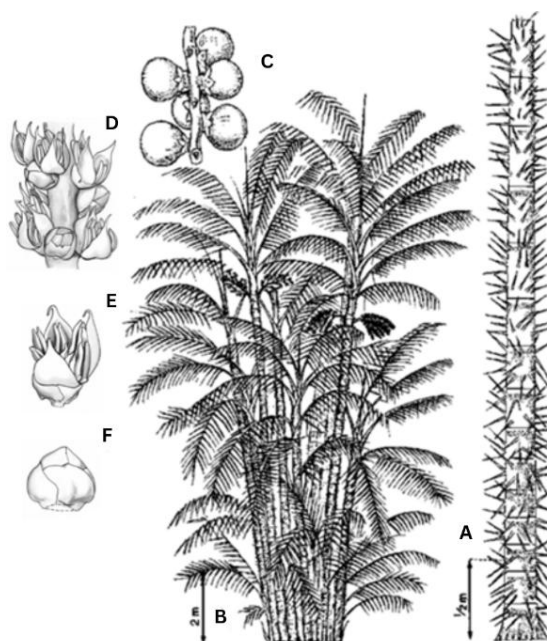
II TINJAUAN PUSTAKA

2.1 Morfologi, Distribusi dan Manfaat Nibung

Nibung (*Oncosperma tigillarium* (Jack) Ridl.) termasuk dalam famili Arecaceae subfamili Oncospermatinae (Baker dan Dransfield 2016). Nibung menjadi salah satu dari delapan spesies palem yang dikenal dari Kepulauan Krakatau. Berdasarkan Permenhut No. P 35 tahun 2007, nibung merupakan kelompok palem kategori Hasil Hutan Bukan Kayu (HHBK) yang dimanfaatkan batangnya. Tumbuhan nibung dapat diklasifikasikan sebagai berikut:

Famili : Arecaceae
Genus : *Oncosperma*
Spesies : *Oncosperma tigillarium* (Jack) Rild.

Nibung tumbuh merumpun seperti bambu, dan satu rumpun terdiri atas 5-30 batang. Tinggi total perawakan mencapai 25 m dan diameter batang umumnya 10 - 15 cm, ada yang mencapai 25 cm. Batang silindris tegak lurus, kadang agak bengkok, abu-abu hingga cokelat pucat dengan lingkaran bekas pelepah daun dan duri hitam yang tersebar sepanjang batang. Duri juga tersebar hampir di seluruh bagian tumbuhan (Gambar 1). Daun majemuk menyirip dengan anak daun memita, ujung tajam dan tersusun teratur sepanjang rakis, menjuntai, hampir mirip daun kelapa ujungnya agak melengkung dan anak-anak daun menunduk sehingga tajuknya nampak indah. Perbungaan tersusun dalam bulir yang bercabang-cabang seperti malai kelapa, muncul di ketiak daun dan terbungkus seludang berduri. Bunga kuning, berkelamin tunggal, setiap bunga betina diapit oleh dua bunga jantan. Buah batu, bulat, diameter 12 mm, hijau saat muda dan berubah hitam setelah masak (Partomihardjo *et al.* 2020).



Gambar 1 Ilustrasi tumbuhan nibung. (A) Rumpun nibung, (B) Batang nibung dan duri, (C) Buah nibung (Westphal dan Jansen 1989), (D) Perbungaan nibung, (E) Bunga jantan, (F) Bunga betina (Dransfield *et al.* 2008).

Secara morfologi, nibung (*O. tigillarum*) mirip dengan bayas (*O. horridum*). Perbedaan keduanya terletak pada habitat, permukaan batang, bentuk duri dan susunan daun. Nibung tumbuh di dataran rendah di sepanjang pesisir pantai dengan ketinggian 0-19 m DPL (Andayani *et al.* 2018), sedangkan bayas tumbuh di lereng gunung dan perbukitan. Nibung mempunyai permukaan batang halus berwarna coklat muda, sedangkan bayas bertekstur dan berserat dengan warna coklat muda. Selain itu, ukuran batang bayas lebih besar dibandingkan dengan nibung. Duri dari nibung memiliki permukaan tipis dan halus, sedangkan duri pada bayas permukaannya tebal dan kasar. Perbedaan selanjutnya terdapat pada anak daun. Nibung memiliki susunan anak daun berseling, sedangkan bayas memiliki susunan anak daun berhadapan. Bayas memiliki ukuran daun yang lebih besar dan ibu tulang daun seringkali memutar (Witono 2005; Aisyah *et al.* 2023).

Nibung tersebar luas mulai dari Borneo, Kamboja, Semenanjung Malaya, Thailand, Vietnam, dan Indonesia (POWO 2024) (Gambar 2). Persebaran nibung di Indonesia meliputi daerah Kalimantan, Jawa, Kepulauan Bangka Belitung dan Sumatra (Andayani *et al.* 2018). Keberadaan nibung di Sumatra khususnya Provinsi Riau banyak ditemukan di daerah pesisir yang didominasi hutan rawa gambut dan hutan pantai. Tumbuhan ini menjadi salah satu flora penyusun ekosistem mangrove di Provinsi Riau (Desti *et al.* 2019b). Populasi tumbuhan nibung di Provinsi Riau tumbuh alami mulai dari Kabupaten Kepulauan Meranti, Kabupaten Indragiri, Kabupaten Bengkalis, Kabupaten Siak dan Kabupaten Rokan Hulu (Mellisa dan Feblisa 2018; Fitmawati *et al.* 2022).

Nibung menjadi salah satu plasma nutfah penting bagi Provinsi Riau. Berdasarkan Keputusan Menteri Dalam Negeri Nomor 48 Tahun 1989 tanggal 1 September 1989 tentang Pedoman Penetapan Identitas Tumbuhan dan Satwa Daerah, nibung ditetapkan sebagai “flora identitas” Provinsi Riau. Karakter tumbuhnya yang berumpun melambangkan semangat persatuan, kebersamaan, kekuatan dan persaudaraan masyarakat Melayu Provinsi Riau (Desti *et al.* 2019a).



Gambar 2 Distribusi geografis nibung di dunia (POWO 2024)

Tumbuhan nibung disebut juga sebagai libung, alibuk, erang, handiwung, liwung (Sunda), hoyo (Nias), hanibung (Lampung), dan kandibong (Sampit) (Partomihardjo *et al.* 2020). Masyarakat melayu Riau mengenal nibung dengan nama nibong atau ruyung. Nibung telah lama dimanfaatkan oleh masyarakat pesisir pantai Provinsi Riau. Karakteristik batang yang khas yaitu keras, kuat, tahan rayap dan air asin membuat pemanfaatannya menjadi sangat luas. Batang nibung biasanya dijadikan pipa air, lantai rumah panggung, jembatan, kapal, alat tangkap ikan, dan tiang bangunan tepi pantai (Desti dan Mellisa 2017).

Masyarakat pra-Sriwijaya di Situs Air Sugihan, Sumatra Selatan menggunakan batang nibung sebagai penyangga atau tiang rumah. Spesies ini digunakan karena sangat tahan dan awet dalam genangan air yang lama (Vita 2016). Selain itu, batang nibung juga dijadikan senjata berupa pedang dan tombak pada masa perjuangan kemerdekaan. Para pejuang di Riau yang berada di daerah pesisir pantai menggunakan nibung sebagai "tombak". Hal ini terkait dengan struktur anatomi batang nibung yang sama dengan tumbuhan palem lainnya seperti *Bactris* (Magellan *et al.* 2015).

Selain batang, bagian pucuk muda tumbuhan nibung dinilai memiliki rasa yang lebih enak dibandingkan dengan pucuk bambu. Bagian ini biasanya dijadikan sebagai sayur. Bunga nibung dapat digunakan sebagai pengharum beras. Buah nibung dapat dijadikan sebagai pengganti pinang untuk dimakan (Desti *et al.* 2019b). Akar nibung yang dikombinasikan dengan dengan akar pinang dipercaya dapat memperbaiki dan meningkatkan vitalitas pria. Akarnya direbus dan air rebusannya diminum dua kali sehari selama sekitar tiga hari (Ahmad dan Ismail 2003).

Nibung termasuk tumbuhan *stenotopic*, yaitu tumbuhan yang memiliki toleransi sempit terhadap variasi lingkungan tertentu. Tumbuhan ini menghasilkan polen dalam jumlah banyak. Polen nibung menyebar ke seluruh lingkungan *delta plain*. Bentuk polen nibung khas sehingga dengan cepat dapat dikenali. Polen nibung menjadi salah satu karakter sedimen dari lingkungan *delta plain*. Nibung sangat sensitif terhadap perubahan lingkungan yang mengakibatkan perubahan bentang alam. Dengan demikian perubahan kuantitas polen nibung dalam sedimen dapat dijadikan indikator perubahan lingkungan pengendapan (Winantris *et al.* 2015).

2.2 Penanda Morfologi

Karakterisasi menjadi langkah awal untuk mengetahui keragaman suatu tumbuhan. Karakterisasi tumbuhan dapat menggunakan penanda morfologi dan penanda molekuler. Penanda molekuler termasuk penanda yang akurat untuk kegiatan karakterisasi. Namun demikian, karakterisasi penanda morfologi tetap harus dilakukan, karena karakterisasi morfologi merupakan data awal untuk melengkapi informasi keragaman suatu tumbuhan (Trimanto 2012). Selain itu, dari kegiatan karakterisasi dapat menghasilkan deskripsi dan ciri spesifik tumbuhan yang digunakan untuk membedakan suatu spesies tumbuhan (Paramitha dan Zazaroh 2022).

Penanda morfologi merupakan penanda awal yang berperan penting dalam mengukur keanekaragaman pengelolaan plasma nutfah melalui pengamatan langsung terhadap fenotipe tumbuhan, tidak memerlukan prosedur yang rumit, namun sensitif terhadap pengaruh lingkungan yang dapat mempengaruhi estimasi

variasi genetik (Khanuja *et al.* 2005; Scarano *et al.* 2014). Karakterisasi morfologi dapat dilakukan untuk genotyping, seleksi, dan pengelolaan plasma nutfah dalam kegiatan pemuliaan tumbuhan (Wani *et al.* 2017). Sifat morfologi dapat menggambarkan kekerabatan tingkat spesies. Spesies yang berkerabat dekat mempunyai banyak kesamaan karakter antara satu spesies dengan lainnya (Oktavianto *et al.* 2015).

Ciri morfologi dapat diwariskan, terutama sifat-sifat kualitatif seperti bentuk, warna dan ukuran, yang didasarkan pada hukum pewarisan Mendel dan dikendalikan oleh gen-gen sederhana. Hasil pewarisan sifat tersebut memberikan informasi yang lebih tepat dibandingkan dengan sifat-sifat kuantitatif karena pengaruh lingkungan rendah (Syukur *et al.* 2012). Namun identifikasi ciri morfologi memerlukan waktu yang cukup lama, dan tidak semua ciri dapat diidentifikasi melalui pengamatan visual. Karakter morfologi juga kompleks karena karakter tersebut merupakan hasil interaksi genetik dan lingkungan, sehingga sulit membedakan antara sifat-sifat yang diwariskan secara genetik atau akibat adaptasi lingkungan (Babić *et al.* 2012).

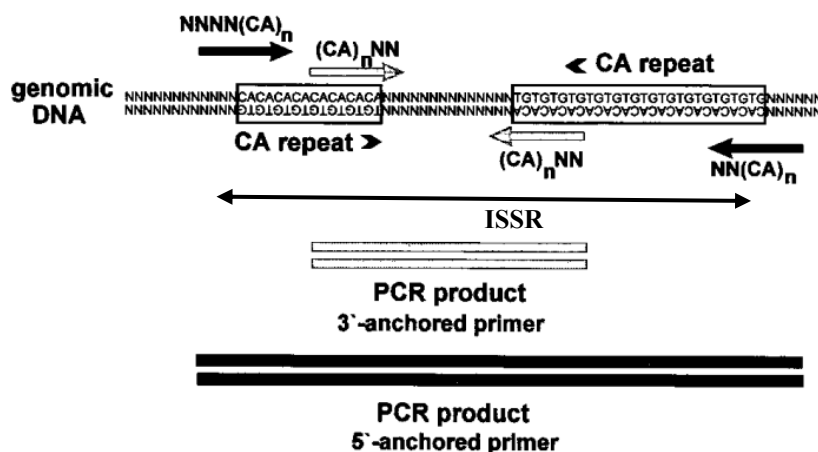
2.3 Penanda Molekuler *Inter Simple Sequence Repeat* (ISSR)

Penanda molekuler merupakan segmen DNA tertentu yang mewakili perbedaan pada tingkat genom. Penanda molekuler memiliki keunggulan di antaranya bersifat stabil, dapat dideteksi dalam semua jaringan tumbuhan dan tidak dipengaruhi oleh lingkungan (Zulfahmi 2013). Karakterisasi berbasis molekuler mampu mengatasi kekurangan penggunaan karakteristik morfologi dan biokimia dalam mendeteksi keanekaragaman genetik di tingkat DNA (Ali *et al.* 2020). Keanekaragaman genetik memberikan gambaran terkait banyaknya variasi dalam populasi (Nadeem *et al.* 2018). Beberapa marka untuk mendeteksi variasi genetik di antaranya *Restriction Fragment Length Polymorphism* (RFLP), *Random Amplified Polymorphic DNA* (RAPD), *Amplified Fragment Length Polymorphism* (AFLP) dan *Simple Sequence Repeats* (SSR) (Azrai 2005).

Mikrosatelit atau SSR merupakan daerah dalam genom terdiri atas sekuen nukleotida berulang atau *Short Tandem Repeat* (STR) yang tersebar di seluruh genom (Ng dan Tan 2015), sedangkan ISSR ialah wilayah inter-SSR yang terdapat di antara dua lokus mikrosatelit (Zietkiewicz *et al.* 1994). ISSR tidak menyandikan protein karena merupakan *noncoding region* atau bukan gen. Marka ISSR menggunakan primer tunggal yang di bagian ujung 3' serta 5' terdapat penambahan sekuen nukleotida spesifik (Gambar 3). Primer tunggal yang telah didesain dapat berperan sebagai primer *forward* yang akan mengamplifikasi cetakan DNA ke arah *downstream* dan primer *reverse* yang akan mengamplifikasi cetakan DNA ke arah *upstream*.

Penanda molekuler menggunakan marka ISSR didasarkan pada variasi yang terdapat dalam sekuen yang terletak di antara dua sekuen mikrosatelit yang berdekatan (Zietkiewicz *et al.* 1994). Analisis variasi genetik menggunakan ISSR sebagai metode sederhana untuk evaluasi plasma nutfah, membedakan spesies, mengidentifikasi kultivar dan menentukan variabilitas genetik antar kultivar (Alhasnawi *et al.* 2019). Keanekaragaman genetik sangat berperan dalam upaya konservasi plasma nutfah (Dar *et al.* 2019), ketahanan pangan dan meningkatkan nilai ekonomi (Castaneda *et al.* 2016).

Karakteristik primer ISSR yang memiliki sekuen tambahan dengan inti mikrosatelit umumnya memiliki tingkat variasi alel yang tinggi di dalam genom seluruh organisme dan potensial untuk analisis yang dapat diulang. Keunggulan ini membuat ISSR dapat dijadikan sebagai marka molekuler yang unggul (Trojanwska dan Balibok 2004). Produk amplifikasi akan berupa pola pita ganda dan polimorfik yang dapat digunakan untuk studi variasi genetik di organisme, analisis hubungan kekerabatan, identifikasi genetik tetua, pembentukan klon atau galur serta studi hubungan asal tumbuhan menggunakan sentra penyebarannya (Ng dan Tan 2015).



Gambar 3 Wilayah amplifikasi marka *Inter Simple Sequence Repeats* (ISSR). Primer tunggal dengan inti (CA)_n dengan penambahan sekuen nukleotida spesifik pada ujung 3- (panah putih) atau ujung 5- (panah hitam) (Zietkiewicz *et al.* 1994).

Penanda ISSR memiliki beberapa keunggulan yaitu sekuen ISSR tersebar di seluruh genom sehingga menghasilkan polimorfisme lebih tinggi dibandingkan dengan RAPD, tidak memerlukan informasi sekuen terlebih dahulu, tidak dipengaruhi oleh kondisi lingkungan dan musim, DNA yang digunakan lebih sedikit (5-50 ng per reaksi), bersifat lebih *reproducible* dibandingkan dengan marka RAPD dan dapat mengungkap keragaman genetik pada tingkat takson rendah (spesies dan varietas) (Son *et al.* 2012; Riupassa *et al.* 2015; Sulassih *et al.* 2013). Primer ISSR cocok untuk penentuan analisis variasi genetik (Ekinci *et al.* 2019), studi pemetaan gen, identifikasi dan karakterisasi molekuler plasma nutfah (Ali *et al.* 2020).

Penelitian berbasis ISSR berhasil mempelajari keanekaragaman genetik, identifikasi dan pengelompokan tumbuhan. Penanda ISSR digunakan untuk penentuan jenis kelamin pohon kurma di Arab Saudi (Al-Ameri *et al.* 2016). Penelitian ini berhasil mengidentifikasi jenis kelamin pada tahap pembibitan. Secara ekonomi, informasi ini penting untuk menghindari tumbuhan jantan yang lebih banyak daripada kebutuhan pertanian. Studi lain menggunakan penanda molekuler ISSR untuk mengkarakterisasi 10 kultivar kurma (*Phoenix dactylifera*) dan juga memperkirakan keragaman genetik di antara kultivar-kultivar tersebut. Hasil ISSR menunjukkan bahwa tingkat polimorfisme berkisar antara 20 hingga 100% di antara kultivar, dengan rata-rata 85% (Sabir *et al.* 2014). Penelitian keragaman genetik, struktur populasi, dan kemiripan 131 aksesori *safflower* yang berasal dari 28 negara menggunakan 12 penanda ISSR mendapatkan polimorfik

sebesar 93,844%. Hasil penelitian juga menginformasikan jarak genetik paling jauh dan dapat digunakan sebagai sumber tetua untuk kombinasi genetik dalam kegiatan pemuliaan *safflower* (Ali *et al.* 2020). Penelitian karakterisasi genetik menggunakan ISSR pada Arecaceae telah dilakukan pada pinang (Adivappar *et al.* 2022), rotan (Sinha dan Panda 2016) dan kelapa (Rasam *et al.* 2016).

2.4 Maximum Entropy (MaxEnt)

Model distribusi spesies atau *Species Distribution Model* (SDM) merupakan alat untuk memprediksi pola distribusi keanekaragaman spesies (Khwarahm 2020; Li *et al.* 2020). Berbagai SDM telah dikembangkan untuk memperkirakan hubungan antara catatan kemunculan spesies dan variabel lingkungan serta memprediksi distribusi potensial spesies, seperti *Genetic Algorithm for Rule-Set Production* (GARP) (Padalia *et al.* 2014), *Bioclimatic Modeling* (BIOCLIM) (Booth *et al.* 2014), *Climex and Dymex* (CLIMEX) (Kriticos *et al.* 2017), *Ecological Niche Factor Analysis* (ENFA) (Hirzel *et al.* 2002), dan *Maximum Entropy* (MaxEnt) (Phillips dan Dudik 2008).

MaxEnt banyak digunakan karena memiliki tingkat akurasi yang tinggi dan kinerja yang akurat (Elith *et al.* 2006; Ghareghan *et al.* 2020). Perangkat lunak ini memprediksi distribusi optimal dengan memperkirakan fungsi distribusi probabilitas entropi maksimum berdasarkan catatan kemunculan spesies dan variabel lingkungan (Phillips *et al.* 2006). MaxEnt juga menawarkan sejumlah keunggulan utama: (i) keberhasilan yang tinggi dengan signifikansi statistik meskipun menggunakan ukuran sampel kecil, (ii) kemampuan menangani variabel lingkungan baik dalam bentuk data kontinu maupun kategorikal, dan (iii) kemampuan menghasilkan output probabilistik kontinu yang mudah dipahami (Pearson *et al.* 2007; Elith *et al.* 2011; Li *et al.* 2020; Cao *et al.* 2022).

MaxEnt memiliki kemampuan untuk memproyeksikan distribusi potensial habitat spesies di masa depan, sehingga sangat berguna dalam mengidentifikasi area yang berisiko terhadap hilangnya keanekaragaman hayati serta merancang strategi konservasi yang proaktif (Khwarahm 2020). Dengan memadukan model MaxEnt dengan ArcGIS, peneliti dapat mengevaluasi potensi perubahan distribusi spesies akibat dampak perubahan iklim. Analisis ini memberikan wawasan penting yang mendukung pengembangan langkah-langkah efektif untuk mengurangi dampak perubahan iklim, baik bagi ilmuwan maupun pembuat kebijakan (Yang *et al.* 2024).





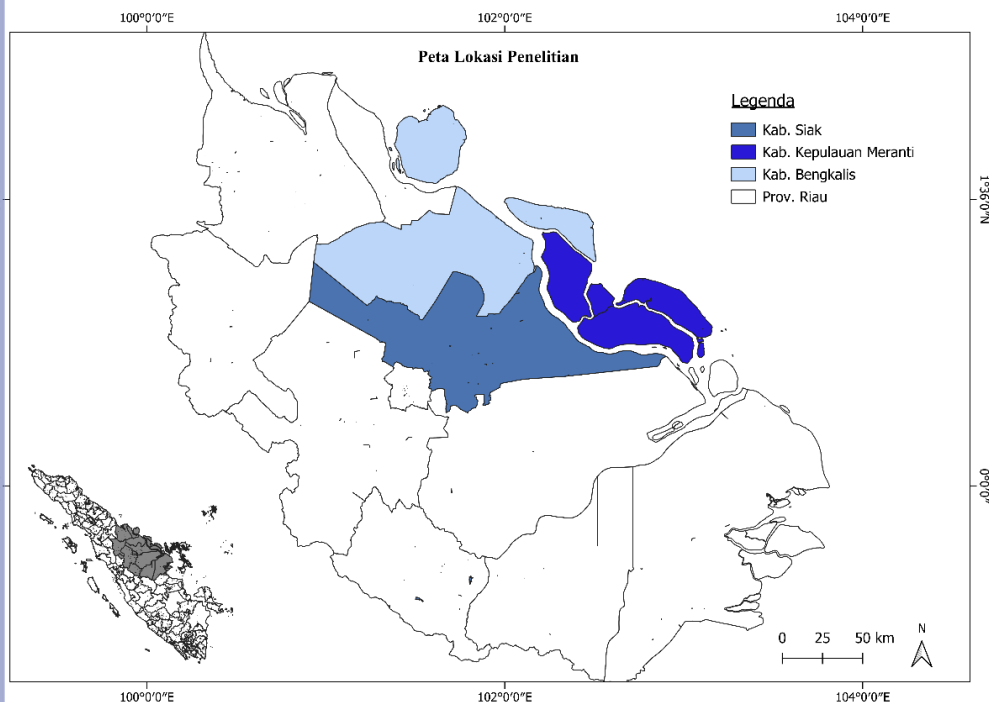
III METODE PENELITIAN

3.1 Waktu dan Tempat Penelitian

Penelitian ini dilaksanakan pada bulan Juni hingga Desember 2024. Pengamatan morfologi dilakukan di lapangan dan dilanjutkan di Laboratorium Botani Jurusan Biologi FMIPA Universitas Riau dan analisis molekuler dilaksanakan di Laboratorium Genetika Jurusan Biologi FMIPA Universitas Riau.

3.2 Pengambilan Nibung di Lapangan

Nibung (*O. tigillarum*) dikoleksi dari lokasi penelitian menggunakan metode jelajah, yaitu menuju langsung ke lokasi yang diketahui sebagai pusat persebaran (Rugayah *et al.* 2004). Lokasi pengambilan sampel meliputi daerah pesisir yang menjadi habitat nibung di Provinsi Riau yaitu Kabupaten Bengkalis, Kabupaten Kepulauan Meranti, dan Kabupaten Siak (Gambar 4). Setiap lokasi dianggap sebagai satu populasi karena memiliki tipe habitat yang berbeda dengan populasi lain. Setiap satu populasi diambil minimal tiga rumpun nibung dengan ulangan tiga pohon untuk pengamatan karakter morfologi. Pengamatan karakter morfologi tumbuhan nibung merujuk kepada Dransfield *et al.* (2008) yaitu antara lain: akar, batang, daun secara keseluruhan, perbungaan, buah, dan biji. Sampel daun segar dimasukkan ke dalam plastik klip yang berisi *blue silica gel* untuk isolasi DNA.



Gambar 4 Lokasi pengambilan aksesi nibung di lapangan

3.3 Alat dan Bahan Penelitian

Peralatan yang dibutuhkan dalam melakukan penelitian ini adalah gunting tumbuhan, kamera, jangka sorong, *hagameter*, *higrometer*, *lux-meter*, *anemometer*, *pH-meter soil tester*, *Global Positioning System (GPS)* garmin versi 60i, tabung 1,5

ml dan tabung PCR 0,2 ml, pipet tip, sentrifuse, gelas ukur, gelas beker, mortal, pestel, neraca analitis, *vortex*, *freezer*, *waterbath*, oven, *microwave*, mikropipet, seperangkat alat elektroforesis, PCR dan alat dokumentasi gel UV. Bahan yang dibutuhkan dalam penelitian ini adalah sampel daun nibung asal Pesisir Provinsi Riau, etiket, Alkohol 70%, buffer TBE, *Aqua-demineralisasi* (Aqua DM), ddH₂O steril, gel agarose, *loading dye*, DNA *Ladder* 1 Kb, kit ekstraksi (*Geneaid*), PCR Mix (*Greentag*), *nuclear water free*, primer ISSR.

3.4 Pengambilan Sampel Data Morfologi

Bagian tumbuhan nibung yang diamati meliputi akar, batang, daun secara keseluruhan, perbungaan, buah, dan biji (Tabel 1). Keseluruhan sampel yang dikoleksi diamati mulai dari bagian umum ke khusus, bagian dasar ke ujung (Veldkamp1987; Radford 1986). Hasil identifikasi disajikan dalam bentuk deskripsi, kunci identifikasi, foto dan informasi taksonomi dasar meliputi sebaran, nama lokal, catatan penting dan material yang diperiksa. Pembuatan herbarium dengan cara mengambil bagian vegetatif daun yang dibagi menjadi tiga bagian yaitu pangkal, tengah dan ujung daun. Bagian generatif meliputi bunga, buah dan biji.

Tabel 1 Ciri morfologi nibung yang diamati

No	Ciri	Sifat Ciri
1	Lingkar batang (cm)	23-35=0; 36-47=1; 48-60=2
2	Warna kulit batang	Cokelat=0; abu-abu=1; krem=2
3	Warna cincin batang	Cokelat=0; abu-abu=1; krem=2
4	Jarak antar ruas batang (cm)	22-30=0; 31-38=1; 39-46=2
5	Bentuk duri batang	Pipih memanjang=0; pipih melebar=1
6	Panjang duri batang (cm)	5-7,3 =0; 7,4-9,6=1; 9,7-12=2
7	Kerapatan duri batang (cm)	18-25=0; 26-32=1; 33-39=2
8	Panjang pelepah (cm)	62-78=0; 79-94=1; 95-110=2
9	Lebar pelepah (cm)	19-33=0; 34-47=1; 48-60=2
10	Panjang tangkai daun (cm)	9-12,7=0; 12,8-16,3=1; 16,4-20=2
11	Lebar Tangkai daun (cm)	4-5=0; 5-6=1; 6-7=2
12	Panjang anak daun (cm)	55,7-69,2=0; 69,3-82,7=1; 82,8-96=2
13	Lebar anak daun (cm)	2,5-3,2=0; 3,3-3,8=1; 3,9-4,5=2
14	Jarak antar anak daun (cm)	3-3,7=0; 3,8-4,3=1; 4,4-5=2
15	Panjang seludang bunga luar (cm)	44-60=0; 61-77=1; 78-94=2
16	Lebar seludang bunga luar (cm)	7-10,5=0; 10,6-14=1; 14,1-17,6=2
17	Panjang seludang bunga dalam (cm)	39,5-55,3=0; 54,4-71,2=1; 71,3-87=2
18	Lebar seludang bunga dalam (cm)	4-6,3=0; 6,4-8,7=1; 8,8-11=2
19	Panjang tangkai bunga (cm)	3,7-6=0; 6,1-8,2=1; 8,3-10,5=2
20	Lebar tangkai bunga (cm)	6-8=0; 9-10=1; 11-12=2
21	Panjang tangkai profil (cm)	3-3,9=0; 4-4,8=1; 4,9-5,8=2
22	Lebar tangkai profil (cm)	4,5-6=0; 6,1-7,5=1; 7,6-9=2

Hak Cipta Dilindungi Undang-undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
2. Dilarang mengumunkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.

Tabel 1 Ciri morfologi nibung yang diamati (*lanjutan*)

No	Ciri	Sifat Ciri
23	Panjang rakis bunga (cm)	6-8,1=0; 8,2-10,3=1; 10,4-12,5=2
24	Lebar rakis bunga (cm)	4-4,6=0; 4,7-5,3=1; 5,4-6=2
25	Panjang cabang rakis bunga (cm)	1,5-2,3=0; 2,4-3,1=1; 3,2-4=2
26	Lebar cabang rakis bunga (cm)	1,3-1,8=0; 1,9-2,4=1; 2,5-3=2
27	Jumlah cabang rakis	15-18=0; 19-22=1; 23-26=2
28	Panjang rakila (cm)	37,9-50,2=0; 50,3-62,6=1; 62,7-75=2
29	Lebar rakila (cm)	0,5-1=0; 1,1-1,5=1; 1,6-2=2

3.5 Analisis Molekuler

Analisis molekuler terdiri atas ekstraksi DNA, amplifikasi DNA menggunakan primer ISSR dan visualisasi DNA hasil PCR. Ekstraksi DNA nibung menggunakan prosedur Geneaid *Genomic DNA Mini Kit (Plant)*. Amplifikasi DNA menggunakan enam primer ISSR yaitu UBC-827, UBC-868, UBC-808, ISSR-1, ISSR-3, dan ISSR-5 (Tabel 2). Setiap reaksi ISSR diamplifikasi dalam volume 12,5 µl yang terdiri atas 1,5 µl DNA, 1 µl primer ISSR, 4,5 µl *EcoTaq* 2x PCR Master Mix, dan 5,5 µl air bebas nuklease.

Tabel 2 Primer ISSR yang digunakan dalam penelitian nibung

No	Nama	Urutan basa nukleotida (5'-3')	Suhu <i>annealing</i> (°C)
1.	UBC-827	ACACACACACACACACG	53
2.	UBC-868	GAAGAAGAAGAAGAAGAA	54
3.	UBC-808	AGAGAGAGAGAGAGAGC	56
4.	ISSR-1	ACACACACACACACACTT	52
5.	ISSR-3	GTGGTGGTGGTGGTG	40
6.	ISSR-5	AGAGAGAGAGAGAGAGT	50

Profil suhu reaksi PCR adalah pre-denaturasi 98 °C selama 30 detik, diikuti dengan 35 siklus; setiap siklus terdiri atas denaturasi dengan suhu 94 °C selama 10 detik, *annealing* dengan suhu 40-55 °C selama 15 detik, pemanjangan awal dengan suhu 72 °C selama 15 detik, dan pemanjangan akhir pada suhu 72 °C selama 1 menit. Produk hasil PCR dipisahkan dengan elektroforesis pada gel agarosa 1,7% pada 1 x buffer TBE 100 ml dan ditambahkan dengan 3 µl ViSafe Green Gel Stain pada 100 volt selama ±35 menit. Selanjutnya pola pita diamati di bawah cahaya biru *Accuris SmartBlue Transilluminator* dan difoto menggunakan *SmartDoc Enclosure* dengan *Smartphone*.

3.6 Analisis Data Morfologi dan Molekuler

Hasil pengamatan ciri morfologi dan molekuler ditransformasikan ke dalam bentuk data biner berupa matriks data akses nibung. Skoring data morfologi mengikuti deskriptor kelapa (*Cocos nucifera* L.) (IPGRI 1995) yang telah dimodifikasi. Skoring pita DNA polimorfik hasil elektroforesis menggunakan program *Gel Pro Analyzer* versi 3.1. Pita polimorfik dinilai nol (0) jika tidak

terdapat pita dan satu (1) jika terdapat pita pada posisi yang sama untuk setiap aksesori.

Matriks data digunakan untuk analisis koefisien kemiripan *simple matching* (SM). Konstruksi dendrogram menggunakan analisis *Sequential Agglomerative Hierarchical and Nested Clustering* (SAHN) dengan metode *Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Average* (UPGMA) melalui program *Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System for PC* (NTSys-PC) versi 2.1.1a (Exeter Software, New York) (Rohlf 2000). Analisis *Principal component analysis* (PCA) menggunakan program Minitab 19. Analisis komponen utama (PCA) dilakukan untuk mengetahui karakter yang berkontribusi tinggi terhadap variasi (Lestari dan Julianto 2020). Analisis struktur populasi meliputi jumlah alel (N_a), jumlah alel efektif (N_e), indeks Shannon (I), keragaman gen (h), persentase lokus polimorfik dan analisis variasi molekuler (AMOVA) dihitung menggunakan program *Genetic Analysis in Excel* (GenAlex) versi 6.501 (Peakall dan Smouse 2012). Rumus dan deskripsi parameter dijelaskan sebagai berikut:

- a. Jumlah alel (N_a) merupakan rata-rata jumlah alel (ada pita amplifikasi) dan alel nol (tidak ada pita). Jumlah alel disebut juga alel aktual.
- b. Jumlah alel efektif (N_e) merupakan nilai dugaan variabilitas dari alel aktual dalam populasi (Kimura dan Crow 1964).

$$N_e = \frac{1}{p^2 + q^2}$$

Untuk data biner, p = frekuensi pita yang muncul; dan $q = 1 - p$.

- c. Indeks Informasi Shannon (I) (Lewontin 1972).

$$I = -1 \times [p \ln(p) + q \ln(q)]$$

p = frekuensi pita yang muncul; dan $q = 1 - p$.

- d. Keragaman Gen (h) Nei's (1973)

$$h = 1 - (p^2 + q^2)$$

- e. Persentase Polimorfik

$$\% \text{ Polimorfik} = \frac{\text{Jumlah Pita Polimorfik}}{\text{Total Pita}} \times 100\%$$

- f. Analisis ragam molekuler (*Analysis of Molecular Variance*, AMOVA) bertujuan untuk menduga persentase ragam genetik antar-populasi dan dalam-populasi, melalui Menu AMOVA pada *software* GenAlEx.

3.7 Peta Distribusi

Pembuatan peta distribusi nibung membutuhkan data titik koordinat dan peta lokasi penelitian dengan format shapefile (SHP). Titik koordinat keberadaan nibung diperoleh melalui eksplorasi yang dicatat menggunakan GPS. Data ini kemudian diolah menggunakan *software* QGIS versi 3.34.3 dan disajikan dalam bentuk peta distribusi nibung di pesisir Provinsi Riau.

3.8 Analisis *Maximum Entropy*

Peta model kesesuaian habitat nibung dibuat menggunakan *software* MaxEnt versi 3.4.4 (<https://biodiversityinformatics.amnh.org/opensource/maxent>). Analisis MaxEnt memerlukan titik koordinat dari kemunculan spesies nibung dan peta faktor lingkungan. Data titik koordinat nibung diimpor ke Microsoft Excel dan disimpan dalam format "CSV". Peta wilayah penelitian diambil dari peta wilayah Indonesia yang dipotong menggunakan *software* QGIS versi 3.34.3.

Penelitian ini menggunakan 19 variabel bioklimatik (11 variabel suhu dan 8 variabel curah hujan), radiasi matahari (12 bulan), elevasi yang diakses dari laman <https://www.worldclim.org/>. Variabel lingkungan tersebut dihasilkan melalui interpolasi data iklim bulanan rata-rata dari stasiun cuaca pada resolusi spasial 30 detik busur (* 1 km) (Fick dan Hijmans 2017). Adapun 19 variabel bioklimatik yang digunakan yaitu, bio1=Suhu rata-rata tahunan, bio2=Rata-rata kisaran diurnal, bio3=Isotermalitas, bio4=Suhu musiman, bio5=Suhu maksimum bulan terhangat, bio6=Suhu minimum bulan terdingin, bio7=Kisaran suhu tahunan, bio8=Suhu rata-rata kuartal terbasah, bio9=Suhu rata-rata kuartal terkering, bio10=Suhu rata-rata kuartal terhangat, bio11=Suhu rata-rata kuartal terdingin, bio12=Curah hujan tahunan, bio13=Curah hujan bulan terbasah, bio14=Curah hujan bulan terkering, bio15=Musiman curah hujan, bio16=Curah hujan kuartal terbasah, bio17=Curah hujan kuartal terkering, bio18=Curah hujan kuartal terhangat dan bio19=Curah hujan kuartal terdingin (Hijmans *et al.* 2005; O'Donnell dan Ignizio 2012; Mahatara *et al.* 2021). Selain itu, data jarak dari pantai diakses melalui laman Ina-Geoportal (<https://tanahair.indonesia.go.id/portal-web/>). Variabel faktor tanah juga diunduh melalui laman <https://www.fao.org/> (Zhao *et al.* 2021; Shi *et al.* 2023).

Uji Jackknife digunakan untuk menyaring dan memperoleh kandidat variabel yang memiliki kontribusi serta pengaruh besar terhadap pemodelan. Menurut Wei *et al.* (2018), variabel dengan kontribusi rendah (<6%) dan tingkat kepentingan kecil (<6%) disaring dan dihilangkan pada tahap awal. Variabel yang terpilih dalam bentuk peta faktor lingkungan dipotong sesuai dengan wilayah penelitian menggunakan program QGIS versi 3.43.3. Selanjutnya, data tersebut dikonversi dari format Raster ke ASCII dan disimpan ke dalam satu folder.

Titik koordinat lokasi dimasukkan ke program MaxEnt pada kolom *samples*, sementara peta faktor lingkungan dimasukkan pada kolom *environmental layers*. Analisis tingkat kesesuaian habitat dilakukan dengan mengamati perubahan warna dari biru ke merah (Chen *et al.* 2024). Nilai warna $\geq 0,69$ menunjukkan kesesuaian habitat yang tinggi, 0,46–0,62 mengindikasikan kesesuaian sedang, 0,15–0,38 mencerminkan kesesuaian rendah, dan $\leq 0,15$ menunjukkan kesesuaian yang sangat rendah (Qin *et al.* 2017).

Validasi model distribusi dilakukan dengan mengevaluasi nilai *Area Under Curve* (AUC) dari hasil pemrosesan MaxEnt. AUC merupakan luas area di bawah kurva *Receiver Operating Curve* (ROC) yang berada di bawah kurva *Receiver Operating Curve* (ROC). Nilai AUC berkisar antara 0 hingga 1; nilai di bawah 0,5 menunjukkan model yang tidak sesuai, sedangkan nilai 1 menunjukkan model yang sangat akurat dan informatif (Zhu *et al.* 2017). Nilai AUC antara 0,5–0,7 mencerminkan akurasi rendah, 0,7–0,9 mencerminkan akurasi sedang, dan nilai >0,9 mencerminkan akurasi tinggi (Swets 1988). Hasil pemodelan kemudian disusun ulang untuk mengklasifikasikan tingkat kesesuaian habitat (*habitat suitability*) menggunakan QGIS versi 3.43.3. Tingkat kesesuaian habitat dibagi menjadi empat kategori: habitat tidak sesuai, kesesuaian habitat rendah, kesesuaian habitat sedang, dan kesesuaian habitat tinggi (Wei *et al.* 2019).

IV HASIL DAN PEMBAHASAN

4.1 Morfologi Nibung di Pesisir Provinsi Riau

Hasil pengamatan morfologi terhadap 72 aksesori nibung di Pesisir Provinsi Riau menunjukkan adanya pola kemiripan karakter morfologi pada sebagian besar individu. Meskipun demikian, variasi tetap teramati terutama pada karakter kuantitatif seperti panjang pelepah, ukuran batang, ukuran seludang bunga, dan perbungaan. Selain itu, perbedaan terbatas juga ditemukan pada karakter kualitatif seperti warna batang, bentuk duri dan perubahan warna rakila selama fase pembungaan dan pembuahan. Karakter morfologi nibung diuraikan sebagai berikut:

4.1.1 Akar

Nibung memiliki sistem perakaran serabut (*fibrous root system*), yang merupakan ciri khas famili Arecaceae. Sistem perakaran ini terdiri atas banyak akar yang tumbuh dari pangkal batang dan menyebar secara horizontal maupun vertikal, berfungsi untuk menopang tegaknya batang serta menyerap air dan unsur hara dari lapisan tanah bagian atas. Akar muda nibung berwarna merah kecokelatan, kemudian berubah menjadi cokelat tua hingga abu-abu seiring pertambahan usia (Gambar 5). Akar-akar ini tumbuh menonjol ke permukaan tanah dan sering kali membentuk struktur menyerupai gundukan, yang tampak jelas di sekitar pangkal batang tumbuhan. Hasil pengamatan menunjukkan bahwa karakter akar tidak menunjukkan variasi morfologi antar individu maupun antar lokasi. Keseragaman ini mengindikasikan bahwa struktur perakaran pada nibung bersifat konservatif dan relatif stabil secara genetik dalam satu spesies, meskipun berada di lingkungan tumbuh yang berbeda.



Gambar 5 Morfologi akar nibung. (A) Akar nibung muda berwarna merah kecokelatan, (B) Akar nibung tua berwarna cokelat hingga abu-abu membentuk gundukan.

4.1.2 Batang

Karakterisasi morfologi menunjukkan, tumbuhan ini termasuk palma tinggi yang tumbuh berkelompok. Satu rumpun nibung terdiri atas 5-30 batang. Batang tegak, silindris, tinggi 6-16 m, diameter batang umumnya 5-18 cm. Nibung memiliki kulit batang yang keras. Karakter ini membuat nibung memiliki ketahanan terhadap rayap dan air asin.

Hasil pengamatan keseluruhan aksesi, nibung memiliki tiga variasi warna kulit batang luar dan dalam (Gambar 6). Batang nibung dengan kulit luar berwarna krem umumnya memiliki bagian dalam yang juga berwarna krem. Sementara itu, batang dengan kulit luar cokelat menunjukkan warna oranye pada bagian dalamnya, dan batang dengan kulit luar abu-abu memiliki bagian dalam berwarna merah kecokelatan. Variasi warna pada bagian dalam kulit batang nibung ini belum pernah dilaporkan sebelumnya. Penelitian oleh Patomiharjo *et al.* (2020) menyebutkan bahwa warna kulit batang nibung bervariasi dari abu-abu hingga cokelat pucat. Warna batang krem paling sering ditemukan pada individu yang berasal dari Kabupaten Kepulauan Meranti, yang didominasi oleh jenis tanah liat berpasir. Sebaliknya, populasi dari Kabupaten Bengkalis dan Siak umumnya memiliki batang berwarna cokelat hingga abu-abu, dan tumbuh di tanah liat serta gambut humus.



Gambar 6 Variasi warna kulit batang luar dan dalam batang nibung. (A) Warna kulit batang luar dan dalam krem, (B) Warna kulit batang luar cokelat, kulit batang dalam oranye, (C) Warna kulit batang luar abu-abu, kulit batang dalam merah kecokelatan.

Hubungan antara jenis tanah dan warna kulit batang juga dikemukakan oleh Juliantari (2021), tumbuhan kweni dengan kulit batang berwarna oranye gelap hingga oranye kemerahan banyak ditemukan di daerah pesisir barat dan timur Sumatra yang memiliki tanah berpasir. Sementara itu, aksesi dari wilayah yang lebih jauh dari pantai cenderung memiliki kulit batang berwarna oranye terang hingga kuning keputihan. Perbedaan warna kulit batang ini berkaitan dengan karakter kuantitatif yang dikendalikan oleh sejumlah gen minor dan sangat dipengaruhi oleh faktor lingkungan (Ferita *et al.* 2015; Wulantika 2020).

Warna batang mempunyai korelasi positif terhadap warna lingkaran bekas pelepah daun. Batang dengan warna krem mempunyai lingkaran bekas pelepah daun dengan warna yang sama, begitupula dengan variasi warna yang lain. Jarak antar bekas pelepah daun bervariasi.

Bagian pangkal batang nibung merupakan tempat munculnya tunas dan berfungsi sebagai awal pembentukan individu baru. Hasil pengamatan di lapangan menunjukkan bahwa setiap batang utama umumnya menghasilkan satu tunas, yang kemudian berkembang menjadi anakan atau individu baru yang tumbuh berdampingan dengan induknya (Gambar 7). Tunas ini berperan sebagai alat perkembangbiakan vegetatif yang penting dalam siklus hidup nibung. Menurut Pangemanan *et al.* (2008), keberadaan tunas-tunas ini juga mendukung proses peremajaan alami populasi, berperan penting dalam mempertahankan dan memperbaharui struktur tegakan tumbuhan palma melalui regenerasi vegetatif.



Gambar 7 Tunas muda di bagian pangkal batang nibung (tanda panah)

4.1.3 Duri

Duri merupakan salah satu bentuk pertahanan mekanis paling mencolok yang dimiliki oleh berbagai spesies tumbuhan. Fungsinya sebagai penghalang fisik utama terhadap serangan herbivora dan terbukti efektif dalam mengurangi kehilangan biomassa akibat aktivitas penggembalaan (Belovsky *et al.* 1991). Keberadaan struktur duri sering dikaitkan dengan adaptasi tumbuhan terhadap tekanan herbivori tinggi. Tumbuhan berduri cenderung ditemukan di habitat dengan tekanan penggembalaan yang intens (Golden *et al.* 2016).

Batang nibung memiliki permukaan yang beralur dan ditutupi oleh duri berwarna hitam. Duri ini tersebar merata di sepanjang batang dengan ukuran panjang bervariasi antara 5–12 cm, lebar 0,2–0,5 cm, dan ketebalan 0,5–1,6 mm, dengan kerapatan antara 18–39 duri/100 cm². Seiring bertambahnya usia, duri pada batang cenderung mengalami degradasi atau terkikis.

Hasil pengamatan menunjukkan terdapat dua tipe bentuk duri, yaitu pipih panjang dan pipih melebar dengan ujung runcing (Gambar 8). Duri pipih panjang umumnya lebih tipis dibandingkan tipe pipih melebar, dengan ketebalan masing masing berkisar antara 0,5–1,0 mm dan 1,3–1,6 mm. Selain itu, duri pipih panjang juga memiliki ukuran lebih panjang dibandingkan duri pipih melebar. Duri yang lebih panjang diperkirakan lebih efektif dalam menghadapi gangguan herbivora dibandingkan duri yang lebih pendek, sementara duri yang lebih lebar cenderung memiliki kestabilan yang lebih tinggi (Liu *et al.* 2020). Penelitian oleh Ronel dan Lev-Yadun (2012) mengusulkan lima kategori tingkat pertahanan *spinescence*, dari yang paling rendah yaitu tumbuhan tanpa duri, hingga yang paling tinggi yaitu tumbuhan dengan duri paling panjang, paling rapat, dan paling keras, yang berpotensi melukai herbivora maupun manusia.

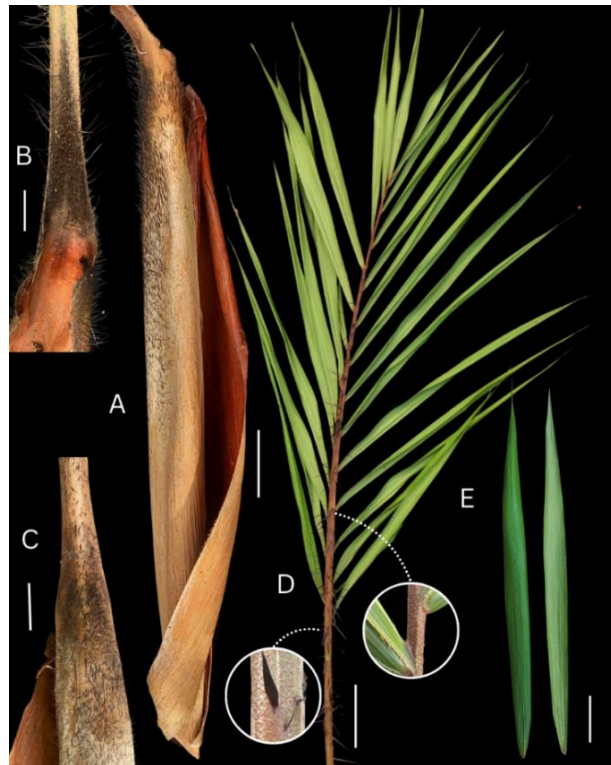


Gambar 8 Variasi duri batang nibung di Pesisir Provinsi Riau. (1) duri pipih memanjang, (2) duri pipih melebar. Skala=1 cm.

Duri pada nibung merupakan komponen penting dalam sistem pertahanan alaminya dan berperan besar dalam menunjang kelangsungan hidup tumbuhan ini. Duri yang tajam dan rapat terutama pada batang, membentuk penghalang fisik yang efektif terhadap herbivora seperti babi hutan, sehingga mengurangi risiko tunas nibung dimakan. Selain sebagai perlindungan terhadap gangguan biotik, duri juga mencerminkan adaptasi terhadap lingkungan ekstrem seperti rawa dan hutan pesisir, yang ditandai dengan tekanan lingkungan dan persaingan antarspesies yang tinggi. Keberadaan duri membantu tumbuhan ini bertahan dari gangguan mekanis serta kompetisi dengan vegetasi lain di habitat aslinya. Lebih lanjut, duri juga melindungi bagian-bagian vital seperti tunas muda, bunga, dan buah, terutama pada fase awal pertumbuhan, dari potensi kerusakan akibat interaksi eksternal. Dengan demikian, duri memegang peran krusial dalam mendukung keberhasilan regenerasi dan kelangsungan hidup nibung di alam.

4.1.4 Daun

Nibung memiliki tipe daun majemuk menyirip (*pinnate compound leaf*) (Gambar 9). Daun nibung termasuk daun yang lengkap terdiri atas pelepah (*vagina*), tangkai daun (*petiolus*), dan helaian daun (*lamina*) (Tjitrosoepomo 2003). Struktur daun seperti ini umum ditemukan pada anggota famili Arecaceae. Berdasarkan pengamatan di lapangan, karakter kualitatif daun cenderung seragam di antara individu, sementara variasi lebih banyak terlihat pada karakter kuantitatif seperti ukuran panjang, lebar, dan jumlah anak daun.



Gambar 9 Morfologi daun nibung. (A) Pelepah daun, (B) Tangkai daun sisi adaksial, (C) Tangkai daun sisi abaksial, (D) Daun majemuk menyirip, (E) Anak daun. Skala= 6 cm.

Pelepah daun memiliki bentuk tabung yang membungkus batang membentuk *crownshaft* atau saluran pelepah. Permukaan luar pelepah ditutupi oleh *tomentum* (rambut halus) dan duri-duri dengan ukuran yang bervariasi. Di bagian dalam, pelepah menunjukkan permukaan yang beralur, licin, dan mengkilap dengan warna krem. Ukuran pelepah bervariasi antar aksesori yang diamati, dengan panjang antara 62–110 cm, lebar 19–60 cm, dan ketebalan 0,2–1,9 mm.

Tangkai daun memiliki bentuk cekung di bagian pangkal, datar di sisi adaksial (atas), dan bulat di sisi abaksial (bawah). Panjang tangkai daun berkisar antara 9–20 cm dan lebarnya antara 4–7 cm. Di permukaan adaksial terdapat

duri yang bervariasi dari pendek hingga panjang, serta rambut halus, sementara permukaan abaksial hanya memiliki duri tanpa kehadiran rambut halus.

Rakis atau tulang daun utama berbentuk bersudut di bagian atas dan bulat di bagian bawah. Warna rakis adalah hijau kekuningan, terdapat duri dengan ukuran yang bervariasi di sisi bawah. Anak daun tersusun secara berseling di sepanjang rakis. Anak daun berbentuk memita dengan pangkal runcing, tepi rata, dan ujung meruncing. Ukurannya bervariasi, dengan panjang antara 55,7–96 cm dan lebar 2,5–4,5 cm. Jarak antar anak daun berkisar antara 2,5 hingga 4,5 cm.

4.1.5 Perbungaan dan Bunga Nibung

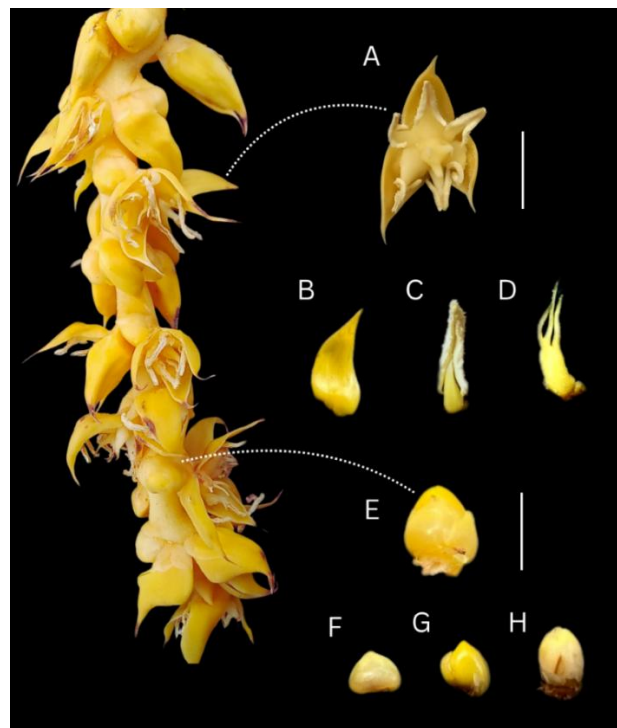
Nibung memiliki tipe perbungaan majemuk malai yang muncul di bawah daun (*infrafoliar*). Tangkai bunga pendek, lebar, dan bersayap di pangkal, serta dilengkapi dengan duri yang tersebar jarang hingga rapat. Perbungaan dilindungi oleh dua lapis seludang bunga (Gambar 10). Seludang pertama, yang disebut profil, terletak tepat di atas pangkal tangkai bunga. Struktur profil bersifat kokoh, tubular, agak pipih dengan ujung runcing, berwarna hijau muda hingga hijau tua. Seludang ini menutupi seluruh perbungaan hingga fase pembungaan, dan permukaannya ditutupi oleh rambut halus seperti beludru berwarna krem serta memiliki duri jarang hingga rapat pada permukaan abaksial.

Seludang kedua terletak di dalam profil dan memiliki morfologi yang serupa, namun dengan struktur yang lebih lunak. Permukaannya juga dilapisi rambut halus seperti beludru berwarna krem, dengan sedikit duri. Rakis (tulang tengah perbungaan) lebih panjang dari tangkai bunga, dan memunculkan cabang lateral yang disebut rakila. Satu rakis umumnya terdiri atas 15–26 rakila yang berbentuk silindris, lentur, tidak berbulu, menggantung, dan memiliki panjang antara 37–75 cm.



Gambar 10 Morfologi perbungaan nibung. (A) Seludang pertama/profil (adaksial), (B) Seludang pertama/profil (abaksial), (C) Seludang pertama dengan seludang kedua di bagian dalam, (D) Bagian dalam seludang pertama/ profil, (E) Seludang kedua, (F) Bagian dalam seludang kedua, (G) Bunga nibung. Skala= 10 cm.

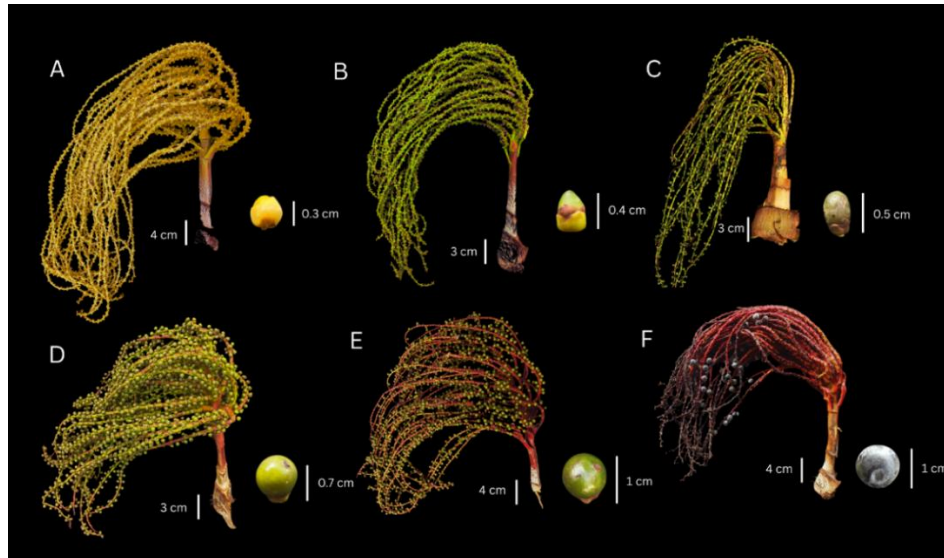
Bunga jantan asimetris, dengan tiga daun kelopak terpisah dan meruncing di ujung; daun mahkota berjumlah tiga, ujung meruncing dan lebih panjang dari daun kelopak, dengan bagian dasar yang sedikit menyatu; benang sari berjumlah enam, lebih pendek dari daun mahkota, sedikit melekat pada dasar daun mahkota, dengan tangkai sari pendek dan tebal; kepala sari berbentuk seperti panah dan melekat di bagian tengah; *pistilode* (putik tidak berkembang) lebih pendek daripada benang sari. Bunga betina berbentuk hampir bulat dengan tiga daun kelopak dan tiga daun mahkota yang masing-masing terpisah serta meruncing di ujung; *staminodia* (benang sari tidak berkembang) berjumlah enam dan berukuran sangat kecil. Bunga nibung mengeluarkan aroma harum yang kuat saat mekar, yang dapat tercium dari jarak tertentu.



Gambar 11 Perbungaan dan struktur reproduksi bunga nibung. (A) Bunga jantan, (B) Daun mahkota bunga jantan, (C) Benang sari, (D) *Pistilode* (putik tidak berkembang), (E) Bunga betina, (F) Daun kelopak bunga betina, (G) Daun mahkota bunga betina, (H) Ovarium. Skala= 0.5 cm.

Salah satu temuan menarik dari pengamatan fenologi nibung adalah adanya variasi warna pada rakila yang berubah secara bertahap seiring perkembangan bunga dan buah (Gambar 12). Saat profil pecah dan bunga mulai muncul, rakila berwarna kuning cerah. Warna rakila berubah menjadi hijau pada fase buah awal, lalu menjadi merah kehijauan pada fase buah muda. Fase buah dewasa ditandai dengan warna buah hijau tua serta rakila berwarna merah kecokelatan dan sedikit warna hijau kekuningan di bagian ujung. Pada fase buah masak, buah berubah menjadi ungu kehitaman dengan rakila yang seluruhnya berwarna merah kecokelatan. Perubahan rakila yang konsisten selama

perkembangan bunga dan buah ini belum pernah dilaporkan sebelumnya. Temuan ini berpotensi menjadi indikator visual yang berguna dalam studi fenologi serta dalam pengelolaan sumber daya benih, khususnya dalam penentuan waktu optimal untuk pengumpulan buah.

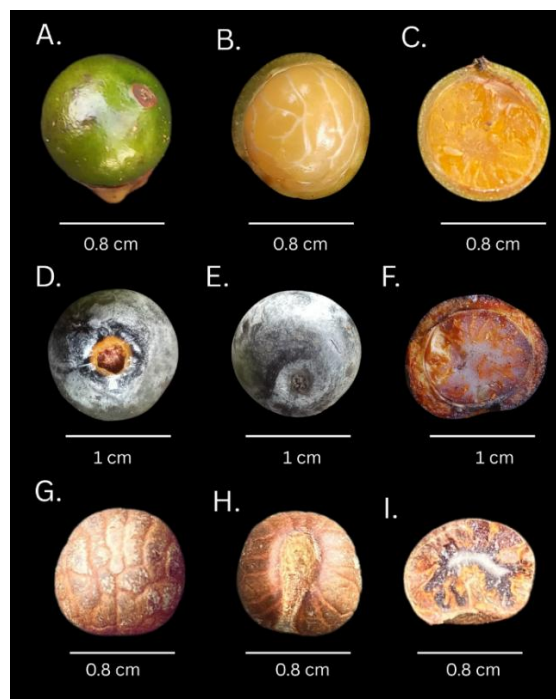


Gambar 12 Perubahan warna rakila selama perkembangan bunga dan buah. (A) Fase bunga, (B-C) Fase buah muda awal, (D) Fase buah muda, (E) Fase buah dewasa, (F) Fase buah masak.

4.1.6 Buah dan Biji

Buah nibung termasuk buah batu, berbentuk bulat, dengan diameter 0,8-1,25 cm, ujung terdapat sisa stigma (kepala putik). Kulit buah saat muda berwarna hijau muda, berubah menjadi ungu kehitaman saat matang dan dilapisi lilin putih seperti tepung. Daging buah berwarna putih krem dan memiliki getah bening lengket yang akan berubah menjadi merah kecokelatan ketika teroksidasi. Tekstur daging lembut dengan sedikit berserat, rasa kelat. Jika dimakan, akan meninggalkan rasa kesat di lidah. Biji nibung berwarna coklat, endosperma mempunyai retikulasi banyak dan tekstur keras seperti pinang (Gambar 13).

Pengamatan di lapangan menunjukkan bahwa hanya sedikit buah matang yang tersisa di malai. Hal ini disebabkan oleh kecenderungan buah matang untuk mudah terlepas dari rakila dan jatuh ke tanah. Akibatnya, saat pengamatan dilakukan, hanya sebagian kecil buah matang yang masih melekat. Kondisi ini mengindikasikan bahwa ikatan antara buah matang dan tangkainya cukup lemah, sehingga sebagian besar buah gugur sebelum sempat diamati atau dikumpulkan langsung dari pohon. Kejadian gugurnya buah ini berkaitan dengan proses alami yang disebut absisi, yakni pemisahan sel pada zona absisi (AZ) di pangkal buah (Patharkar dan Warker 2019). Mekanisme ini memainkan peran penting dalam penyebaran biji, yang esensial bagi keberhasilan reproduksi tumbuhan (Fooyontphanich *et al.* 2021).



Gambar 13 Buah dan biji nibung. (A) Buah muda, (B) Retikulasi biji pada buah muda, (C) Potongan transversal buah muda, (D) Buah masak (bagian pangkal), (E) Buah masak (bagian ujung), (F) Potongan transversal buah masak, (G) Biji (adaksial), (H) Biji (abaksial), (I) Potongan transversal biji.

4.2 Analisis Komponen Utama Nibung

Pengelompokan terhadap 72 nomor aksesori nibung dilakukan berdasarkan 29 karakter morfologi, baik vegetatif maupun generatif. Untuk mengidentifikasi kontribusi relatif masing-masing karakter dalam menjelaskan variasi genetik, dilakukan analisis komponen utama (PCA). Melalui PCA, karakter morfologi yang paling berpengaruh dalam membedakan aksesori dapat diidentifikasi berdasarkan besarnya kontribusi masing-masing komponen utama terhadap total variasi yang teramati (Alarmelu dan Hemaprabha 2023).

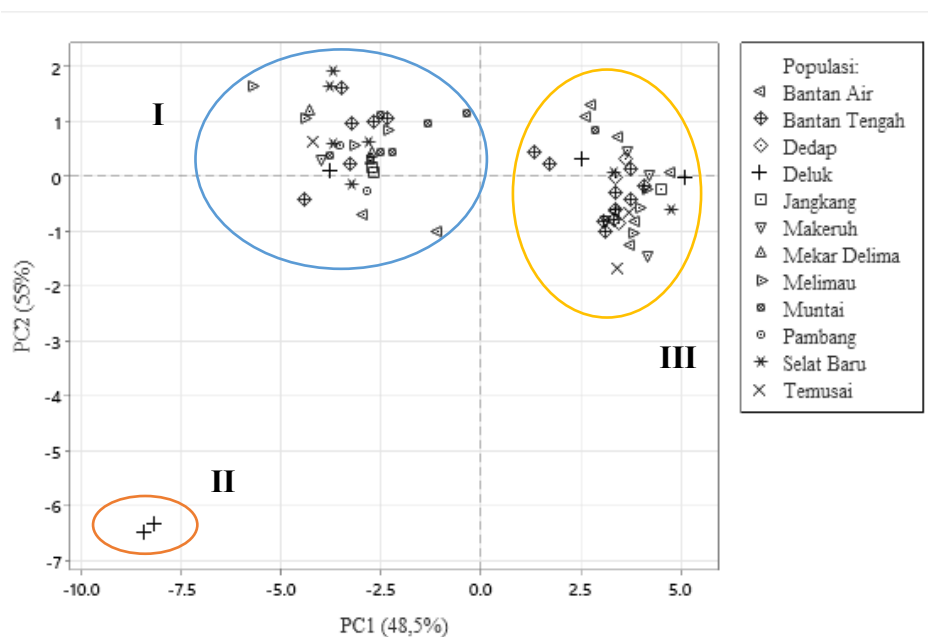
Hasil analisis komponen utama pada karakter morfologi berdasarkan nilai kumulatif komponen utama I sebesar 48,5% dan komponen utama II sebesar 55%. Nilai eigen masing-masing komponen utama yaitu 13,5 dan 1,8 membentuk tiga kelompok aksesori yaitu kelompok I, II dan III (Tabel 3, Gambar 14). Berdasarkan hasil analisis komponen utama I terdapat 13 ciri morfologi yang berpengaruh yaitu lebar anak daun (2,000), panjang seludang bunga luar (0,237), lebar seludang bunga luar (0,226), panjang seludang bunga dalam (0,218), lebar seludang bunga dalam (0,225), lebar tangkai seludang bunga luar (0,212), panjang tangkai seludang dalam (0,205), lebar tangkai seludang dalam (0,222), panjang rakis bunga (0,219), lebar rakis bunga (0,236), panjang cabang rakis bunga (0,219), lebar cabang rakis bunga (0,224), panjang rakila (0,200). Berdasarkan hasil analisis komponen utama II terdapat empat ciri morfologi yang berpengaruh terhadap keanekaragaman nibung yaitu lingkar batang (0,289), bentuk duri batang (-0,600), jarak antar anak daun (-

0,223) dan panjang seludang bunga dalam (-0,221). Tujuh belas ciri morfologi ini dapat dijadikan sebagai ciri diagnosis untuk membedakan antar kelompok aksesi.

Tabel 3 Ciri morfologi yang berkontribusi pada komponen utama I dan II

Variabel	Komponen utama I	Komponen utama II
Lingkar batang	0,145	0,289
Bentuk duri batang	-0,104	-0,600
Lebar anak daun	0,200	-0,158
Jarak antar anak daun	0,194	-0,223
Panjang seludang bunga luar	0,237	-0,146
Lebar seludang bunga luar	0,226	0,044
Panjang seludang bunga dalam	0,218	-0,221
Lebar seludang bunga dalam	0,225	0,062
Lebar tangkai seludang bunga luar	0,212	-0,096
Panjang tangkai seludang dalam	0,205	-0,197
Lebar tangkai seludang dalam	0,222	-0,151
Panjang rakis bunga	0,219	-0,189
Lebar rakis bunga	0,236	-0,121
Panjang cabang rakis bunga	0,219	0,135
Lebar cabang rakis bunga	0,224	0,116
Panjang rakila	0,200	0,016
Nilai eigen	13,582	1,818
Proporsi	0,485	0,065
Kumulatif	0,485	0,55

Variabel dipilih dari ciri morfologi yang mempunyai nilai $PC > 0,2$



Gambar 14 Plot dua dimensi komponen utama 72 aksesi nibung di Pesisir Provinsi Riau berdasarkan ciri morfologi

4.3 Analisis Fenetik Nibung di Pesisir Provinsi Riau

Analisis fenetik dilakukan terhadap 72 aksesori nibung yang berasal dari Kabupaten Bengkalis, Siak, dan Kepulauan Meranti, menggunakan 29 ciri morfologi (Tabel 1). Aksesori tumbuhan nibung tidak terkelompok sesuai dengan asal populasi tempat dikoleksinya. Namun, seluruh aksesori yang berasal dari populasi Deluk (Bengkalis) menunjukkan kemiripan ciri morfologi yang tinggi, sehingga membentuk satu kelompok tersendiri yang berbeda dari populasi lainnya.

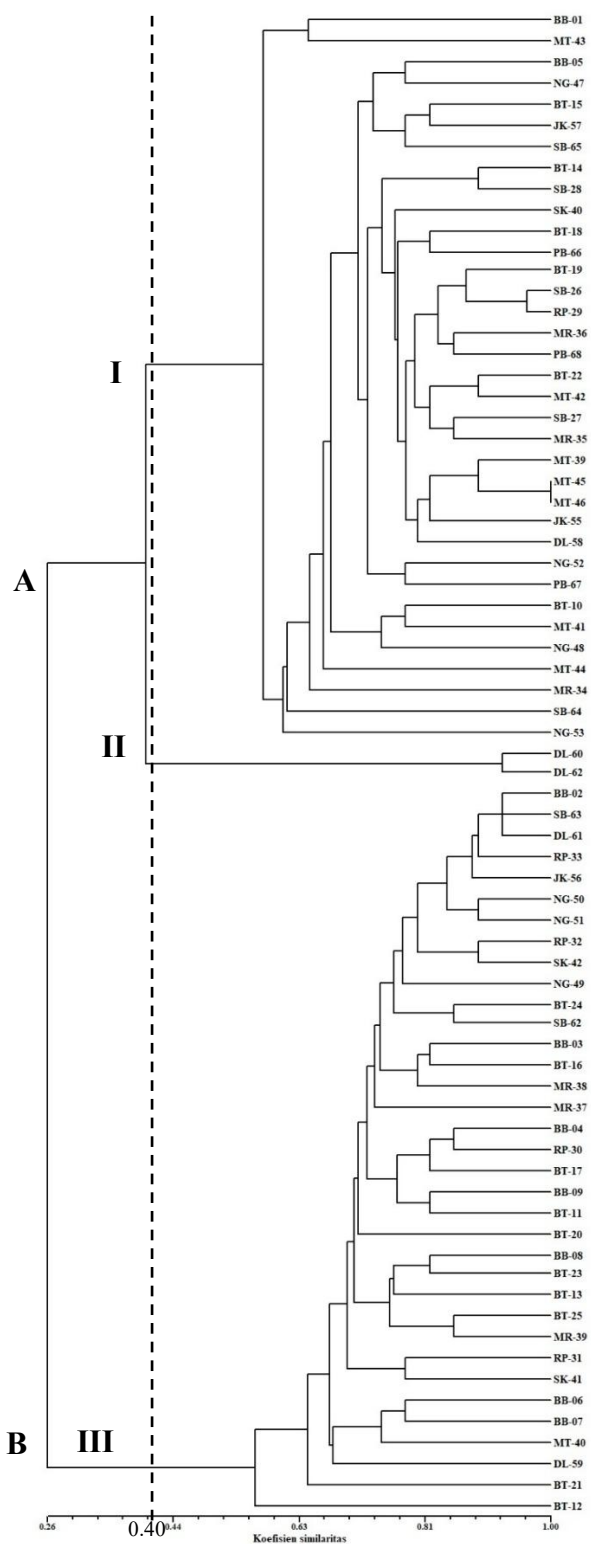
Hasil analisis UPGMA berdasarkan karakter morfologi menunjukkan bahwa seluruh aksesori membentuk dua kelompok besar (A dan B) pada koefisien kemiripan 26% (Gambar 15). Pengelompokan ini didasarkan terutama pada karakter morfometrik seperti lingkaran batang, panjang daun, panjang pelepah, lebar pelepah, panjang dan lebar tangkai daun, panjang dan lebar anak daun, panjang dan lebar seludang bunga luar dan dalam, panjang rakila, serta jumlah rakila. Sementara itu, karakter kualitatif yang diamati terbatas pada warna batang, warna bekas pelepah daun, dan bentuk duri batang. Keragaman morfologi merupakan informasi krusial yang mencerminkan perbedaan genetik dan dapat dimanfaatkan untuk mengungkap tingkat variasi serta kemiripan bentuk antar kultivar melalui pendekatan analisis gugus (Ongala *et al.* 2016). Selanjutnya, pada koefisien kemiripan 40%, kelompok A terbagi menjadi dua kelompok yaitu kelompok I dan II.

Kelompok I terdiri atas 35 aksesori yang berasal dari berbagai populasi seperti Bantan Air (BB-01, BB-05), Muntai (MT-43, MT-42, MT-39, MT-46, MT-45, MT-41, MT-44), Melimau (NG-47, NG-52, NG-48, NG-53), Bantan Tengah (BT-15, BT-14, BT-18, BT-19, BT-22, BT-10) Selat Baru (SB-65, SB-28, SB-26, SB-27, SB-64), Jangkang (JK-57, JK-55), Pambang (PB-66, PB-68, PB-67), Dedap (DD-36, DD-35, DD-34), Makeruh (MK-29), Deluk (DL-58), dan Temusai (TM-40). Aksesori dalam kelompok ini memiliki ukuran morfometrik yang tergolong sedang dan secara lokal dikenal sebagai "nibung padi". Karakter morfometrik dari kelompok ini antara lain: lingkaran batang 36–50 cm, panjang pelepah 70–85 cm, lebar pelepah 34–60 cm, panjang tangkai daun 13–15 cm, panjang anak daun 61–78 cm, panjang seludang bunga luar 62–76 cm, dan panjang seludang bunga dalam 58–75 cm. Ciri lainnya adalah bentuk duri pipih memanjang dengan panjang 6,7–11 cm dan lebar 0,2–0,3 cm. Berdasarkan informasi masyarakat lokal, nibung padi memiliki kulit batang lebih tebal daripada nibung gajah. Struktur ini membuat nibung padi lebih awet dibandingkan dengan kelompok nibung lain. Bagian tepi kulit nibung mempunyai kandungan ikatan pembuluh lebih banyak dibandingkan bagian empulur yang didominasi oleh parenkim. Kandungan jaringan penguat tersebut menyebabkan kulit batang nibung memiliki kekerasan yang lebih tinggi dibandingkan bagian tengah batang atau empulurnya (Fernando *et al.* 2020).

Kelompok II terdiri atas dua aksesori (DL-60 dan DL-62) yang berasal dari Deluk, Bengkalis. Kelompok ini merupakan kelompok dengan jumlah aksesori paling sedikit dan dikenal oleh masyarakat sebagai "nibung udang". Aksesori ini tumbuh di hutan mangrove dan memiliki perawakan yang kecil, dengan ciri morfometrik: lingkaran batang 23–25 cm, panjang pelepah 62–66 cm, panjang tangkai daun 9–10 cm, panjang anak daun 55,7–59 cm, panjang seludang bunga luar 59–60 cm, dan panjang seludang bunga dalam 54 cm. Panjang duri berkisar antara 5–7,5 cm. Ukuran morfologi tumbuhan yang relatif kecil diduga disebabkan oleh kondisi habitat yang tergenang air asin, yang membatasi ketersediaan nutrisi penting bagi pertumbuhan. Ulum *et al.* (2023) menyatakan bahwa stres salinitas berdampak

signifikan terhadap proses pertumbuhan dan perkembangan tumbuhan, sehingga berpotensi menurunkan hasil produksi. Cekaman garam pada tumbuhan umumnya terdiri atas tiga komponen utama, yaitu cekaman osmotik, cekaman ionik, dan cekaman sekunder berupa akumulasi berlebih spesies oksigen reaktif (ROS) (Parihar *et al.* 2015; Morton *et al.* 2018).

Kelompok III terdiri atas 35 aksesori dari Bantan Air (BB-02, BB-03, BB-04, BB-06, BB-07, BB-08, BB-09), Bantan Tengah (BT-11, BT-12, BT-13, BT-16, BT-17, BT-20, BT-21, BT-23, BT-24, BT-25), Deluk (DL-59, DL-61), Jangkang (JK-56), Makeruh (MK-30, MK-31, MK-32, MK-33), Selat Baru (SB-62, SB-63), Muntai (MT-40), Temusai (TM-41, TM-42), Melimau (NG-49, NG-50, NG-51), dan Mekar Delima (MD-37, MD-38, MD-39). Aksesori dalam kelompok ini memiliki ukuran morfometrik yang lebih besar dibandingkan kelompok lainnya, dan secara lokal dikenal sebagai "nibung gajah". Ciri kelompok ini meliputi lingkaran batang 52–60 cm, panjang pelepah 86–110 cm, panjang tangkai daun 16–20 cm, panjang anak daun 80–96 cm, panjang seludang bunga luar 77–94 cm, dan panjang seludang bunga dalam 76–87 cm. Tinggi tumbuhan rata-rata mencapai 11–16 m. Nibung gajah umumnya tumbuh di perkebunan karet, sawit, atau di hutan dekat pantai, memiliki batang besar dengan kulit tipis dan empulur yang lebar. Masyarakat meyakini bahwa batang nibung gajah memiliki ketahanan yang lebih rendah dibandingkan jenis lainnya karena memiliki empulur yang lebar. Pandangan ini didukung oleh temuan Fernando *et al.* (2020), yang menyebutkan bahwa tingkat kekerasan batang nibung paling tinggi terdapat pada bagian kulit luar, dan semakin menurun ke arah empulur. Dengan demikian, semakin besar proporsi empulur dalam batang, maka semakin rendah pula daya tahannya. Di berbagai daerah, nibung ini dikenal dengan nama nibung gajah, nibung serawak, nibung kampung di Kabupaten Bengkalis, dan nibung kapas di Kabupaten Meranti.



Gambar 15 Dendrogram 72 aksesi nibung berdasarkan ciri morfologi menggunakan metode UPGMA. BB = Bantan Air, BT = Bantan Tengah, SB = Selat Baru, JK = Jangkang, DL = Deluk, PB = Pambang, MT= Muntai, MK = Makeruh, NG = Melimau, TM = Temusai, DD = Dedap, MD = Mekar Delima.

4.4 Ciri Morfologi Kelompok Aksesori Nibung di Pesisir Provinsi Riau

Aksesori nibung asal Pesisir Provinsi Riau digolongkan menjadi tiga kelompok berdasarkan ciri morfologinya. Setiap kelompok memiliki ciri diagnosis untuk mengidentifikasi setiap aksesori. Ciri diagnosis setiap kelompok disusun dalam kunci identifikasi dan ciri analisis disusun dalam deskripsi setiap kelompoknya.

4.4.1 Kunci Identifikasi Kelompok Aksesori Nibung

- 1 a. Bentuk duri batang pipih melebar, ukuran batang kecil, lingkaran batang 23–25 cm **Kelompok II**
- b. Bentuk duri batang pipih memanjang, ukuran batang sedang atau besar, lingkaran batang 36–60 cm **2**
- 2 a. Panjang pelepah 86–110 cm, panjang tangkai daun 16–20 cm, panjang anak daun 80–96 cm, panjang seludang bunga luar 77–94 cm, dan panjang seludang bunga dalam 76–87 cm **Kelompok III**
- b. Panjang pelepah 70–85 cm, panjang tangkai daun 13–15 cm, panjang anak daun 61–78 cm, panjang seludang bunga luar 62–76 cm, dan panjang seludang bunga dalam 58–75 cm **Kelompok I**

4.4.2 Deskripsi Kelompok Aksesori Nibung

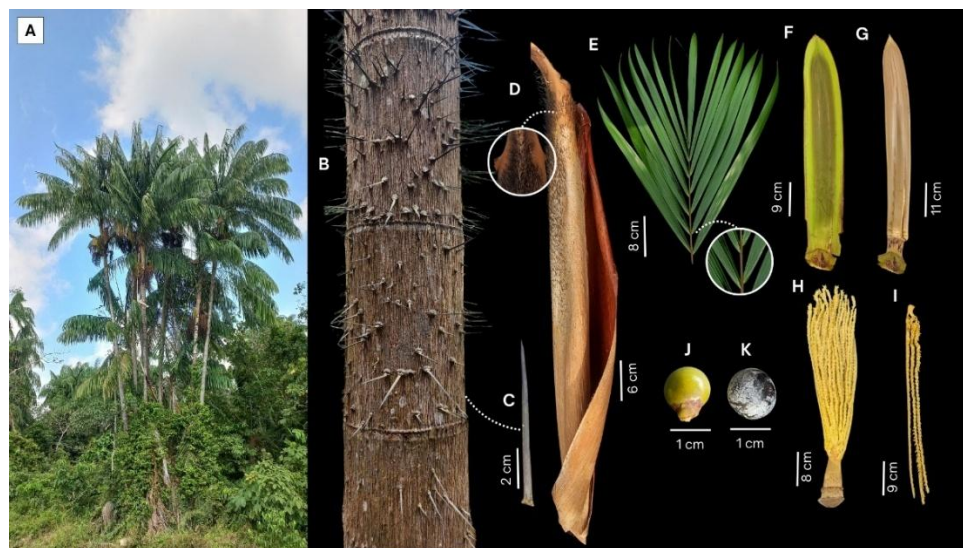
***Oncosperma tigillarium* (Jack) Ridl. (Kelompok I) (Gambar 16)**

Perawakan pohon, tinggi 10–12 m, merumpun, satu rumpun terdiri atas 5–30 batang. **Batang** tegak, silindris, lingkaran batang 36–57 cm, warna kulit batang cokelat, krem, atau abu-abu. Duri hitam tersebar sepanjang batang, bentuk pipih panjang dengan ujung runcing, panjang 6.7–11 cm, lebar 0.2–0.3 cm, ketebalan 0.5–0.8 mm, kerapatan duri 23–35 duri/100 cm². **Daun** majemuk, menyirip; pelepah daun berbentuk tabung, panjang pelepah 70–85 cm, lebar 34–43 cm; tangkai daun cekung pada bagian pangkal, rata di sisi atas (adaxial), bulat di sisi bawah (abaxial), panjang 13–15 cm, lebar 4–5 cm, terdapat duri serta rambut halus; anak daun warna hijau, berbentuk linier, pangkal runcing, tepi rata, ujung meruncing, tersusun berseling, panjang 61–78 cm, lebar 2–3 cm. **Perbungaan** majemuk, malai; panjang tangkai bunga 4–10 cm, lebar 7–12 cm; seludang pertama tubular, pipih, ujung runcing, panjang 62–76 cm, lebar 9–12 cm, berwarna hijau muda-hijau tua, berambut beludru dan berduri jarang; seludang bunga kedua terletak di dalam seludang pertama, panjang 58–75 cm, lebar 5–7 cm, ditutupi rambut beludru berwarna krem dan duri; bentuk rakila bulat, panjang 46–66 cm, lebar 0.5–1.5; bunga jantan asimetris, tiga daun kelopak, terpisah, bentuk ujung meruncing; tiga daun mahkota, bentuk ujung meruncing, lebih panjang dari daun kelopak; enam benang sari, lebih pendek dari daun mahkota, tangkai sari pendek dan tebal; kepala sari berbentuk panah, melekat di tengah; *pistilode*, lebih pendek daripada benang sari; bunga betina hampir bulat, tiga daun kelopak, tiga daun mahkota, terpisah, ujung meruncing; enam *staminodia*, berukuran kecil. **Buah** batu (*drupe*), bulat, diameter 0.8–1 cm.

Jumlah aksesori: 35

Distribusi: 2 asal Bantan Air (BB-01, BB-05), 7 asal Muntai (MT-43, MT-42, MT-39, MT-46, MT-45, MT-41, MT-44), 4 asal Melimau (NG-47, NG-52 NG-48, NG-53), 6 asal Bantan Tengah (BT-15, BT-14, BT-18, BT-19, BT-22, BT-10), 5 asal Selat Baru (SB-65, SB-28, SB-26, SB-27, SB-64), 2 asal Jangkang (JK-57, JK-55), 3 asal Pambang (PB-66, PB-68, PB-67), 3 asal Dedap (DD-36,

DD-35, DD-34), 1 asal Makeruh (MK-29), 1 asal Deluk (DL-58), dan 1 asal Temusai (TM-40).



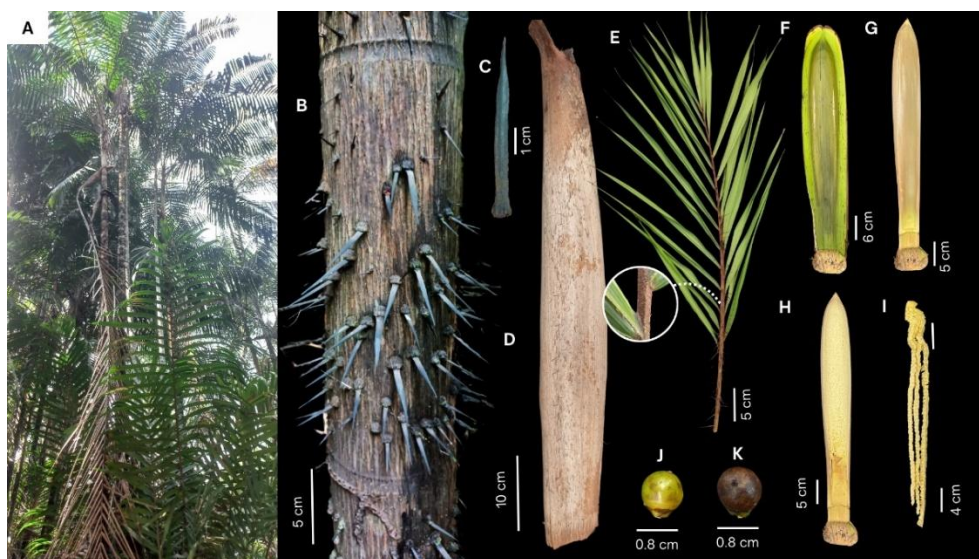
Gambar 16 Morfologi nibung kelompok I. (A) Perawakan, (B) Batang, (C) Duri batang, (D) Pelepah daun, (E) Daun, (F) Seludang pertama/profil, (G) Seludang kedua, (H) Bunga nibung, (I) Rakila, (J) Buah mentah, (K) Buah masak.

***Oncosperma tigillarum* (Jack) Ridl. (Kelompok II) (Gambar 17)**

Perawakan pohon, tinggi 5-10 m, merumpun, satu rumpun terdiri atas 4-9 batang. **Batang** tegak, silindris, lingkaran batang 23-25 cm, warna kulit batang coklat atau abu-abu. Duri hitam, bentuk pipih melebar dengan ujung runcing, panjang 5-7.5 cm, lebar 0.4-0.5 cm, ketebalan 1.3-1.6 mm, kerapatan duri 18-33 duri/100 cm². **Daun** majemuk, menyirip; pelepah daun berbentuk tabung, panjang pelepah 62-66 cm, lebar 19-21 cm; tangkai daun cekung pada bagian pangkal, rata di sisi atas (adaxial), bulat di sisi bawah (abaxial), panjang 9-10 cm, lebar 4.5 cm; anak daun warna hijau, berbentuk linier, pangkal runcing, tepi rata, ujung meruncing, tersusun berseling, panjang 55.7-59 cm, lebar 2-3 cm. **Perbungaan** majemuk, malai; panjang tangkai bunga 3.7-4 cm, lebar 7-8 cm; seludang pertama tubular, pipih, ujung runcing, panjang 59-60 cm, lebar 7-8 cm, berwarna hijau muda-hijau tua, berambut beludru dan berduri jarang; seludang bunga kedua terletak di dalam seludang pertama, panjang 54 cm, lebar 4-6 cm, ditutupi rambut beludru berwarna krem dan duri; bentuk rakila bulat, panjang 37.9-45 cm, lebar 0.5-0.8; bunga jantan asimetris, tiga daun kelopak, terpisah, bentuk ujung meruncing; tiga daun mahkota, bentuk ujung meruncing, lebih panjang dari daun kelopak; enam benang sari, lebih pendek dari daun mahkota, tangkai sari pendek dan tebal; kepala sari berbentuk panah, melekat di tengah; *pistilode*, lebih pendek daripada benang sari; bunga betina hampir bulat, tiga daun kelopak, tiga daun mahkota, terpisah, ujung meruncing; enam *staminodia*, berukuran kecil. **Buah** batu (*drupe*), bulat, diameter 0.5-0.8 cm.

Jumlah aksesori: 2

Distribusi: 2 asal Deluk (DL-60, DL-62)



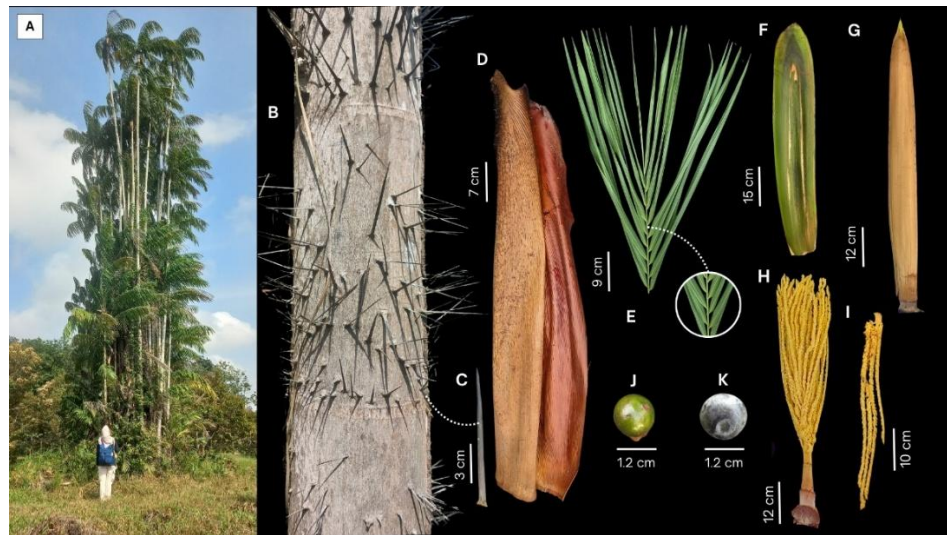
Gambar 17 Morfologi nibung kelompok II. (A) Perawakan, (B) Batang, (C) Duri batang, (D) Pelepah daun, (E) Daun, (F) Seludang pertama/profil, (G) Seludang kedua, (H) Bunga nibung, (I) Rakila, (J) Buah mentah, (K) Buah masak.

***Oncosperma tigillarium* (Jack) Ridl. (Kelompok III) (Gambar 18)**

Perawakan pohon, tinggi 11-16 m, merumpun, satu rumpun terdiri atas 6-30 batang. **Batang** tegak, silindris, lingkaran batang 52–60 cm, warna kulit batang cokelat, krem atau abu-abu. Duri hitam, bentuk pipih memanjang dengan ujung runcing, panjang 7-12 cm, lebar 0.2-0.3 cm, ketebalan 0.5-1.0 mm, kerapatan duri 22-39 duri/100 cm². **Daun** majemuk, menyirip; pelepah daun berbentuk tabung, panjang pelepah 86–110 cm, lebar 36-60 cm; tangkai daun cekung pada bagian pangkal, rata di sisi atas (adaxial), bulat di sisi bawah (abaxial), panjang 16–20 cm, lebar 5-7 cm; anak daun warna hijau, berbentuk linier, pangkal runcing, tepi rata, ujung meruncing, tersusun berseling, panjang 80–96 cm, lebar 3-4 cm. **Perbungaan** majemuk, malai; panjang tangkai bunga 6-10 cm, lebar 78-12 cm; seludang pertama tubular, pipih, ujung runcing, panjang 77–94 cm, lebar 14-17 cm, berwarna hijau muda-hijau tua, berambut beludru dan berduri jarang; seludang bunga kedua terletak di dalam seludang pertama, panjang 76–87 cm, lebar 6-11 cm, ditutupi rambut beludru berwarna krem dan duri; bentuk rakila bulat, panjang 42-75 cm, lebar 0.8-1; bunga jantan asimetris, tiga daun kelopak, terpisah, bentuk ujung meruncing; tiga daun mahkota, bentuk ujung meruncing, lebih panjang dari daun kelopak; enam benang sari, lebih pendek dari daun mahkota, tangkai sari pendek dan tebal; kepala sari berbentuk panah, melekat di tengah; *pistilode*, lebih pendek daripada benang sari; bunga betina hampir bulat, tiga daun kelopak, tiga daun mahkota, terpisah, ujung meruncing; enam *staminodia*, berukuran kecil. **Buah** batu (*drupe*), bulat, diameter 0.8-1.2 cm.

Jumlah aksesori: 35

Distribusi: 7 asal Bantan Air (BB-02, BB-03, BB-04, BB-06, BB-07, BB-08, BB-09), 10 asal Bantan Tengah (BT-11, BT-12, BT-13, BT-16, BT-17, BT-20, BT-21, BT-23, BT-24, BT-25), 2 asal Deluk (DL-59, DL-61), 1 asal Jangkang (JK-56), 4 asal Makeruh (MK-30, MK-31, MK-32, MK-33), 2 asal Selat Baru (SB-62, SB-63), 1 asal Muntai (MT-40), 2 asal Temusai (TM-41, TM-42), 3 asal Melimau (NG-49, NG-50, NG-51), dan 3 asal Mekar Delima (MD-37, MD-38, MD-39).

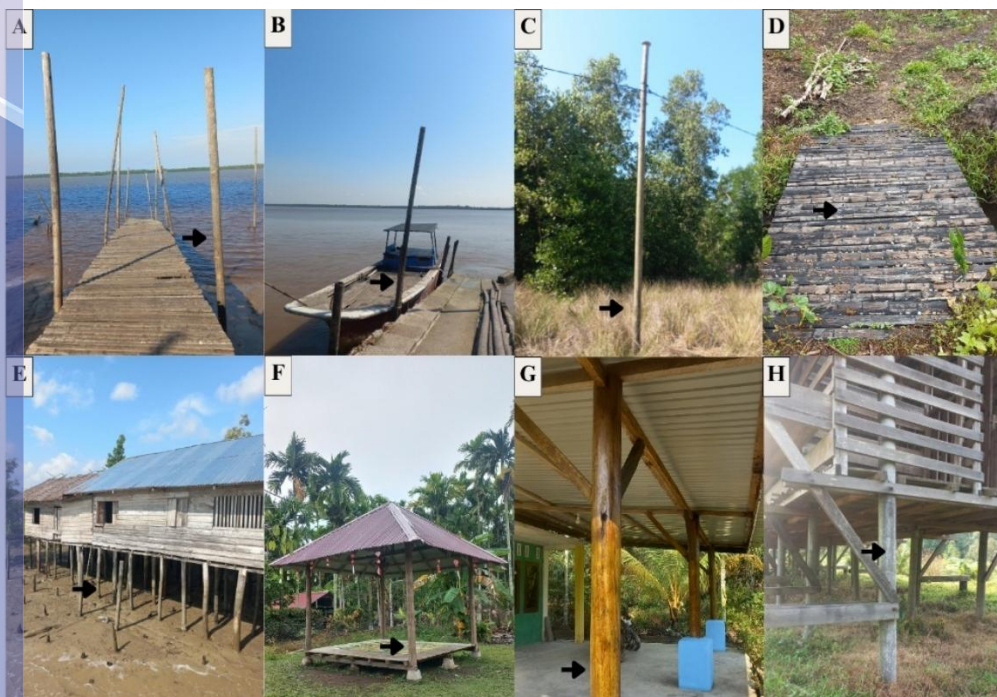


Gambar 18 Morfologi nibung kelompok III. (A) Perawakan, (B) Batang, (C) Duri batang, (D) Pelepah daun, (E) Daun, (F) Seludang pertama/profil, (G) Seludang kedua, (H) Bunga nibung, (I) Rakila, (J) Buah mentah, (K) Buah masak.

4.5 Pemanfaatan Nibung di Pesisir Provinsi Riau

Berdasarkan hasil penelitian, *O. tigillarum* (nibung) dimanfaatkan oleh masyarakat pesisir Provinsi Riau untuk berbagai keperluan yang bersifat praktis maupun budaya (Gambar 19). Pemanfaatan ini merupakan pengetahuan lokal yang telah diwariskan secara turun-temurun dari generasi ke generasi dan masih dipertahankan hingga saat ini. Hasil observasi dan wawancara di lapangan menunjukkan bahwa bagian batang nibung memiliki nilai guna yang tinggi, terutama sebagai bahan bangunan. Masyarakat setempat menggunakannya sebagai tiang rumah, bahan konstruksi pelabuhan, lantai, rusuk atap atau ‘mengkawan’, tiang listrik, jembatan, tali pancang kapal, tiang pendopo, hingga lantai kandang ternak. Sifat batang yang kuat dan tahan terhadap kondisi lingkungan pesisir menjadikan nibung sebagai pilihan utama dalam konstruksi tradisional.

Selain batang, umbut nibung juga memiliki nilai penting dalam aspek budaya dan konsumsi. Umbut ini umumnya diolah menjadi sayur sup atau gulai, dan disajikan pada acara-acara adat seperti pesta atau kenduri. Adapun bagian daun dan bunga nibung tidak dimanfaatkan oleh masyarakat. Namun, buah nibung diketahui memiliki nilai pengobatan, khususnya dalam praktik pengobatan tradisional suku Akit di Kabupaten Bengkalis. Buah yang memiliki rasa kelat ini secara empiris digunakan untuk mengatasi diare, karena diyakini memiliki efek menghentikan gangguan pencernaan.



Gambar 19 Pemanfaatan nibung oleh masyarakat Pesisir Provinsi Riau (tanda panah). (A) Bahan konstruksi pelabuhan, (B) Tiang pengikat tali kapal, (C) Tiang Listrik, (D) Jembatan, (E-H) Tiang bangunan.

4.6 Keanekaragaman Molekuler Nibung

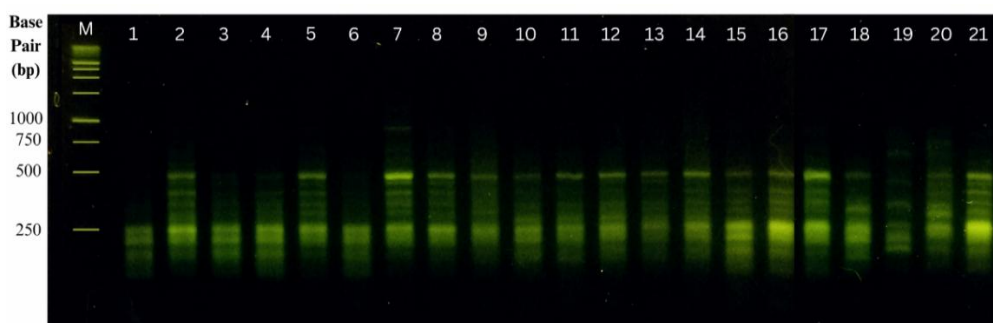
4.6.1 Efektivitas Primer ISSR Menilai Keragaman Genetik Nibung

Penggunaan enam primer ISSR pada 72 aksesori nibung berhasil mengamplifikasi sekuen genom dengan pola dan jumlah pita DNA yang bervariasi antar aksesori dan primer. Secara keseluruhan, primer yang digunakan tidak mendapatkan pita spesifik yang dapat dijadikan sebagai ciri genetik nibung di pesisir Provinsi Riau. Hasil amplifikasi mendapatkan 53 pita DNA, dengan 37 pita di antaranya bersifat polimorfik. Tingkat polimorfisme primer ISSR yang digunakan berkisar antara 50% hingga 100% dengan rata-rata 60% (Tabel 4). Tingkat polimorfisme ini lebih tinggi dibandingkan hasil studi Al-Yasi dan Al-Qthanin (2024) yang melaporkan rentang polimorfisme antara 22% hingga 39% di spesies *Juniperus procera* dengan jumlah primer yang sama. Tingginya tingkat polimorfisme dalam penelitian ini mengindikasikan bahwa penanda ISSR sangat efektif dalam mengungkap keragaman genetik antar aksesori nibung.

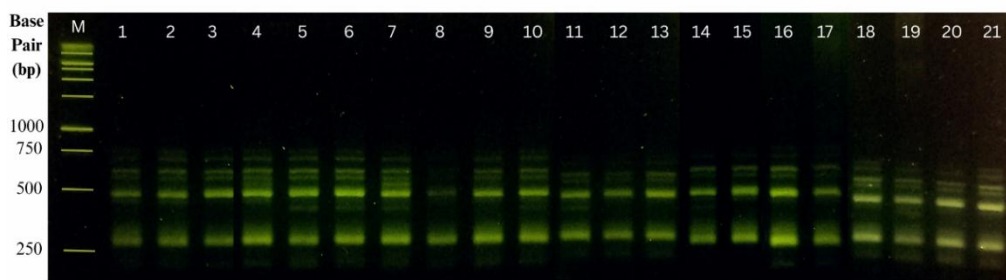
Tingkat polimorfisme tertinggi dihasilkan oleh primer ISSR-3 dengan nilai 100% (Gambar 20) dan UBC-868 dengan nilai 80% (Gambar 21). Polimorfisme DNA merujuk pada variasi urutan DNA di antara individu, kelompok, atau populasi. Kondisi ini terjadi apabila terdapat dua atau lebih alel pada satu lokus dengan frekuensi yang cukup tinggi dalam suatu populasi, yakni setidaknya sebesar 1% (Sukhumsirichart 2018).

Jumlah pita yang dihasilkan setiap primer bervariasi antara 7 hingga 11 pita, dengan ukuran pita berkisar dari 100 hingga 1000 bp. Primer ISSR-3 menghasilkan jumlah pita terbanyak (11 pita), sedangkan primer UBC-808

menghasilkan pita paling sedikit (7 pita). Variasi ini diduga dipengaruhi oleh jumlah urutan komplementer yang sesuai dalam genom; semakin banyak urutan komplementer, semakin tinggi jumlah pita yang dihasilkan (Rifatunidaudina *et al.* 2019). Dengan demikian, perbedaan urutan nukleotida pada masing-masing primer dan interaksinya dengan DNA turut menentukan keberhasilan amplifikasi dan variasi alel yang dihasilkan (Prakoso dan Retnoningsih 2021). Selain itu, jumlah aksesori yang dianalisis juga berperan penting; semakin besar jumlah aksesori, semakin besar pula peluang ditemukannya alel baru (Retnoningsih *et al.* 2011).



Gambar 20 Profil pita primer ISSR-3. M = 1 Kb DNA Ladder, 1-21 = sampel.



Gambar 21 Profil pita primer UBC-868. M = 1 Kb DNA Ladder, 1-21 = sampel.

Berdasarkan ukuran pita, masing-masing primer menghasilkan ukuran pita yang berbeda-beda berkisar 100 hingga 1000 bp. Primer UBC-827 menghasilkan pita berukuran terbesar (1000 bp), sementara pita terkecil (100 bp) dihasilkan oleh primer UBC-808, ISSR-1, ISSR-3, dan ISSR-5 (Tabel 4). Menurut Ng dan Tan (2015), ukuran pita ISSR yang optimal berada pada kisaran 100–2000 bp; pita <100 bp umumnya merupakan hasil amplifikasi non-spesifik seperti primer-dimer dan cenderung tidak tajam, sedangkan pita >2000 bp memiliki kekuatan rendah serta kurang stabil selama proses PCR. Ukuran pita DNA bervariasi tergantung pada panjang lokasi DNA dalam tumbuhan yang dapat diperluas dengan bantuan primer. Semakin jauh jarak antara lokasi pengikatan primer dan sisa basa pada templat DNA, maka DNA hasil sintesis akan semakin panjang dan memiliki massa molekul yang lebih besar (Wahyudi *et al.* 2020).

Nilai *Polymorphic Information Content* (PIC) dalam penelitian ini berkisar antara 0.30 hingga 0.38 (Tabel 4). Nilai tertinggi dicapai oleh primer ISSR-5, yang menunjukkan bahwa keenam primer tersebut memiliki kemampuan sedang dalam mengungkap variabilitas genetik. Nilai PIC pada penelitian ini lebih rendah dibandingkan Pinheiro *et al.* (2017) yang melaporkan nilai PIC berkisar 0,45 hingga 0,50 pada *Copernicia prunifera* (Arecaceae). Perbedaan nilai PIC maupun jumlah pita antar penelitian dapat disebabkan oleh beberapa faktor, termasuk jenis primer ISSR yang digunakan, spesies tumbuhan yang diteliti, serta pengaruh kondisi geografis terhadap variasi genetik antar individu.

Tabel 4 Sekuen primer ISSR dan profil pita hasil amplifikasi DNA nibung

No	Primer	Sekuen	PF (bp)	JP	JPP	JPM	PPP (%)	PIC
1	UBC-827	(AC) ₈ G	200-1000	8	5	3	63	0,32
2	UBC-868	(AG) ₈ T	200-750	10	8	2	80	0,34
3	UBC-808	(AC) ₈ TT	100-800	7	4	3	57	0,30
4	ISSR-1	VDV(CT) ₇	100-900	8	4	4	50	0,35
5	ISSR-3	(GAA) ₆	100-550	11	11	0	100	0,30
6	ISSR-5	(AG) ₈ C	100-600	9	5	4	56	0,38
Total				53	37	16		
Rata-rata				8,5			60	0,33

V= A, G, C; D= A, T, G; PF: Panjang fragmen, JP: Jumlah pita, JPP: Jumlah pita polimorfik, JPM: Jumlah pita monomorfik, PPP: Persentase pita polimorfik, PIC: *Polymorphic Information Content*

4.6.2 Analisis Gugus Nibung di Pesisir Provinsi Riau

Pengelompokan berdasarkan 53 pita hasil amplifikasi primer ISSR dengan metode UPGMA dan koefisien *simple matching* mengelompokan 72 aksesi nibung ke dalam tiga kelompok pada koefisien kemiripan 60-100%. Konstruksi dendrogram 72 aksesi nibung membentuk dua kelompok utama (A dan B) dengan koefisien kemiripan 60%. Kelompok A berasal dari Kabupaten Bengkalis dan Kabupaten Kepulauan Meranti, sedangkan kelompok B merupakan aksesi yang berasal dari populasi di Temusai (Kabupaten Siak) (Gambar 22). Kelompok A terbagi menjadi dua kelompok (kelompok I dan II) dengan koefisien kemiripan 64% dan kelompok B membentuk satu kelompok (kelompok III) dengan koefisien kemiripan 72%.

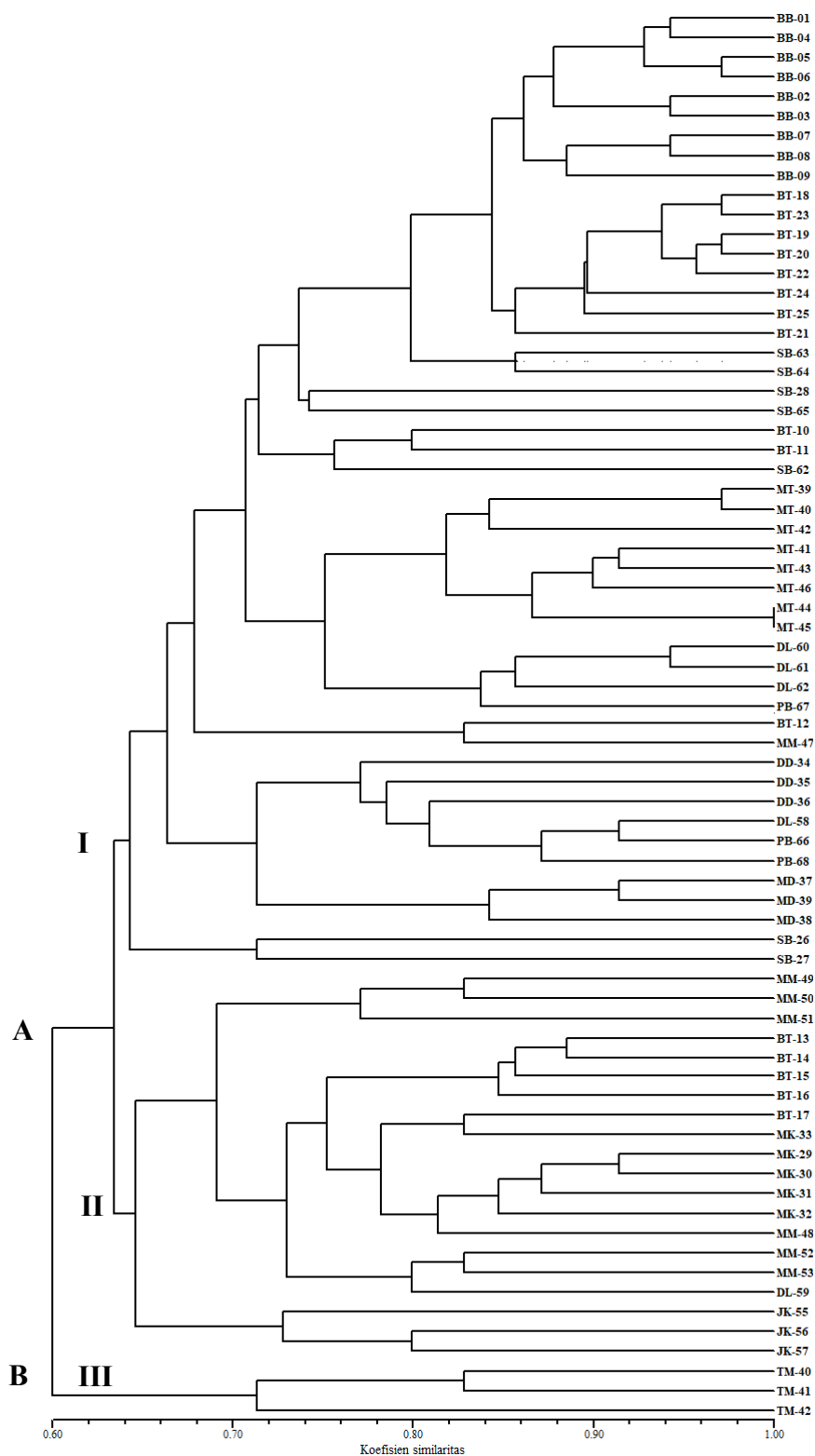
Kelompok A mencakup aksesi yang berasal dari berbagai lokasi pengambilan sampel. Aksesi-aksesi ini menunjukkan perbedaan karakter morfologis, seperti lingkaran batang, panjang daun, serta ukuran bunga dan buah. Pengelompokan yang demikian dimungkinkan karena lokasi-lokasi asal aksesi tersebut memiliki kemiripan dalam hal kondisi mikrohabitat, seperti kelembapan, suhu, intensitas cahaya, kelembapan tanah, dan pH tanah. Kesamaan lingkungan tempat tumbuh dapat memicu kemiripan secara genetik. Menurut Ni *et al.* (2018), tumbuhan dapat mengalami perubahan alel sebagai bentuk adaptasi terhadap kondisi lingkungan. Oleh karena itu, aksesi dari lokasi

berbeda dapat tergabung dalam satu kelompok apabila memiliki kemiripan alel yang tinggi. Di sisi lain, fragmentasi habitat akibat pembukaan atau perluasan lahan bisa menurunkan keragaman genetik dengan mengurangi ukuran populasi dan memperkecil peluang terjadinya pertukaran alel antar individu dalam populasi (Gunawan 2020). Fragmentasi tersebut dapat mengurangi aliran gen dan keanekaragaman genetik, yang pada akhirnya meningkatkan risiko kawin sekerabat dan penurunan kebugaran populasi (Browne dan Karubian 2018).

Kelompok B terdiri atas aksesori nibung yang berasal dari Kabupaten Siak dan menunjukkan pola yang terpisah dari aksesori lainnya. Perbedaan ini kemungkinan berkaitan dengan asal geografis yang berbeda. Kabupaten Siak terletak di daratan utama Pulau Sumatra, sementara aksesori dari Kabupaten Bengkalis dan Kabupaten Kepulauan Meranti berasal dari wilayah kepulauan. Selain itu, aksesori dari Kabupaten Siak dikumpulkan dari daerah aliran sungai Siak, sedangkan aksesori dari Kabupaten Bengkalis dan Kepulauan Meranti berasal dari lingkungan pesisir. Perbedaan geografis antara wilayah daratan utama dan kepulauan telah diketahui dapat menyebabkan perbedaan genetik. Ukuran pulau yang relatif kecil serta keterpencilannya dari daratan utama diyakini memainkan peran penting dalam proses evolusi yang berbeda dibandingkan dengan di daratan (James *et al.* 2016). Perbedaan kondisi lingkungan antara wilayah kepulauan dan daratan utama sering mendorong munculnya evolusi adaptif atau bahkan spesiasi pada populasi pulau (Gillespie 2004). Variasi lingkungan yang tinggi, seperti suhu dan curah hujan, juga dianggap sebagai faktor utama pendorong terjadinya seleksi divergen di pulau-pulau (Juan *et al.* 2000; Weigelt *et al.* 2013).

Kelompok I mencakup aksesori-aksesori yang berasal dari berbagai populasi, yaitu sembilan aksesori dari Bantan Air (BA), sebelas aksesori dari Bantan Tengah (BT), tujuh aksesori dari Selat Baru (SB), delapan aksesori dari Muntai (MT), empat aksesori dari Deluk (DL), tiga aksesori dari Pambang (PB), satu aksesori dari Melimau (MM), tiga aksesori dari Dedap (DD), dan tiga aksesori dari Mekar Delima (MD). Secara geografis, aksesori-aksesori dalam kelompok ini berasal dari dua kabupaten yakni Kabupaten Bengkalis dan Kabupaten Kepulauan Meranti. Keduanya merupakan wilayah kepulauan di pesisir Provinsi Riau. Terbentuknya kelompok ini dapat dijelaskan oleh tingginya variasi genetik dalam masing-masing populasi, yang memungkinkan aksesori dari lokasi berbeda dapat tergabung ke dalam kelompok yang sama apabila memiliki kemiripan genetik yang tinggi (Erwina 2021). Selain itu, kemunculan pengelompokan lintas populasi ini juga mungkin dipengaruhi oleh kemiripan kondisi habitat atau lingkungan antar lokasi. Kesamaan faktor lingkungan dapat berkontribusi terhadap keseragaman karakter genetik antar populasi dari lokasi yang berbeda (Wang 2020).

- Hak Cipta Dilindungi Undang-undang
1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
 2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.



Gambar 22 Dendrogram 72 aksesi nibung dengan metode UPGMA berdasarkan 37 pita ISSR. BB = Bantan Air, BT = Bantan Tengah, SB = Selat Baru, JK = Jangkang, DL = Deluk, PB = Pambang, MT= Muntai, MK = Makeruh, NG = Melimau, TM = Temusai, DD = Dedap, MD = Mekar Delima.

Kelompok II terdiri atas enam aksesori dari populasi Melimau (MM), lima aksesori dari Bantan Tengah (BT), lima aksesori dari Makeruh (MK), satu aksesori dari Deluk (DL), tiga aksesori dari Jangkang (JK). Seluruh aksesori dalam kelompok I merupakan aksesori yang berasal dari Kabupaten Bengkalis. Kelompok III terdiri atas tiga aksesori dari populasi Temusai (Kabupaten Siak). Aksesori MT-44 dan MT-45 yang berasal dari wilayah Muntai (Kabupaten Bengkalis) menunjukkan nilai keserupaan tertinggi, yaitu sebesar 100%. Tingginya nilai koefisien kemiripan ini mengindikasikan bahwa kedua aksesori memiliki tingkat kesamaan alel yang sangat tinggi, sehingga mengelompok dalam satu klaster. Kesamaan genetik yang tinggi antaraksesori dalam satu populasi umumnya mencerminkan kesamaan kondisi lingkungan tempat tumbuhnya. Dalam hal ini, kemungkinan besar pengelompokan tersebut dipengaruhi oleh keseragaman faktor-faktor mikrohabitat seperti suhu udara, kelembapan, intensitas cahaya, kelembapan tanah, serta pH tanah, karena kedua aksesori berasal dari lokasi yang sama.

4.6.3 Keanekaragaman Genetik Populasi dan Struktur Populasi Nibung

Keragaman genetik merupakan komponen penting dalam mempertahankan daya lenting dan adaptabilitas suatu spesies terhadap tekanan lingkungan, baik yang bersifat alami maupun antropogenik. Analisis keanekaragaman genetik dari 72 aksesori nibung dihitung berdasarkan nilai jumlah alel berbeda (N_a), jumlah alel efektif (N_e), indeks informasi Shannon (I), dan keragaman genetik Nei (h). Parameter keragaman genetik bervariasi di antara 12 populasi nibung yang diteliti (Tabel 5).

Nilai jumlah alel berbeda yang diamati berkisar 0,89 hingga 1,36 dengan rata-rata 1,11, sedangkan nilai jumlah alel efektif berkisar 1,13 hingga 1,35 dengan rata-rata 1,23. Indeks informasi Shannon (I) berkisar dari 0,12 hingga 0,30 (rata-rata 0,19), dan nilai keragaman genetik menurut Nei (h) berada pada kisaran 0,08 hingga 0,20 dengan nilai rata-rata 0,13. Menurut Zhao *et al.* (2015), Indeks informasi Shannon dan nilai keragaman genetik menurut Nei merupakan indikator penting dalam mengukur tingkat variasi genetik, nilai yang tinggi mencerminkan tingkat keragaman yang besar. Indeks informasi Shannon memiliki rentang nilai antara 0 hingga 1, nilai yang lebih tinggi mencerminkan tingkat keragaman genetik yang lebih besar dalam suatu populasi (Silva *et al.* 2015). Berdasarkan kisaran nilai tersebut, keragaman genetik nibung di wilayah pesisir Riau tergolong rendah.

Rendahnya nilai keragaman genetik ini dapat disebabkan oleh beberapa faktor. Pertama, jumlah aksesori yang dikoleksi dari suatu lokasi yang terbatas dapat mengurangi representasi variasi alel. Kedua, kondisi lingkungan tempat aksesori dikoleksi juga memengaruhi distribusi dan frekuensi alel dalam populasi (Yang *et al.* 2016). Lingkungan yang homogen, tekanan seleksi, atau gangguan ekosistem seperti kebakaran dan fragmentasi habitat dapat mengurangi keberagaman genetik melalui eliminasi alel minor atau peningkatan homozigositas (Ghosh *et al.* 2011; Pratami *et al.* 2020). Sebaliknya, tingginya keanekaragaman genetik dapat muncul akibat terjadinya persilangan antar populasi, yang difasilitasi oleh peran penyerbuk dan herbivora sebagai agen penyebaran benih, serta oleh angin yang membantu perpindahan gen melalui distribusi serbuk sari (Siswadi *et al.* 2021).

Informasi mengenai keragaman genetik meskipun mempunyai nilai rendah, namun tetap krusial untuk perencanaan konservasi jangka panjang dan pengelolaan sumber daya genetik nibung. Pengetahuan tentang nilai I dan h dari masing-masing populasi dapat digunakan dalam merancang program pemuliaan tumbuhan, terutama untuk mempertahankan alel yang berpotensi adaptif terhadap perubahan lingkungan (Kumar dan Agrawal 2017). Informasi mengenai pola keragaman genetik memiliki peran krusial dalam merancang strategi konservasi, pengelolaan, serta pemanfaatan sumber daya tumbuhan secara berkelanjutan (Liu *et al.* 2019; Yun *et al.* 2020).

Selain itu, tingkat polimorfisme genetik juga dinilai menggunakan persentase pita polimorfik. Dalam penelitian ini, persentase pita polimorfik berkisar antara 22.64% hingga 52.83%, dengan rata-rata sebesar 34.28%. Populasi dari Selat Baru menunjukkan tingkat polimorfisme tertinggi, yaitu 52,83%. Nilai ini menunjukkan bahwa penanda ISSR yang digunakan cukup efektif dan informatif dalam mendeteksi variasi genetik nibung. Menurut Ma *et al.* (2021) dan Riastiwi *et al.* (2022), semakin tinggi persentase pita polimorfik, semakin baik penanda tersebut dalam mengungkap keragaman genetik baik antar individu maupun antar populasi. Pita polimorfik yang tinggi menunjukkan adanya diferensiasi genetik yang signifikan, yang dapat dimanfaatkan dalam pemilihan bahan tanam unggul, program domestikasi, atau sebagai dasar dalam pengembangan strategi konservasi berbasis genotipe (Kuwi *et al.* 2018; Abdelaziz *et al.* 2020). Dalam konteks konservasi, keberadaan populasi dengan polimorfisme tinggi menjadi prioritas untuk dijaga karena berperan sebagai reservoir keragaman genetik alami.

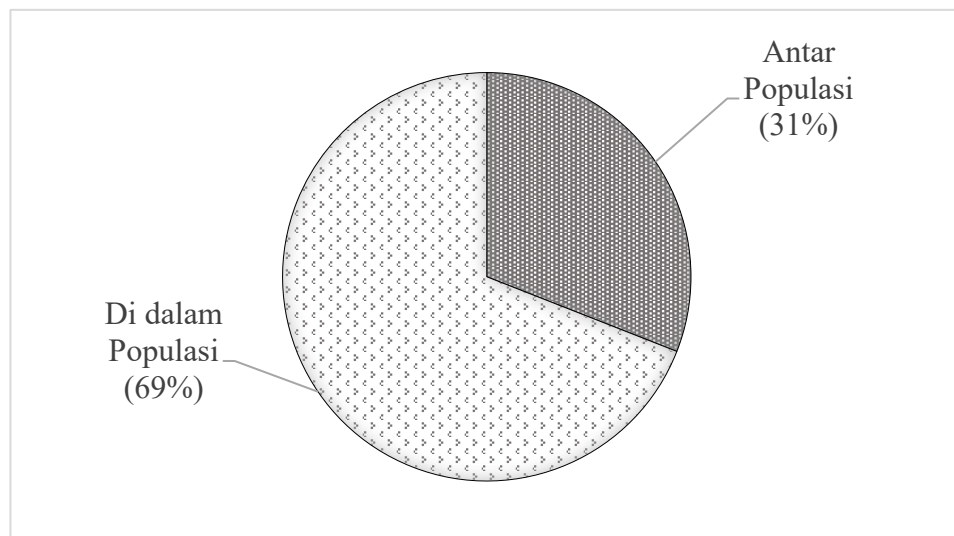
Tabel 5 Keanekaragaman genetik 12 populasi nibung di Pesisir Provinsi Riau

No.	Populasi	N	Na	Ne	I	h	PPP (%)
1	Bantan Air	9	1,32	1,24	0,23	0,15	47,17
2	Bantan Tengah	16	1,36	1,23	0,23	0,15	50,94
3	Selat Baru	7	1,36	1,35	0,30	0,20	52,83
4	Makeruh	5	0,94	1,13	0,12	0,08	22,64
5	Dedap	3	0,94	1,18	0,14	0,10	22,64
6	Mekar Delima	3	1,09	1,26	0,20	0,14	32,08
7	Temusai	3	0,91	1,20	0,16	0,11	24,53
8	Muntai	8	0,89	1,15	0,13	0,09	22,64
9	Melimau	7	1,32	1,30	0,27	0,18	49,06
10	Jangkang	3	1,23	1,29	0,23	0,16	35,85
11	Deluk	5	1,00	1,18	0,15	0,10	24,53
12	Pambang	3	1,02	1,21	0,17	0,12	26,42
	Rata-rata	6	1,11	1,23	0,19	0,13	34,28

N= Jumlah sampel dalam populasi, Na= jumlah alel yang diamati, Ne= jumlah alel efektif, I= indeks informasi Shannon, h= keragaman genetik Nei, PPP= persentase pita polimorfik

4.6.4 Analisis AMOVA dan Jarak Genetik

Analisis varians molekuler (AMOVA) menunjukkan bahwa sebagian besar variasi genetik pada nibung di Pesisir Provinsi Riau terdapat di dalam populasi (69%) dibandingkan dengan antar populasi (31%) (Gambar 23). Menurut Monfared *et al.* (2018), faktor-faktor seperti mutasi, pergeseran genetik, aliran gen, dan kondisi lingkungan turut berkontribusi terhadap keragaman genetik internal. Keragaman genetik dalam populasi nibung menunjukkan bahwa variasi nibung lebih banyak dipengaruhi oleh variasi di dalam populasi. Hal ini terjadi karena *Oncosperma* merupakan tumbuhan protandri, di mana stamen matang terlebih dahulu sebelum putik (Dransfield *et al.* 2008). Perbedaan waktu matang antara stamen dan putik menyebabkan *Oncosperma* mengalami penyerbukan silang. Penyerbukan silang mengakibatkan terjadi aliran gen antar individu yang berbeda (Luo *et al.* 2011). Selain itu, persebaran tumbuhan yang luas, populasi yang besar dan saling berdekatan dapat meningkatkan variasi dalam suatu populasi karena kondisi tersebut mendukung terjadinya aliran gen antar individu (Ratnaningrum *et al.* 2017). Informasi mengenai proporsi variasi genetik dalam dan antar populasi penting sebagai dasar penyusunan strategi konservasi genetik yang efektif. Berdasarkan hasil AMOVA, upaya konservasi *in situ* dan *ex situ* direkomendasikan untuk melindungi keberlanjutan sumber daya genetik nibung (Tiwari 2016).



Gambar 23 Persentase variasi molekuler di dalam dan antar populasi nibung

Jarak genetik merupakan ukuran penting dalam analisis keragaman genetik karena memberikan gambaran tingkat kesamaan atau perbedaan genetik antar populasi (Gunawan 2019). Berdasarkan matriks jarak genetik pada Tabel 6, nilai jarak genetik tertinggi ditemukan antara populasi Mekar Delima (MD) dan Makeruh (MK) dengan nilai 0,29. Nilai ini menunjukkan bahwa kedua populasi tersebut memiliki perbedaan genetik yang cukup besar. Perbedaan

jarak genetik yang tinggi antara kedua populasi kemungkinan besar disebabkan oleh isolasi geografis.

Berdasarkan hasil observasi lapangan, kedua populasi berada di pulau yang berbeda, sehingga menyebabkan terhambatnya aliran gen di antara populasi tersebut. Isolasi geografis ini dapat membatasi pertukaran materi genetik dan dalam jangka panjang, menyebabkan diferensiasi genetik. Selain itu, perbedaan kondisi habitat di masing-masing pulau dapat menimbulkan tekanan seleksi lingkungan yang berbeda, yang turut memperkuat perbedaan genetik antar populasi. Temuan ini sejalan dengan studi Yoichi *et al.* (2021) pada populasi *Rhododendron tsusiophyllum* di Kepulauan Izu dan daratan Honshu, yang menunjukkan bahwa isolasi geografis dan variasi iklim secara signifikan membatasi aliran gen dan meningkatkan jarak genetik antar populasi.

Tabel 6 Matriks jarak genetik antar populasi aksesori nibung

Pop	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
1	0,00											
2	0,06	0,00										
3	0,06	0,07	0,00									
4	0,21	0,12	0,13	0,00								
5	0,16	0,11	0,13	0,17	0,00							
6	0,19	0,17	0,16	0,29	0,11	0,00						
7	0,13	0,17	0,12	0,25	0,17	0,17	0,00					
8	0,12	0,09	0,10	0,17	0,13	0,18	0,21	0,00				
9	0,16	0,10	0,12	0,06	0,15	0,18	0,19	0,09	0,00			
10	0,16	0,11	0,12	0,13	0,13	0,19	0,22	0,18	0,10	0,00		
11	0,19	0,11	0,11	0,18	0,12	0,15	0,21	0,11	0,12	0,14	0,00	
12	0,19	0,11	0,11	0,16	0,09	0,14	0,23	0,13	0,12	0,13	0,05	0,00

1= Bantan Air, 2= Bantan Tengah, 3=Selat Baru, 4= Makeruh, 5= Dedap, 6= Mekar Delima, 7= Temusai, 8= Muntai, 9= Melimau, 10=Jangkang, 11=Deluk, 12=Pambang

Nilai jarak genetik terendah terdapat antara populasi Pambang (PB) dan Deluk (DL), dengan nilai 0,05. Nilai ini mencerminkan tingkat kemiripan genetik yang sangat tinggi antara kedua populasi. Hal ini mungkin disebabkan oleh jarak geografis yang berdekatan atau masih berada dalam satu kawasan ekosistem yang sama. Kesamaan kondisi lingkungan atau faktor geo-klimatik dapat menghambat proses adaptasi pada tumbuhan, sehingga tidak terjadi perubahan genetik yang signifikan. Akibatnya, meskipun aksesinya berasal dari lokasi yang berbeda, nilai indeks kemiripannya tetap tinggi (Ni *et al.* 2018; Gunawan *et al.* 2019). Tingginya kemiripan genetik ini juga dapat mengindikasikan adanya aliran gen yang aktif, baik melalui penyerbukan oleh angin atau hewan, maupun melalui perpindahan benih secara alami atau oleh manusia. Ratnam (2009) juga menyatakan bahwa seleksi alam dan reproduksi seksual yang berlangsung dalam habitat yang serupa akan menghasilkan individu-individu dengan genotipe dan fenotipe yang relatif homogen dalam satu populasi.

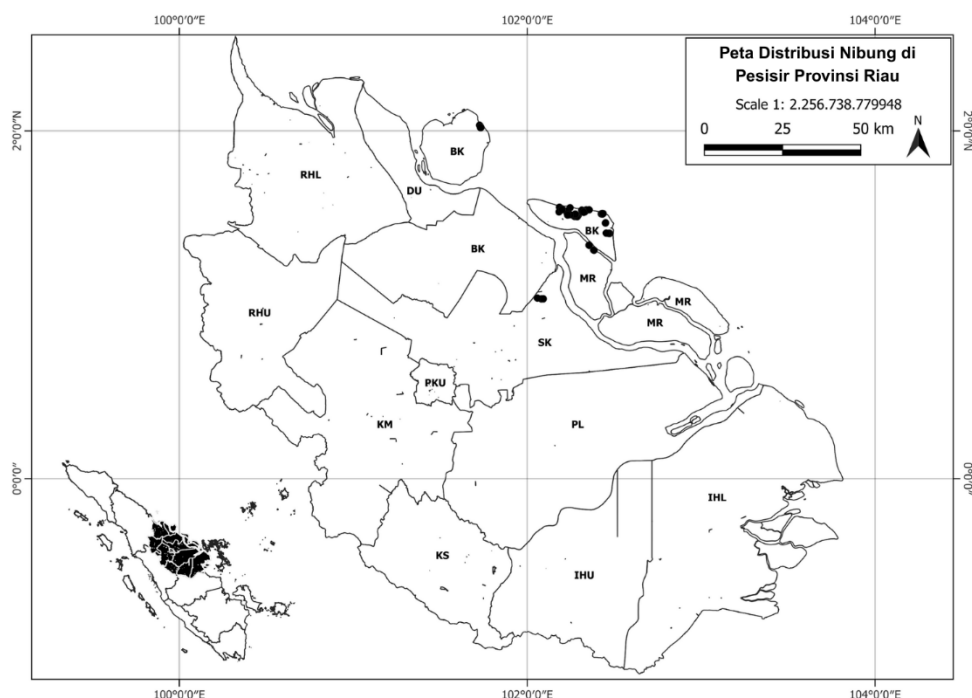
Hak Cipta Dilindungi Undang-undang
1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.

2. Dilarang mengumunkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.

4.7 Model Kesesuaian Habitat Nibung di Pesisir Provinsi Riau

4.7.1 Persebaran dan Faktor Lingkungan Nibung di Pesisir Provinsi Riau

Berdasarkan peta persebaran nibung di wilayah pesisir Provinsi Riau, diketahui bahwa populasi spesies ini paling banyak ditemukan di Kabupaten Bengkalis. Sementara itu, keberadaan nibung di Kabupaten Kepulauan Meranti dan Kabupaten Siak cenderung terbatas, hanya ditemukan di beberapa titik dengan jumlah yang relatif sedikit (Gambar 24). Menurut Gunawan *et al.* (2018), penyebab utama berkurangnya sebaran tumbuhan di suatu wilayah adalah perubahan penggunaan lahan, terutama alih fungsi kawasan hutan menjadi lahan perkebunan. Konversi ini menyebabkan hilangnya habitat alami bagi spesies tertentu, termasuk nibung. Selain itu, kerusakan lingkungan seperti kebakaran lahan turut memperburuk kondisi, karena tidak hanya menghancurkan vegetasi tetapi juga menghambat regenerasi alami tumbuhan.



Gambar 24 Persebaran nibung di Pesisir Provinsi Riau. BK (Bengkalis), DU (Dumai), MR (Meranti), SK (Siak), PL (Pelalawan), KS (Kuantan Singingi) IHL (Indragiri Hilir), IHU (Indragiri Hulu), RHL (Rokan Hilir), RHU (Rokan Hulu), KM (Kampar), PKU (Pekanbaru).

Distribusi nibung di Pesisir Provinsi Riau juga dipengaruhi oleh beberapa variabel lingkungan (Tabel 7). Hasil penelitian menunjukkan bahwa spesies ini sebagian besar ditemukan pada elevasi rendah, yakni antara 4,5 hingga 87 m dpl. Hal ini sejalan dengan karakteristik ekologis nibung yang secara alami tumbuh di daerah pesisir, rawa, dan lahan basah dengan ketinggian rendah. Ketinggian merupakan salah satu variabel yang mendorong perkembangan tumbuhan (Negari *et al.* 2023).

Derajat keasaman tanah juga memainkan peran penting dalam menentukan sebaran nibung. Tumbuhan ini cenderung tumbuh pada tanah

dengan kisaran pH antara 4,5 hingga 7,0. Hal ini menunjukkan kemampuan spesies ini untuk beradaptasi pada lingkungan yang relatif asam, yang merupakan karakter khas ekosistem pesisir Riau. Pitopang *et al.* (2024) menyebutkan, eksistensi suatu tumbuhan di berbagai wilayah sangat dipengaruhi oleh faktor lingkungannya, antara lain suhu, kelembapan tanah, intensitas cahaya dan pH tanah. pH tanah memiliki korelasi terhadap kandungan nutrisi dalam tanah (Penn dan Camberato 2019; Mukremin *et al.* 2021).

Nibung ditemukan tumbuh pada berbagai jenis tanah, termasuk tanah liat, liat berpasir, dan tanah '*kilang manis*'. Tanah '*kilang manis*' merupakan jenis tanah gambut yang telah mengalami proses dekomposisi awal. Habitat '*kilang manis*' ditandai dengan kondisi lahan basah dan tergenang, memiliki tipe tanah peralihan dengan lapisan gambut pada kedalaman 0–2 m dan tanah liat pada kedalaman lebih dari 2 meter (Rahayu *et al.* 2013). Berdasarkan data Wetlands International Indonesia (WII), terdapat lima kategori kedalaman gambut, yaitu sangat dangkal, dangkal, sedang, dalam, dan tanah mineral. Selain itu, jenis gambut terdiri atas Hemik, Saprik, Fibrik, Mineral, dan gabungan keempat jenis tersebut (Fauziah *et al.* 2025).

Tabel 7 Kondisi lingkungan tiga wilayah penelitian di Pesisir Provinsi Riau

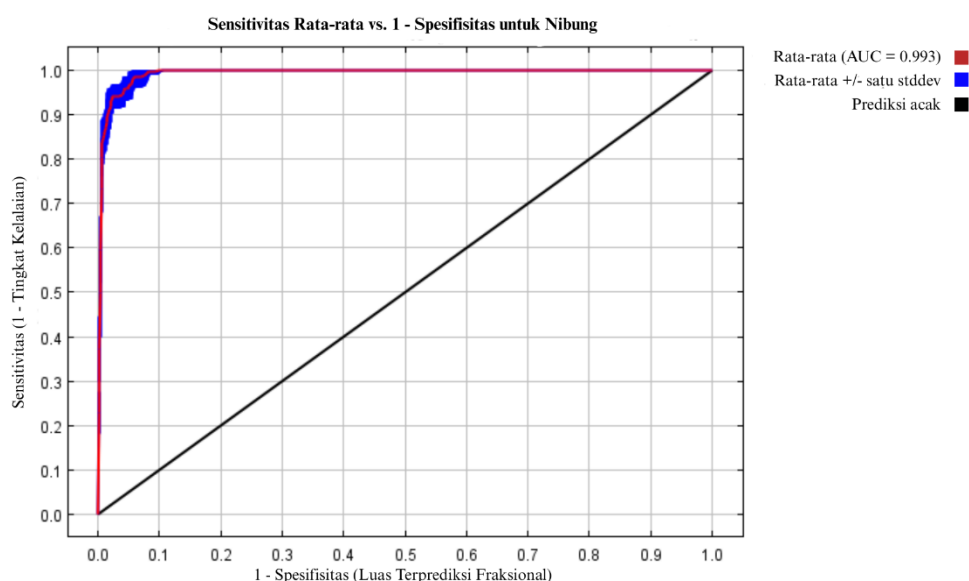
Variabel lingkungan	Lokasi		
	Bengkalis	Kepulauan Meranti	Siak
Suhu udara (°C)	29-41,7	32-37,8	34-36,7
Elevasi (m dpl)	4,7-87	7-13	5,5-8
Intensitas cahaya (lux)	63,9-18390	1960-19450	5850-13160
pH tanah	4,5-7,0	4,5-4,7	4,5-4,7
Tipe tanah	Liat-' <i>Kilang manis</i> '	Liat-Liat Berpasir	Liat
Kelembapan udara (%)	46,3-77,7	65,9-66,2	54,5-71,55

4.7.2 Penampilan Model

Model kesesuaian habitat untuk nibung di Pesisir Provinsi Riau memiliki nilai AUC sebesar 0,993 (Gambar 25). Model yang memiliki nilai AUC di bawah 0,5 menunjukkan model yang dihasilkan kurang baik, sedangkan model dengan nilai AUC mendekati 1 menunjukkan kinerja prediksi yang tinggi (Wang *et al.* 2020). Nilai AUC tertinggi mengindikasikan bahwa model tersebut memiliki performa terbaik (Pradhan dan Setyawan 2021). Dengan demikian, variabel yang dipilih memiliki korelasi yang sangat baik dengan distribusi nibung dan model yang dihasilkan dapat diaplikasikan untuk memprediksi area yang lingkungannya menyerupai habitat alaminya.

Variabel lingkungan merupakan faktor penting yang mempengaruhi regenerasi, pertumbuhan dan distribusi populasi tumbuhan (Zhang *et al.* 2018). Setiap variabel memiliki tingkat kontribusi yang berbeda dalam mengembangkan model kesesuaian habitat. Dari 22 variabel lingkungan yang digunakan dalam pemodelan awal, hanya empat variabel yang memiliki tingkat kontribusi di atas 6%, yaitu radiasi matahari bulan Maret, radiasi matahari bulan Desember, radiasi matahari bulan September dan curah hujan bulan terkering.

Mempertimbangkan pentingnya permutasi, radiasi matahari bulan Maret, radiasi matahari bulan Desember, radiasi matahari bulan September dan curah hujan bulan terkering juga memiliki nilai di atas 6%, sehingga variabel-variabel tersebut digunakan untuk membangun model kesesuaian habitat untuk nibung di Pesisir Provinsi Riau. Berdasarkan persentase kontribusi (Tabel 8), radiasi matahari bulan Maret memainkan peran utama dalam memprediksi kesesuaian habitat nibung dengan nilai kontribusi sebesar 66%. Zhou *et al.* (2022), mengungkapkan bahwa penyinaran matahari merupakan salah satu faktor yang menentukan pertumbuhan tumbuhan, dan faktor lain seperti hara dan sifat fisik kimia tanah.



Gambar 25 Hasil kurva AUC dalam model kesesuaian habitat nibung menggunakan MaxEnt

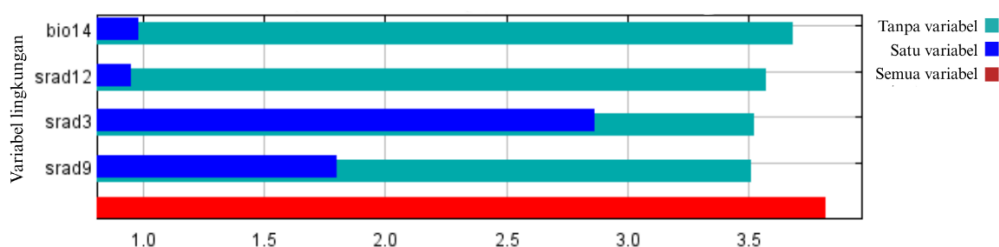
Uji Jackknife digunakan untuk menentukan variabel lingkungan yang memiliki pengaruh paling besar terhadap distribusi spesies dan dengan demikian berpotensi untuk digunakan sebagai prediktor distribusi spesies (Yang *et al.* 2013; Romadlon *et al.* 2021). Analisis terhadap kontribusi variabel lingkungan dalam model MaxEnt dan hasil *regularized training gain* disajikan pada Gambar 26. *Regularized training gain* merupakan teknik untuk mengevaluasi seberapa besar pengaruh setiap variabel lingkungan terhadap kinerja model. Pendekatan ini mempertimbangkan keterkaitan antar variabel dan melakukan standardisasi agar dampak masing-masing variabel dapat dibandingkan secara adil (Zhou *et al.* 2024).

Visualisasi hasil analisis Jackknife terhadap *regularized training gain* untuk nibung disajikan dalam bentuk diagram batang. Warna biru tua menunjukkan seberapa besar pengaruh masing-masing variabel jika digunakan secara tunggal dalam penyusunan model. Sementara itu, batang berwarna biru muda merepresentasikan dampak ketika variabel tertentu tidak dilibatkan dalam model. Batang berwarna merah mencerminkan evaluasi kinerja model secara

keseluruhan (AUC), yang mengindikasikan kontribusi gabungan seluruh variabel terhadap kemungkinan kemunculan nibung di lokasi penelitian.

Tabel 8 Persentase kontribusi dan kepentingan permutasi variabel lingkungan prediktor dalam model MaxEnt

Variabel	Persentase kontribusi (%)	Permutasi kepentingan (%)
Radiasi matahari bulan Maret	66	9,5
Radiasi matahari bulan Desember	13,3	11,3
Radiasi matahari bulan September	12,6	57,3
Curah hujan bulan terkering	8,1	21,9



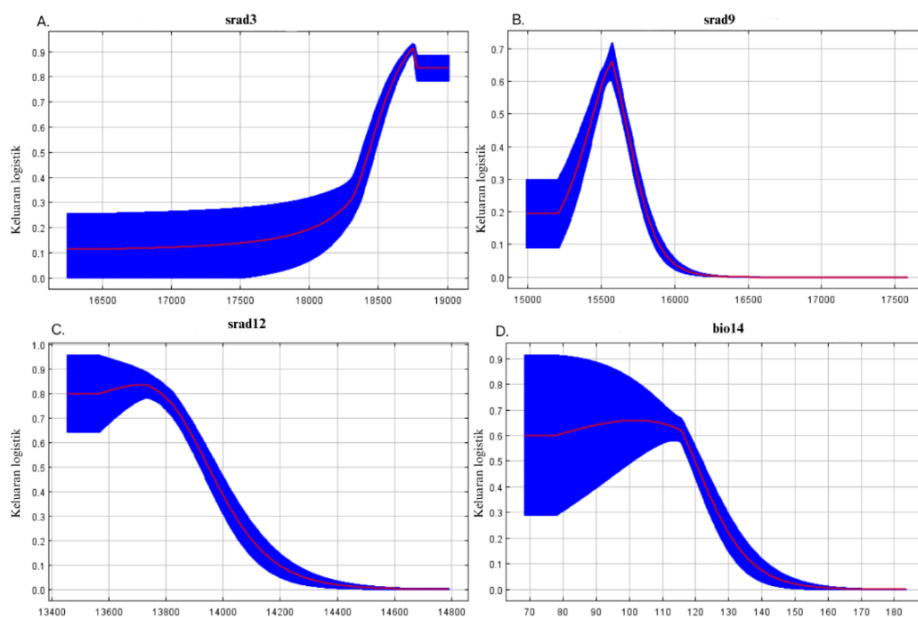
Gambar 26 Uji Jackknife yang menunjukkan pentingnya variabel untuk memprediksi habitat yang sesuai untuk nibung. srad3= radiasi matahari bulan Maret, srad12= radiasi matahari bulan Desember, srad9= radiasi matahari bulan September, dan bio14= hujan bulan terkering.

Performa model menunjukkan urutan terbaik pada skenario “Dengan semua variabel” > “Tanpa variabel” > “Hanya dengan satu variabel”. Hal ini menekankan bahwa model memiliki performa yang lebih tinggi ketika mempertimbangkan semua variabel lingkungan, yang menunjukkan pentingnya efek gabungan dari seluruh faktor lingkungan dalam memprediksi distribusi nibung secara akurat (Zhau *et al.* 2024). Ketika model hanya menggunakan satu variabel, variabel yang memberikan kontribusi paling besar terhadap peningkatan kinerja adalah srad3 (radiasi matahari bulan Maret). Variabel srad 3 (radiasi matahari bulan Maret) memiliki kontribusi yang besar dalam pembentukan model kesesuaian habitat nibung, sekaligus berperan dalam distribusi tumbuhan tersebut.

4.7.3 Respons Variabel Terhadap Kesesuaian Habitat Nibung

Kondisi iklim memainkan peran penting dalam menentukan potensi distribusi suatu spesies tumbuhan di habitat alaminya (Aguirre-Gutiérrez *et al.* 2015). Dalam studi ini, model MaxEnt menghasilkan kurva respons yang menggambarkan hubungan kuantitatif antara variabel lingkungan dan probabilitas logistik keberadaan nibung di wilayah pesisir Provinsi Riau (Gambar 27). Kurva respons tersebut mencerminkan tingkat kesesuaian habitat

berdasarkan pemahaman terhadap ceruk ekologi spesies (Yi *et al.* 2016; Ma dan Sun 2018). Kurva ini tidak hanya menunjukkan keterkaitan antara faktor lingkungan dan kemungkinan kemunculan spesies, tetapi juga menyediakan informasi penting mengenai kondisi lingkungan yang optimal bagi pertumbuhan dan kelangsungan hidup nibung (Esfanjani *et al.* 2018). Oleh karena itu, faktor-faktor lingkungan yang berkontribusi signifikan terhadap distribusi spesies perlu dipertimbangkan dalam upaya konservasi dan pengembangan habitat nibung secara berkelanjutan.



Gambar 27 Kurva respons dari empat variabel iklim utama yang digunakan dalam model kesesuaian habitat nibung di Pesisir Provinsi Riau menggunakan MaxEnt. (A) srad3 (radiasi matahari bulan Maret), (B) srad9 (radiasi matahari bulan September), (C) srad12 (radiasi matahari bulan Desember), (D) bio14 (curah hujan bulan terkering).

Memahami faktor lingkungan dari suatu spesies adalah penting sebagai dasar strategi konservasi dan rencana budidaya, serta pemanfaatan tumbuhan di daerah potensial di masa depan. Hasil kurva respon kesesuaian habitat nibung menunjukkan bahwa spesies ini memiliki toleransi yang spesifik terhadap tingkat radiasi matahari, yang bervariasi sepanjang tahun. Nilai radiasi matahari optimal untuk mendukung keberadaan nibung tercatat berada pada kisaran 18.000-19.000 $\text{kJ/m}^2/\text{hari}$ dengan puncak 18.800 $\text{kJ/m}^2/\text{hari}$ di bulan Maret (Gambar 27A), 15.300-16.000 $\text{kJ/m}^2/\text{hari}$ dengan puncak 15.600 $\text{kJ/m}^2/\text{hari}$ di bulan September (27B), dan 13.600-14.200 $\text{kJ/m}^2/\text{hari}$ dengan puncak 13.700 $\text{kJ/m}^2/\text{hari}$ di bulan Desember (Gambar 27C). Hal ini mengindikasikan bahwa nibung cenderung berasosiasi dengan lokasi yang memiliki intensitas radiasi matahari sedang hingga tinggi. Radiasi matahari merupakan faktor yang mengontrol induksi dan inisiasi pembungaan pada beberapa jenis tumbuhan (Rezazadeh *et al.* 2018). Fakta di lapangan juga menunjukkan bahwa nibung akan berbunga jika mendapat sinar matahari yang cukup dan tidak berada di

bawah naungan tumbuhan di sekitarnya. Temuan ini didukung oleh Gurjar *et al.* (2017) yang menjelaskan bahwa radiasi matahari berperan sebagai sumber energi utama dalam proses fotosintesis, serta mendukung berbagai aspek pertumbuhan tumbuhan seperti perkembangan batang dan tunas, perkecambahan biji, pelebaran daun, proses pembungaan dan pembuahan, hingga fungsi fisiologis dan fenologis lainnya.

Perbedaan nilai optimal antar bulan menunjukkan adanya adaptasi musiman terhadap variasi radiasi matahari tahunan di wilayah tropis. Pada bulan Maret, saat radiasi cenderung lebih tinggi karena posisi matahari relatif dekat dengan ekuator, nibung masih menunjukkan tingkat kesesuaian habitat yang tinggi. Sementara pada bulan September dan Desember, ketika radiasi matahari relatif menurun, tumbuhan ini tetap dapat berkembang dalam kisaran radiasi yang lebih rendah. Kecenderungan ini mendukung pemahaman bahwa nibung merupakan spesies pesisir yang mampu tumbuh baik di daerah terbuka dengan paparan sinar matahari yang cukup, namun tidak ekstrem. Karakter ini penting untuk dipertimbangkan dalam upaya restorasi dan budidaya, bahwa penyediaan pencahayaan alami yang sesuai menjadi salah satu faktor kunci dalam keberhasilan pertumbuhan tumbuhan. Gunawan *et al.* (2021) menyebutkan, radiasi matahari pada bulan-bulan berbeda juga terindikasi menjadi pembatas distribusi *Baccaurea angulata* yang diketahui banyak ditemukan tumbuh di daerah terbuka.

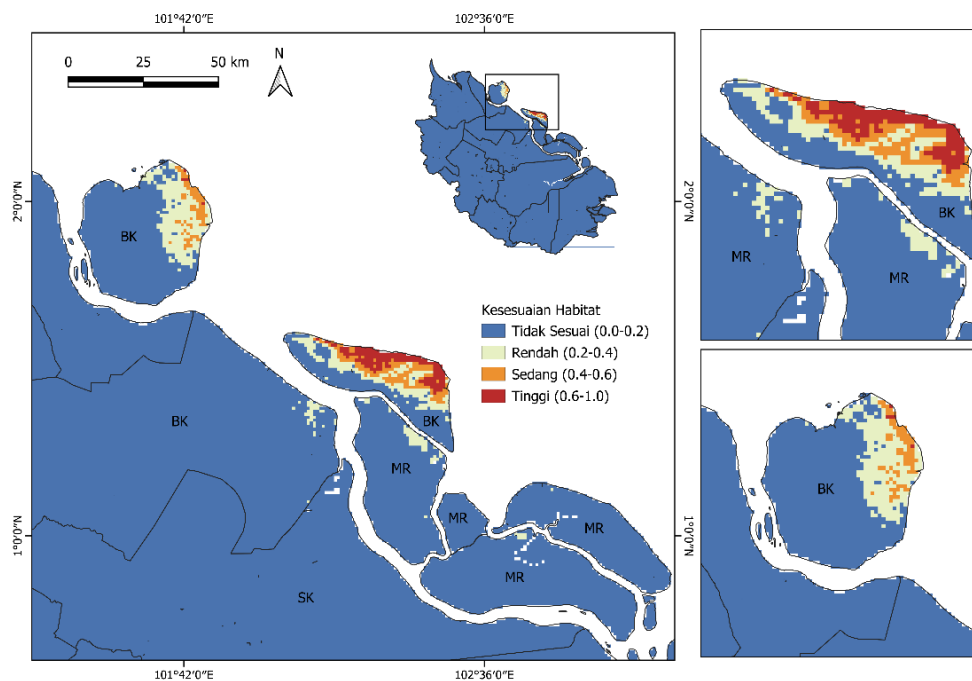
Selain radiasi matahari, variabel lingkungan lain yang berkontribusi signifikan terhadap model kesesuaian habitat nibung adalah curah hujan bulan terkering (bio14) (Gambar 27D). Berdasarkan kurva respons, kisaran curah hujan bulan terkering yang paling mendukung keberadaan nibung berada antara 80-140 mm dengan puncak 110 mm. Hal ini menunjukkan bahwa nibung cenderung tumbuh optimal di wilayah pesisir dengan tingkat kelembapan yang tetap relatif tinggi bahkan di bulan terkering. Tumbuhan ini tampaknya membutuhkan ketersediaan air minimum sepanjang tahun, mencerminkan adaptasinya terhadap lingkungan pesisir tropis yang tidak mengalami kekeringan ekstrem. Banyak spesies palma tropis memiliki batas toleransi terhadap kekeringan yang rendah, dan keberadaan air yang cukup sepanjang tahun menjadi faktor penting bagi distribusi mereka di hutan dataran rendah tropis (Slik *et al.* 2015). Faktor iklim terkait air, termasuk curah hujan, memiliki pengaruh signifikan terhadap distribusi dan keanekaragaman spesies palma (Eisherhardt *et al.* 2011). Lokasi-lokasi dengan pola curah hujan bulan terkering serupa berpotensi tinggi sebagai habitat yang sesuai untuk pengembangan populasi nibung secara berkelanjutan.

4.7.4 Peta Distribusi Potensi Saat Ini

Informasi mengenai keberadaan dan distribusi nibung di wilayah pesisir Provinsi Riau masih sangat terbatas. Penelitian ini menjadi studi pertama yang secara sistematis memodelkan distribusi geografis dan kesesuaian habitat nibung menggunakan algoritma MaxEnt. Aplikasi ini memperkirakan distribusi atau jangkauan geografis nibung dengan mencari distribusi yang memiliki entropi maksimum, artinya distribusi tersebut paling mendekati penyebaran yang merata secara geografis, namun tetap mempertimbangkan kendala yang berasal dari kondisi lingkungan di lokasi kemunculan spesies (Hosseini *et al.* 2024). Hasil pemodelan memvisualisasikan habitat potensial dalam empat

kategori tingkat kesesuaian, yaitu: tidak sesuai, kesesuaian rendah, kesesuaian sedang, dan kesesuaian tinggi (Wei *et al.* 2019).

Model prediksi MaxEnt menunjukkan bahwa area dengan tingkat kesesuaian habitat tinggi sebagian besar terkonsentrasi di pesisir Kabupaten Bengkalis. Wilayah ini diduga memiliki kondisi lingkungan paling mendekati ceruk ekologi nibung (Gambar 28), karena memiliki intensitas radiasi matahari yang sesuai dan kisaran curah hujan yang optimal untuk mendukung pertumbuhan spesies ini. Temuan dilapangan mendukung hasil analisis MaxEnt, tercatat keberadaan nibung banyak ditemukan di daerah tersebut selama eksplorasi.



Gambar 28 Prediksi habitat potensial nibung di Pesisir Provinsi Riau. BK (Bengkalis), DU (Dumai), MR (Meranti), SK (Siak).

Sementara itu, wilayah pesisir Kabupaten Kepulauan Meranti memperlihatkan dominasi kelas kesesuaian rendah dengan sebagian besar area tergolong tidak sesuai. Namun demikian, nibung ditemukan didaerah dengan kesesuaian rendah meskipun dalam jumlah yang sedikit. Keberadaan nibung di lokasi dengan kesesuaian rendah kemungkinan karna daya adaptasi yang tinggi terhadap faktor lingkungan atau rentang ekologi yang luas. Menariknya, di Kabupaten Siak, prediksi MaxEnt menunjukkan wilayah ini sebagai area yang tidak sesuai untuk habitat nibung. Namun, hasil survei lapangan menunjukkan bahwa tumbuhan ini masih dapat ditemukan di beberapa lokasi. Keberadaan nibung di wilayah ini kemungkinan hasil dari sisa populasi lama sebelum terjadi perubahan lingkungan yang signifikan. Berdasarkan informasi masyarakat setempat, pada awalnya banyak ditemukan nibung di Kabupaten Siak, namun seiring konversi lahan menjadi perkebunan kelapa sawit keberadaan nibung menjadi sedikit. Perubahan penggunaan lahan tidak mendukung kelangsungan

habitat nibung. Selain itu, aktivitas antropogenik juga turut andil dalam mempengaruhi distribusi spesies (Antúnez *et al.* 2018; Bouderbala *et al.* 2023) mengingat bahwa nibung merupakan salah satu komoditas yang dimanfaatkan secara ekonomis.

Selain faktor lingkungan, hasil studi menunjukkan bahwa faktor sosial dan budaya juga memengaruhi keberadaan dan kelestarian nibung di wilayah tertentu. Di Kabupaten Bengkalis, keberadaan nibung masih relatif tinggi. Hal ini tidak hanya disebabkan oleh kondisi lingkungan yang mendukung, tetapi juga karena nilai ekonomi dan budaya yang melekat pada tumbuhan ini di masyarakat lokal. Dalam praktiknya, masyarakat Bengkalis cenderung mempertahankan rumpun nibung meskipun terjadi pembukaan lahan. Bagi masyarakat Bengkalis, nibung mempunyai nilai ekonomi tersendiri. Batang nibung dihargai sebesar Rp 330.000/7 *depa*, dimana satu *depa* setara dengan 1,7 meter. Batang tersebut dimanfaatkan sebagai bahan bangunan, jembatan, tiang listrik, dan pancang untuk mengikat tali kapal.

Penebangan nibung di Kabupaten Bengkalis tidak dilakukan sembarangan. Penebangan hanya dilakukan bila terdapat tujuan penggunaan yang jelas. Sebaliknya, di wilayah di luar Kabupaten Bengkalis, nibung tidak memiliki nilai budaya dan ekonomi yang setara. Ketika lahan dikonversi menjadi perkebunan kelapa sawit, keberadaan nibung dianggap sebagai gangguan, dan rumpun nibung kerap dimusnahkan secara keseluruhan (Gambar 29). Aktivitas ini biasanya dilakukan dengan menebang rumpun nibung yang kemudian dilanjutkan dengan pembakaran untuk mencegah tunas nibung tumbuh. Perbedaan nilai dan perlakuan terhadap nibung ini menyoroti pentingnya pendekatan konservasi yang tidak hanya berbasis ekologi, tetapi juga memperhatikan aspek sosial dan persepsi masyarakat lokal terhadap spesies tersebut.



Gambar 29 Rumpun nibung yang dimusnahkan saat konversi lahan. (A) dibakar, (B) ditebang.

4.7.5 Ancaman Terhadap Keberadaan Nibung di Pesisir Provinsi Riau

Meskipun hasil pemodelan MaxEnt menunjukkan potensi distribusi habitat yang masih cukup luas, hasil survei lapangan mengungkapkan sejumlah permasalahan serius yang dapat mengancam keberlanjutan populasi nibung. Salah satu masalah utama adalah *over harvesting*, yaitu pemanfaatan nibung secara berlebihan tanpa adanya pengelolaan berkelanjutan. ‘Penibung’, sebutan bagi kelompok orang yang mencari nibung di alam, biasanya akan melakukan pemanenan di satu lokasi hingga habis dan kemudian berpindah ke lokasi lainnya. Karakter nibung di alam yang cenderung mengelompok memudahkan ‘penibung’ untuk melakukan eksploitasi. Permasalahan serupa dilaporkan Nurlia *et al.* (2013), pada awalnya masyarakat memanfaatkan nibung di daerah ekoton, namun karena ketersediaan nibung semakin terbatas membuat sebagian masyarakat mulai melakukan perambahan pada kawasan Taman Nasional Sembilang (TNS).

Laju konversi lahan yang tinggi menjadi faktor lain yang turut berkontribusi terhadap penyusutan habitat alami nibung. Pembukaan lahan untuk perkebunan, pembangunan infrastruktur, serta perluasan pemukiman di wilayah pesisir menyebabkan kerusakan dan fragmentasi habitat, yang pada akhirnya menghambat regenerasi alami tumbuhan ini. Di beberapa lokasi pesisir, nibung bahkan sudah tidak lagi ditemukan, padahal menurut catatan sejarah dan wawancara masyarakat, tumbuhan ini dahulu pernah tumbuh secara alami di kawasan tersebut.

Sebelum melakukan pemodelan habitat, survei awal telah dilakukan di beberapa wilayah pesisir Provinsi Riau untuk memperoleh informasi lapangan mengenai keberadaan nibung. Hasil survei menunjukkan bahwa di sejumlah lokasi, tumbuhan ini sudah tidak lagi dijumpai. Di Kabupaten Pelalawan, misalnya, masyarakat menyampaikan bahwa nibung kini sangat sulit ditemukan. Kondisi serupa juga dilaporkan terjadi di Kabupaten Rokan Hilir dan Indragiri Hilir, keberadaan nibung sudah tergolong langka. Dalam beberapa kasus, batang nibung hanya ditemukan sebagai tiang bangunan, namun tidak lagi ditemukan individu tumbuhan hidup di sekitarnya. Berdasarkan informasi masyarakat setempat, batang-batang tersebut kemungkinan besar didatangkan dari luar wilayah, khususnya dari Kabupaten Bengkalis.

Temuan ini mengindikasikan bahwa eksploitasi nibung telah terjadi dalam skala luas dan lintas wilayah. Tanpa adanya upaya konservasi atau budidaya yang terencana, tidak menutup kemungkinan bahwa populasi nibung di Kabupaten Bengkalis, akan mengalami tekanan yang sama dan mengalami penurunan drastis seperti di kabupaten lain. Meskipun saat ini masih cukup melimpah dan sesuai secara ekologis, namun eksploitasinya terus berlangsung. Oleh karena itu, pelestarian habitat alami dan pengembangan strategi budidaya sangat diperlukan untuk menjamin keberlanjutan pemanfaatan nibung sebagai sumber daya hayati khas pesisir yang bernilai ekonomi.



V SIMPULAN DAN SARAN

5.1 Simpulan

Nibung (*Oncosperma tigillarium*) yang berasal dari wilayah pesisir Provinsi Riau, yaitu Kabupaten Bengkalis, Kepulauan Meranti, dan Siak, menunjukkan pola morfologi yang relatif seragam pada sebagian besar individu. Variasi yang teramati bersifat terbatas dan terutama muncul pada karakter kuantitatif, seperti lingkaran batang, panjang daun, panjang pelepah, lebar pelepah, panjang dan lebar tangkai daun, panjang dan lebar anak daun, panjang dan lebar seludang bunga (luar dan dalam), panjang rakila, serta jumlah rakila. Karakter kualitatif yang membedakan antar aksesori meliputi warna kulit batang, bentuk duri, dan warna rakila pada fase perkembangan bunga dan buah. Berdasarkan analisis morfometrik, aksesori nibung di wilayah pesisir Riau dapat dikelompokkan ke dalam tiga kelompok utama, yang dibedakan terutama oleh variasi ukuran morfologi vegetatif dan generatif.

Pengelompokan berdasarkan primer ISSR dengan metode UPGMA membagi aksesori menjadi tiga kelompok yang cenderung mengelompok berdasarkan lokasi asal aksesori. Variasi genetik di dalam populasi lebih tinggi daripada antar populasi. Nilai indeks informasi Shannon dan indeks keragaman menunjukkan bahwa keanekaragaman genetik nibung di Pesisir Provinsi Riau berdasarkan ciri molekuler tergolong rendah. Meskipun demikian, informasi mengenai keragaman genetik ini tetap krusial untuk perencanaan konservasi jangka panjang dan pengelolaan sumber daya genetik nibung.

Hasil pemodelan MaxEnt menunjukkan bahwa habitat potensial nibung paling sesuai berada di wilayah pesisir Kabupaten Bengkalis. Faktor lingkungan yang mempengaruhi keberadaan nibung di Pesisir Provinsi Riau yaitu radiasi matahari dan curah hujan. Lokasi yang memiliki radiasi matahari 18.000-19.000 kJ/m²/hari bulan maret, 15.300-16.000 kJ/m²/hari di bulan September dan 13.600-14.200 kJ/m²/hari di bulan Desember, serta curah hujan berada antara 80-140 mm dapat digunakan sebagai lokasi budidaya dan konservasi *in situ* dan *ex situ* nibung.

5.2 Saran

Penelitian ini memberikan gambaran awal mengenai keanekaragaman genetik nibung (*O. tigillarium*) di wilayah pesisir Provinsi Riau, sehingga disarankan agar penelitian selanjutnya mencakup wilayah yang lebih luas guna memperoleh data yang lebih representatif. Selain itu, disarankan dilakukan perancangan (desain) primer ISSR spesifik untuk nibung guna memperoleh pola pita yang lebih informatif dan spesifik. Kajian terhadap karakter morfologi nibung perlu diperdalam, dengan metode yang lebih terstandar dan jumlah sampel yang lebih besar agar variasi fenotipik yang ada dapat dipetakan secara lebih akurat. Hasil dari penelitian ini dapat dijadikan sebagai pijakan awal dalam menyusun program konservasi nibung, khususnya di wilayah-wilayah yang memiliki kesesuaian habitat tinggi. Konservasi tersebut penting untuk menjaga keberlangsungan spesies nibung di tengah ancaman perubahan lingkungan dan aktivitas antropogenik.

DAFTAR PUSTAKA

- Abd-Dada H, Bouda S, Khachtib Y, Bella YA, Haddioui A. 2023. Use of ISSR markers to assess the genetic diversity of an endemic plant of Morocco (*Euphorbia resinifera* O. Berg). *J Genet Eng Biotechnol*. 21(91): 1-12. doi:10.1186/s43141-023-00543-4.
- Abdelaziz SM, Medraoui L, Alami M, Pakhrou O, Makkaoui M, Boukhary AOMS, Filali-Maltouf A. 2020. Inter simple sequence repeat markers to assess genetic diversity of the desert date (*Balanites aegyptiaca* Del.) for Sahelian ecosystem restoration. *Sci Rep*. 10(1):1–9. doi:10.1038/s41598-020-71835-9.
- Adivappar N, Amulya RN, Satish KM, Nagaraja NR. 2022. Genetic relationship and diversity analysis in Arecanut (*Areca catechu* L.) genotypes using molecular markers. *Agric Sci Dig*. 42(6): 688-695. doi: 10.18805/ag.D-5283.
- Aguirre-Gutiérrez J, Serna-Chavez HM, Villalobos-Arambula AR, Pérez de la Rosa JA, Raes N. 2015. Similiar but not equivalent: ecological niche comparison across closely-related mexican white pines. *Diver Distrib*. 21: 245–257. doi: 10.1111/ddi.12268.
- Ahmad FB, Ismail G. 2003. Medicinal plants used by Kadazandusun communities around Crocker Range. *ARBEC*. 1: 1–10. doi: <http://www.arbec.com.my/pdf/art1janmar03.pdf>.
- Aisyah BN, Syamsuardi S, Nurainas N. 2023. Morphological differentiation between nibung (*Oncosperma tigillarium* (Jack) Ridl), a mascot flora of Riau Province, and its closed related species, bayas (*Oncosperma horridum* (Griff) Scheffer). *World J Adv Res Rev*. 18(02): 621–626. doi: <https://doi.org/10.30574/wjarr.2023.18.2.0869>.
- Al-Ameri A, Al-Qurainy F, Gaafar A, Khan S, Nadeem M. 2016. Molecular identification of sex in *Phoenix dactylifera* using inter simple sequence repeat markers. *Biomed Res Int*. 2016: 1-5. doi: <https://doi.org/10.1155/2016/4530846>.
- Alapetite E, Baker WJ, Nadot S. 2014. Evolution of stamen number in Ptychospermatinae (Arecaceae): insights from a new molecular phylogeny of the subtribe. *Mol Phylogenet*. doi:<https://doi.org/10.1016/j.ympev.2014.02.026>.
- Alarmelu S, Hemaprabha G. 2023. Principal component and cluster analyses based on morphological characterization in sugarcane. *J Sugarcane Res*. 12(1):16–31. doi:10.37580/JSR.2022.1.12.16-31
- Alhasnawi AN, Mandal AM, Jasim HM. 2019. Using DNA finger printing to detect the genetic relationships in *Acacia* by inter-simple sequence repeat markers. *J Pure Appl Microbiol*. 13(1): 281–288. doi:10.22207/JPAM.13.1.30.
- Ali F, Nadeem MA, Habyarimana E, Yılmaz A, Nawaz MA, Khalil IH, Ercişli S, Chung G, Chaudhary HJ, Baloch FS. 2020. Molecular characterization of genetic diversity and similarity centers of safflower accessions with ISSR markers. *Braz J Bot*. doi:10.1007/s40415-019-00574-7.
- Al-Yasi HM, Al-Qthanin R. 2024. Comparing genetic differentiation and variation using ISSR and SCoT among Juniper plant markers in Saudi Arabia. *Front Plant Sci*. 15:1356917. doi: 10.3389/fpls.2024.1356917.

- Andayani D, Eddy N, Himmah R. 2018. Keanekaragaman palem di Pulau Mendanau, Belitung. *Ber Biologi*. 17(3): 225-239. doi:http://dx.doi.org/10.14203/beritabiologi.v17i3.3413.
- Antúnez P, Suárez-Mota ME, Valenzuela-Encinas C, Ruiz-Aquino F. 2018. The potential distribution of tree species in three periods of time under a climate change scenario. *Forests*. 9 (10): 628. doi: 10.3390/f9100628.
- Azrai M. 2005. Pemanfaatan markah molekuler dalam proses seleksi pemuliaan tumbuhan. *J AgroBiogen*. 1(1):26-37.
- Baba S, Chan HT, Aksornkoae S. 2013. *Useful Products from Mangroves and Other Coastal Plants*. ISME Mangrove Educational Book Series No. 3. Okinawa, Jepang: International Society for Mangrove Ecosystem (ISME); Yokohama, Jepang: International Tropical Timber Organization (ITTO).
- Babić M, Babić V, Prodanović S, Filipović M, Andjelković V. 2012. Comparison of morphological and molecular genetic distances of maize inbreds. *Genetika*. 44(1):119-128. doi:http://dx.doi.org/10.2298/GENSR1201119B.
- Baker WJ, Dransfield J. 2016. Beyond genera Palmarum: progress and prospects in palm systematics. *Bot J Linn Soc*. 182: 207–233. doi:http://dx.doi.org/10.1111/boj.12401.
- Belovsky GE, Schmitz OJ, Slade JB, Dawson TJ. 1991. Effects of spines and thorns on Australian arid zone herbivores of different body masses. *Oecologia*. 88:521–528. doi:10.1007/BF00317715.
- Booth T. 2018. Species distribution modelling tools and databases to assist managing forests under climate change. *For Ecol Manag*. 430: 196-203. doi: https:// doi.org/10.1016/j.foreco.2018.08.019.
- Booth TH, Nix HA, Busby JR, Hutchinson MF. 2014. Bioclim: the first species distribution modelling package, its early applications and relevance to most current MaxEnt studies. *Divers Distrib*. 20(1): 1–9. doi: https://doi.org/10.1111/ddi.12144.
- Bouderbala I, Labadie G, Be'land J-M, Tremblay JA, Boulanger Y, He'bert C, Desrosiers P, Allard A, Fortin D. 2023. Long-term effect of forest harvesting on boreal species assemblages under climate change. *PLOS Clim*. 2(3): e0000179. doi: 10.1371/ journal.pclm.0000179.
- Browne L, Karubian J. 2018. Habitat loss and fragmentation reduce effective gene flow by disrupting seed dispersal in a neotropical palm. *Mol Ecol*. 27:3055-3069.
- Cao B, Bai C, Zhang M, Lu Y, Gao P, Yang J. 2022. Future landscape of renewable fuel resources: Current and future conservation and utilization of main biofuel crops in China. *Sci Total Environ*. 806(150946). doi: https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2021.150946.
- Castañeda-Álvarez NP, Khoury CK, Achicanoy HA, Bernau V, Dempewolf H, Eastwood RJ, Guarino L, Harker RH, Jarvis A, Maxted N. 2016. Global conservation priorities for crop wild relatives. *Nat Plants*. 2(4): 1-6. doi:10.1038/NPLANTS.2016.22.
- Chen J, Yin Y, Yu W, Tao W, Huang Y, Zhu B. 2024. Current and future distribution of *Camellia sinensis* in China estimated by MaxEnt. *Hort Sci*. 59(2): 179–187.
- Dai X, Wu W, Ji L, Tian S, Yang B, Guan B, Wu D. 2022. MaxEnt model-based prediction of potential distributions of *Parnassia wightiana* (Celastraceae) in

- China. *Biodivers Data J.* 10(81073). doi: <https://doi.org/10.3897/bdj.10.e81073>.
- Dar AA, Mahajan R, Sharma S. 2019. Molecular markers for characterization and conservation of plant genetic resources. *Indian J Agric Sci.* 89(11): 1755–1763. doi: <http://dx.doi.org/10.56093/ijas.v89i11.95286>.
- Desti D, Fitmawati F, Yulis PAR, Isda MN. 2019a. Characterization of the ethnobotany of Riau Province mascot flora (*Oncosperma tigillarum* (Jack) Ridl.). *ICoSET 2019 - The Second International Conference on Science, Engineering and Technology*. doi:10.5220/0009186202500253.
- Desti D, Fitmawati F, Yulis PAR, Isda MN. 2019b. Local wisdom of Riau mascot flora (*Oncosperma tigillarum* (Jack) Ridl.) in Baganbatu, Bengkalis District Riau Indonesia. *Adv eng res.* 190: 92-95. doi: <http://dx.doi.org/10.2991/iccelst-st-19.2019.18>.
- Desti D, Mastuti R, Azrianingsih R, Arumingtyas EL. 2024. Local uses and traditional knowledge of nibung (*Oncosperma tigillarum*) in Riau Province, Indonesia. *Biodiversitas.* 25(5): 2043-2050. doi: 10.13057/biodiv/d250522.
- Desti D, Mellisa M. 2017. Profil morfologi tumbuhan nibung (*Oncosperma tigillarum*) dan pengembangannya untuk bahan ajar. *J Bioterdidik* 5(7).
- Dransfield J, Uhl NW, Asmussen CB, Baker WJ, Harley MM, Lewis CE. 2008. *Genera Palmarum: The Evolution and Classification of Palms*. Kew: Kew Publishing.
- Dransfield J, Uhl NW, Asmussen-Lange CB, Baker WJ, Harley MM, Lewis CE. 2008. *Genera Palmarum: The Evolution and Classification of Palms*. 2nd Edition. Kew: Kew Publishing.
- Eisherhardt WL, Svenning JC, Kissling WD, Balsley H. 2011. Geographical ecology of the palms (Arecaceae): determinants of diversity and distributions across spatial scales. *Ann Bot.* 108: 1391–1416. doi:10.1093/aob/mcr146.
- Ekinci alp A, Erdinc C, Turan S, Cakmakci O, Nadeem MA, Baloch FS, Sensoy S. 2019. Genetic characterization of *Rheum ribes* L. (wild rhubarb) genotypes in Lake Van Basin of Turkey through ISSR and SSR markers. *Int J Agric Biol.* 21(4): 795–802. doi:10.17957/IJAB/15.0958.
- Elith J, Graham CH, Anderson RP, Dudík M, Ferrier S, Guisan A, Hijmans RH, Huettmann F, Leathwick JR, Lehmann A, *et al.* 2006. Novel methods improve prediction of species' distributions from occurrence data. *Ecography.* 29(2): 129–151. doi: <https://doi.org/10.1111/j.2006.0906-7590.04596.x>.
- Elith J, Phillips SJ, Hastie T, Dudík M, Chee YE, Yates CJ. 2011. A statistical explanation of MaxEnt for ecologists. *Divers Distrib.* 17(1): 43–57. doi: <https://doi.org/10.1111/j.1472-4642.2010.00725.x>.
- Esfanjani J, Ghorbani A, Chahouki MAZ. 2018. Maxent modeling for predicting impacts of environmental factors on the potential distribution of *Artemisia aucheri* and *Artemisia sieberi* in Iran. *Ecol Inform.* 48: 68–74. doi: <https://doi.org/10.1016/j.ecoinf.2018.07.003>
- Fauziah, Hayati N, Prasetyo LB. 2025. Simulation of land use and land cover of peatland Bengkalis using QGIS. *Int J Inform Visualization.* 9(1): 57-64.
- Ferita I, Tawarati, Syarif Z. 2015. Identification and characterization of enau plant (*Arenga pinnata*) in Gayo Lues. Didalam: Prosiding Seminar Nasional Masyarakat Biodiversitas Indonesia. *Pros Sem Nas Masy Biodiv Indon* 1(1): 31–37. [Indonesian]. doi: <https://doi.org/10.13057/psnmbi/m010105>.

- Fernando AG, Sulaeman R, Darlis VV. 2020. Keawetan alami batang nibung (*Oncosperma tigillarium*) terhadap serangan rayap tanah (*Coptotermes curvignathus*). *J Ilmu Kehutanan*. 4(1): 1–9.
- Fick SE, Hijmans RJ. 2017. Worldclim 2: New 1-km spatial resolution climate surfaces for global land areas. *Int J Clim*. 37(12): 4302–4315. doi: 10.1002/joc.5086.
- Fitmawati F, Desti D, Juliantari E, Novela D dan Kapli H. 2022. Molecular phylogeny of nibung (*Oncosperma tigillarium* (Jack) Ridl.) inferred from *trnL-F Intergenic Spacer Sequences*. *SABRAO J Breed Genet*. 54 (1): 175-183. doi:http://doi.org/10.54910/sabrao2022.54.1.16.
- Fois M, Cuena LA, Fenu G, Bacchetta G. 2018. Using species distribution models at a local scale to guide poorly known species, review: methodological issues and future directions. *Ecol Model*. 385: 124-132. doi: 10.1016/j.ecolmodel.2018.07.018.
- Gooyontphanich K, Morcillo F, Joët T, Dussert F, Serret J, Collin M, Amblard P, Tangphatsornruang S, Roongsattham P, Jantasuriyarat C, Verdeil JL, Tranbarger TJ. 2021. Multi-scale comparative transcriptome analysis reveals key genes and metabolic reprogramming processes associated with oil palm fruit abscission. *BMC Plant Biol*. 21: 92. doi: 10.1186/s12870-021-02874-1.
- Ghareghan F, Ghanbarian G, Pourghasemi HR, Safaeian R. 2020. Prediction of habitat suitability of *Morina persica* L. species using artificial intelligence techniques. *Ecol Indic*. 112 (106096). doi: https://doi.org/10.1016/j.
- Ghosh T, Maity TK, Singh J. 2011. Evaluation of antitumor activity of stigmaterol, a constituent isolated from *Bacopa monnieri* Linn. aerial parts against Ehrlich Ascites Carcinoma in mice. *Orient Pharm Exp Med*. 11(1):41–49.
- Gillespie R. 2004. Community assembly through adaptive radiation in Hawaiian spiders. *Science*. 303:356–359.
- Gunawan, Chikmawati T, Sobir, Sulistijorini. 2018. Distribution, morphological variation and new variety of *Baccaurea angulata* Merr. (Phyllanthaceae). *Floribunda*. 6(1): 1-11. doi: https://doi.org/10.32556/floribunda.v6i1.2018.226.
- Gunawan, Chikmawati T, Sobir, Sulistijorini. 2019. Genetic population structure diversity analyses and in *Baccaurea angulata* accessions using ISSR primers. *SABRAO J Breed Genet*. 51 (4): 390-404.
- Gunawan, Sulistijorini, Chikmawati T, Sobir. 2021. Predicting suitable areas for *Baccaurea angulata* in Kalimantan, Indonesia using Maxent modelling. *Biodiversitas*. doi: 10.13057/biodiv/d220523.
- Gunawan. 2020. Biosistematika belimbing merah di Kalimantan dan Pulau Natuna [disertasi]. Bogor: Institut Pertanian Bogor.
- Gurjar GN, Swami S, Meena NK, Lyngdoh EAS. 2017. Effect of solar radiation in crop production. Di dalam: Arora S, Swami S, Bhan S, editor. *Natural Resource Management for Climate Smart Sustainable Agriculture*. New Delhi: Soil Conservation Society of India.
- Hasanah N, Sulaeman R, Sribudiandi E. 2019. Studi tentang sifat batang nibung (*Oncosperma tigillarium*) di Desa Tameran, Kabupaten Bengkalis. *JIIK*. 3(1): 1-13.
- Hayati I, Hartana A, Djuita NR. 2019. Modeling climatic suitable areas for kedondong (*Spondias dulcis*) cultivation in central part of Sumatra, Indonesia.

- Biodiversitas*. 20(12): 3608-3618. doi: <https://doi.org/10.13057/biodiv/d201220>.
- Hidayat T, Pancoro A. 2008. Kajian filogenetika molekuler dan peranannya dalam menyediakan informasi dasar untuk meningkatkan kualitas sumber genetik anggrek. *J Agro Biogen*. 4(1): 35-40. doi:<http://dx.doi.org/10.21082/jbio.v4n1.2008.p35-40>.
- Hijmans RJ, Cameron SE, Parra JL, Jones PG, Jarvis A. 2005. Very high resolution interpolated climate surfaces for global land areas. *Int J Climatol*. 25: 1965–1978. doi:<https://doi.org/10.1002/joc.1276>.
- Hirzel AH, Hausser J, Chessel D, Perrin N. 2002. Ecological-niche factor analysis: How to compute habitat-suitability maps without absence data?. *Ecology*. 83 (7): 2027–2036. doi: [https://doi.org/10.1890/0012-9658\(2002\)083\[2027:ENFAHT\]2.0.CO;2](https://doi.org/10.1890/0012-9658(2002)083[2027:ENFAHT]2.0.CO;2).
- Hosseini N, Ghorbanpour M, Mostafavi H. 2024. Habitat potential modelling and the effect of climate change on the current and future distribution of three *Thymus* species in Iran using MaxEnt. *Nature*. 14(3641): 1-14. doi: <https://doi.org/10.1038/s41598-024-53405-5>.
- [IPGRI] International Plant Genetic Resources Institute. 1995. *Descriptors for Coconut (Cocos nucifera L.)*. Rome: Biodiversity Int.
- James JE, Lanfear R, Eyre-Walker A. 2016. Molecular evolutionary consequences of island colonization. *Genome Biol Evol*. 8:1876–1888.
- Juan C, Emerson BC, OromiP, Hewitt GM. 2000. Colonization and diversification: towards a phylogeographic synthesis for the Canary Islands. *Trends Ecol Evol*. 15:104–109.
- Juliantari E. 2021. Keanekaragaman genetik kweni (*Mangifera odorata* Griffith) di Sumatra [tesis]. Bogor: Institut Pertanian Bogor.
- Khanuja SPS, Shasany AK, Pawar A, Lal RK, Darokar MP, Naqvi AA, Rajkumar S, Sundaresan V, Lal N, Kumar S. 2005. Essential oil constituents and RAPD markers to establish species relationship in *Cymbopogon spreng* (Poaceae). *Biochem Syst Ecol*. 33(2): 171 – 186.
- Khwarahm NR. 2020. Mapping current and potential future distributions of the oak tree (*Quercus aegilops*) in the Kurdistan Region. Iraq. *Ecol Process*. 9(56): 1-15. doi: <https://doi.org/10.1186/s13717-020-00259-0>.
- Kimura M, Crow J. 1964. The number of alleles that can be maintained in a finite population. *Genetics*. 49(4): 725-738.
- Kriticos DJ, Kean JM, Phillips CB, Senay SD, Acosta H, Haye T. 2017. The potential global distribution of the brown marmorated stink bug, *Halyomorpha halys*, a critical threat to plant biosecurity. *J Pest Sci*. 90 (4): 1033–1043. doi: <https://doi.org/10.1007/s10340-017-0869-5>.
- Kumar J, Agrawal V. 2017. Analysis of genetic diversity and population genetic structure in *Simarouba glauca* DC. (an important bio-energy crop) employing ISSR and SRAP markers. *Ind Crop Prod*. 100:198–209.
- Kuwi SO, Kyalo M, Mutai CK, Mwilawa, Hanson J, Djikeng A, Ghimire SR. 2018. Genetic diversity and population structure of *Urochloa* grass accessions from Tanzania using simple sequence repeats (SSR) markers. *Braz J Bot*. 41(3):699–709. doi:[10.1007/s40415-018-0482-8](https://doi.org/10.1007/s40415-018-0482-8).

- Lestari DA, Azrianingsih R. 2019. Species identity and taxonomical position of selected species of Annonaceae based on *trnL* molecular marker. *Biodiversitas*. 20(4): 1012–1019. doi:10.13057/biodiv/d200411.
- Lestari SU, Julianto RPD. 2020. Analisis keragaman genetik dan kekerabatan genotipe ubi jalar berdasarkan karakter morfologi. *Bul Palawija*. 18(2): 113. doi:http://dx.doi.org/10.21082/bulpa.v18n2.2020.p113-122.
- Lewontin RC. 1972. The apportionment of human diversity. *Evolutionary Biol.* 6: 381–398.
- Li J, Fan G, He Y. 2020. Predicting the current and future distribution of three *Coptis* herbs in China under climate change conditions, using the MaxEnt model and chemical analysis. *Sci Total Environ.* 698 (134141). doi: https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2019.134141.
- Liu H, An K, Su S, Yu Y, Wu J, Xiao G, Xu Y. 2020. Aromatic characterization of mangoes (*Mangifera indica* L.) using solid phase extraction coupled with gas chromatography-mass spectrometry and olfactometry and sensory analyses. *Foods*. 9(1):1–20. doi:10.3390/foods9010075.
- Liu J, Wang L, Sun C, Xi B, Li D, Chen Z, He Q, Weng X, Jia L. 2021. Global distribution of soapberries (*Sapindus* L.) habitats under current and future climate scenarios. *Sci Rep.* 11 (1): 1974. doi: https://doi.org/10.1038/s41598-021-98389-8.
- Luo C, He X hua, Chen H, Ou S jin, Gao M ping, Brown JS, Tondo CT, Schnell RJ. 2011. Genetic diversity of mango cultivars estimated using SCoT and ISSR markers. *Biochem Syst Ecol.* 39(4–6):676–684. doi: 10.1016/j.bse.2011.05.023.
- Ma B, Sun J. 2018. Predicting the distribution of *Stipa purpurea* across the Tibetan Plateau via the MaxEnt model. *BMC Ecology*. 18:10. doi: 10.1186/s12898-018-0165-0.
- Ma M, Wang T, Lu B. 2021. Assessment of genetic diversity in *Amomum tsaoko* Crevost & Lemarié, an important medicine food homologous crop from Southwest China using SRAP and ISSR markers. *Genet Resour Crop Evol.* 68(6):2655–2667. doi:10.1007/s10722-021-01204-6.
- Magellan TM, Tomlinson PB, Huggett BA. 2015. Stem anatomy in the spiny american palm *Bactris* (Arecaceae-Bactridinae). *Hoehnea*. 42(3): 567-579. doi:http://dx.doi.org/10.1590/2236-8906-18/2015.
- Mahatara D, Acharya AK, Dhakal BP, Sharma DK, Ulak S, Paudel P. 2021. Maxent modelling for habitat suitability of vulnerable tree *Dalbergia latifolia* in Nepal. *Silva Fenn.* 55(4): 1-17. doi: https://doi.org/10.14214/sf.1044.
- Maryanti A. 2019. Pengembangan modul berbasis riset anatomi batang nibung pada mata kuliah anatomi tumbuhan. *J Bioterdidik*. 7(3): 98-104.
- Mellisa M, Feblisa F. 2018. Pengaruh hormon NAA dan IBA pada eksplan nibung (*Nibung*) terhadap umur muncul kalus (hari). *J Bioterdidik*. 6(5).
- Monfared MA, Samsampour D, Sirchi GRS, Sadeghi F. 2018. Assessment of genetic diversity in *Salvadora persica* L. based on inter-simple sequence repeat (ISSR) genetic marker. *Genet Eng Biotechnol J.* 16: 661-667.
- Morton MJL, Awlia M, Al-Tamimi N, Saade S, Pailles Y, Negrão S, Tester M. 2018. Salt stress under the scalpel – dissecting the genetics of salt tolerance. *Plant J.* 97: 148–163. doi: 10.1111/tpj.14189.

- Mosa KA, Gairola S, Jamdade R, El-Keblawy A, Al Shaer KI, Al Harthi EK, Shabana HA, Mahmoud T. 2019. The promise of molecular and genomic techniques for biodiversity research and DNA barcoding of the Arabian Peninsula flora. *Front Plant Sci.* 9(1929): 1–19. doi:10.3389/fpls.2018.01929.
- Mukremin M, Ghiffary MI, Anshari MF, Gusmiaty G, Restu M. 2021. Dynamic of soil properties under an exotic pine (*Pinus* sp.) species growing in Bantaeng Regency. *IOP Conf Ser: Earth Environ Sci.* 807 (2): 022043. doi: 10.1088/1755-1315/807/2/022043.
- Nadeem MA, Nawaz MA, Shahid MQ, Doğan Y, Comertpay G, Yildiz M, Hatipoğlu R, Ahmad F, Alsaleh A, Labhane N *et al.* 2018. DNA molecular markers in plant breeding: current status and recent advancements in genomic selection and genome editing. *Biotechnol.* 32(2): 261–285. doi:10.1080/13102818.2017.1400401.
- Ng SIT, Ningtyas SRA, Hanun Z, Sulton MN, Kusumaningrum L, Indrawan M, Sugiyarto, Sutomo, Setyawan AD. 2023. Agroforestry suitability evaluation using remote sensing in Jatiyoso Sub-district, Karanganyar District, Central Java, Indonesia. *Biodiversitas.* 24: 6761–6769. doi: 10.13057/biodiv/d241239.
- Ng WL, Tan SG. 2015. Inter Simple Sequence Repeat markers: Are we doing it right?. *ASM Sci J.* 9 (1): 30–39.
- Ni JL, Zhu AG, Wang XF, Xu Y, Sun ZM, Chen JH, Luan MB. 2018. Genetic diversity and population structure of ramie (*Boehmeria nivea* L.). *Ind Crop Prod.* 115:340–347. doi:10.1016/j.indcrop.2018.01.038.
- Nurlia A, Siahaan H, Lukman AH. 2013. Pola pemanfaatan dan pemasaran nibung di sekitar kawasan Taman Nasional Sembilang Provinsi Sumatra Selatan. *J Penelit Hutan Tanam.* 10 (4): 241–251. doi:http://dx.doi.org/10.20886/jpht.2013.10.4.241-251.
- O'Donnell MS, Ignizio DA. 2012. *Bioclimatic Predictors for Supporting Ecological Applications in the Conterminous United States.* Virginia (VA): U.S. Geological Survey Data Series 691. doi: https://doi.org/10.3133/ds691.
- Oktavianto Y, Sunaryo S, Suryanto A. 2015. Karakterisasi tumbuhan mangga (*Mangifera indica* L.) cantek, ireng, empok, jempol di Desa Tiron, Kecamatan Banyakan Kabupaten Kediri. *J produksi tumbuhan.* 3(2): 91–97. doi: https://dx.doi.org/10.21176/protan.v3i2.174.
- Ongala J, Mwanga D, Nuani F. 2016. On the use of principal component analysis in sugarcane clone selection. *J Indian Soc Agric Stat.* 70 (1): 33–39.
- Padalia H, Srivastava V, Kushwaha SPS. 2014. Modeling potential invasion range of alien invasive species, *Hyptis suaveolens* (L.) Poit. in India: Comparison of MaxEnt and GARP. *Ecol Inform.* 22: 36–43. doi: https://doi.org/10.1016/j.ecoinf.2014.04.002.
- Paramitha AI, Zazaroh F. 2023. Karakterisasi morfologi beberapa genotipe tumbuhan ciplukan (*Physalis angulata* L.). *RADIKULA.* 1(2): 94–99. doi: http://dx.doi.org/10.33379/radikula.v1i2.2202.
- Parihar P, Singh S, Singh R, Singh VP, Prasad SM. 2015. Effect of salinity stress on plants and its tolerance strategies: a review. *Environ Sci Pollut Res Int.* 22: 4056–4075. doi: 10.1007/s11356-014-3739-1.
- Partomihardjo T, Hermawan E, Pradana EW, Widiastuti Y. 2020. *Flora Riparian dan Hutan Rawa Gambut untuk Restorasi Area dengan Nilai Konservasi*

Tinggi (NKT) *Terdegradasi*. Indonesia: Zoological Society of London (ZSL) Indonesia Programme.

Patharkar OR, Walker JC. 2019. Connections between abscission, dehiscence, pathogen defense, drought tolerance, and senescence. *Plant Sci.* 284: 25-29. doi: 10.1016/j.plantsci.2019.03.016.

Peakall R, Smouse PE. 2012. GenAlEx 6.5: genetic analysis in excel. Population genetic software for teaching and research—an update. *Bioinformatics.* 28: 2537-2539. doi: <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bts460>.

Pearson RG, Raxworthy CJ, Nakamura M, Townsend PA. 2007. Predicting species distributions from small numbers of occurrence records: a test case using cryptic geckos in Madagascar. *J Biogeogr.* 34 (1): 102–117. doi: <https://doi.org/10.1111/j.1365-2699.2006.01594.x>.

Penn CJ, Camberato JJ. 2019. A critical review on soil chemical processes that control how soil pH affects phosphorus availability to plants. *Agriculture.* 9 (6): 120. doi: 10.3390/agriculture9060120.

Phillips SJ, Anderson RP, Schapire RE. 2006. Maximum entropy modeling of species geographic distributions. *Ecol Model.* 190 (3–4): 231–259. doi: <https://doi.org/10.1016/j.ecolmodel.2005.03.026>.

Phillips SJ, Dudik M. 2008. Modeling of species distributions with Maxent: new extensions and a comprehensive evaluation. *Ecography.* 31 (2): 161–175. doi: <https://doi.org/10.1111/j.0906-7590.2008.5203.x>.

Pinheiro LG, Chagas KPT, Freire ASM, Ferreira MC, Fajardo CG, Vieira FA. 2017. Anthropization as a determinant factor in the genetic structure of *Copernicia prunifera* (Arecaceae). *Genet Mol Res.* 16(3): gmr16039768.

Pitopang R, Syam N, Rasyid M. 2024. Populasi & pola distribusi *Buchanania arborescens* (Blume) Blume (Anacardiaceae) pada tanah ultra-mafik Desa Podi, Kecamatan Tojo, Kabupaten Tojo Una-Una, Sulawesi Tengah. *Biocelebes.* 18(1): 1–12. doi: 10.22487/bioceb.v18.No.1.17197.

[POWO] 2024. *Plants of the World Online*. [diakses 2024 Nov 30]. <https://powo.science.kew.org/>

Prakoso CNY, Retnoningsih. 2021. Molecular based genetic diversity of Brongkol's superior durian germplasm of Semarang, Indonesia. *Biodiversitas.* 22(12): 5311-5316. doi: 10.13057/biodiv/d221211.

Pratami MP, Chikmawati T, Rugaya. 2020. Genetic diversity of Cucumis and Mukia (Cucurbitaceae) based on ISSR Markers. *SABRAO J Breed Genet.* 52(2):127-143.

Qin A, Liu B, Guo Q, Bussmann RW, Ma F, Jian Z, Xu G, Pei S. 2017. Maxent modeling for predicting impacts of climate change on the potential distribution of *Thuja sutchuenensis* Franch., an extremely endangered conifer from southwestern China. *Glob Ecol Conserv.* 10: 139–146.

Radford AE. 1986. *Fundamentals of Plant Systematics*. New York (NY): Harper & Row.

Rahayu Y, Fitmawati, Herman. 2013. Analisis keanekaragaman sagu (*Metroxylon sagu* Rottb.) pada tiga tipe habitat di Pulau Padang Kepulauan Meranti. *Biosaintifika.* 5(1): 16–24.

Rasam DV, Gokhale NB, Sawardekar SV, Patil DM. 2016. Molecular characterisation of coconut (*Cocos nucifera* L.) varieties using ISSR and SSR

markers. *J Hortic Sci Biotechnol.* 91(4): 347-352. doi: <https://doi.org/10.1080/14620316.2016.1160544>.

Ratnam SV. 2009. *Plant Biosystematics*. New Delhi: Publications Pvt.

Ratnaningrum YWN, Indrioko S, Faridah E, Syahbudin A. Gene flow and selection evidence of sandalwood (*Santalum album*) under various population structures in Gunung Sewu (Java, Indonesia), and its effects on genetic differentiation. *Biodiversitas.* 18(4): 1493-1505. doi: 10.13057/biodiv/d180428

Retnoningsih A, Megia R, Hartana A. 2011. Microsatellite markers for classifying and analysing genetic relationship between banana cultivars in Indonesia. *Acta Hortic.* 897: 153-159. doi: 10.17660/ActaHortic.2011.897.16.

Rezazadeh A, Harkess RL, Telmadarrehei T. 2018. The effect of light intensity and temperature on flowering and morphology of potted red firespike. *Horticulture.* 4(36): 1–7. doi: 10.3390/horticulturae4040036.

Riastiwi I, Witjaksono, Ratnadewi D, Siregar UJ. 2022. Genetic diversity of rosewood (*Dalbergia latifolia*) in Yogyakarta, Indonesia for plus trees selection. *Biodiversitas.* 23(5):2630–2639. doi:10.13057/biodiv/d230546.

Rif'atunidaudina R, Sobir, Maharijaya A. 2019. Comparative analysis of genetic diversity among pod vegetables genetic resources potential in Indonesia revealed by ISSR markers. *J Hort Indonesia.* 10(3):161–172. doi:10.29244/jhi.10.3.161-172.

Riupassa PA, Chikmawati T, Miftahudin, Suharsono. 2015. The molecular diversity-based ISSR of *Durio tanjungpurensis* originating from West Kalimantan Indonesia. *Makara J Sci.* 19: 27-33.

Rohlf FJ. 2000. *Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System, Version 2.1 User Guide*. New York (NY): Exterter Software.

Romadlon MA, Zahra FA, Nugroho GD, Piyoto A. Population, habitat characteristic, and modelling of endangered Orchid, *Paphiopedilum javanicum* in Mount Lawu, Java, Indonesia. *Biodiversitas.* 22(4): 1999-2004). doi: 10.13057/biodiv/d220448.

Ronel M, Lev-Yadun S. 2012. The spiny, thorny and prickly plants in the flora of Israel. *Bot J Linn Soc.* 168:344–352.

Rugayah, Retnowati A, Windadri FI, Hidayat A. 2004. Pengumpulan Data Taksonomi. Di dalam: Rugayah, Widjaya EA, Praptiwi, editor. *Pedoman Pengumpulan Data Keanekaragaman Flora*. Puslit Biologi - LIPI: Bogor, 5–42.

Sabir SMJ, Abo-Aba S, Bafeel S, Zari TA, Edris S, Shokry AM, Atef A, Gadalla NO, Ramadan AM, Al-Kordy MA *et al.* 2014. Characterization of ten date palm (*Phoenix dactylifera* L.) cultivars from Saudi Arabia using AFLP and ISSR markers. *C R Biologies.* 337: 6-18. doi: <http://dx.doi.org/10.1016/j.crv.2013.11.003>.

Scarano D, Rubio F, Ruiz JJ, Rao R, Corrado G. 2014. Morphological and genetic diversity among and within common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) landraces from the Campania region (Southern Italy). *Sci Hortic.* 180: 72- 78. doi: <http://dx.doi.org/10.1016/j.scienta.2014.10.013>.

Setyawan A. 2022. Keanekaragaman hayati Indonesia: masalah dan upaya konservasinya. *Indones J Conserv.* 11(1): 13–21. doi: 10.15294/ijc.v11i1.34532.

- Shi X, Wang J, Zhang L, Chen S, Zhao A, Ning X, Wang Z. 2023. Prediction of the potentially suitable areas of *Litsea cubeba* in China based on future climate change using the optimized MaxEnt model. *Ecol Indic.* 148(2023): 1-13.
- Silva AVC, Muniz EN, Almeida CS, Vitoria M. 2015. Genetic diversity and sex identification in *Genipa americana* L. *Trop Subtrop Agroecosystem.* 18(1): 81–86. doi: <https://www.researchgate.net/publication/282265345>.
- Sinha P, Panda PC. 2016. Inter and intra-population genetic variability in *Calamus guruba* Buch.-Ham. (Arecaceae)-an economically important rattan species, using RAPD and ISSR molecular markers. *J Plant Sci Res.* 38(1&2): 94-105.
- Siswadi S, Saragih GS, Rianawati H, Umroni A, Pujiono E, Setyowati R, Turu WVDB, Banani F. 2021. Faloak (*Sterculia quadrifida* R.Br.) bark harvesting for curing hepatitis in Kupang City: Herbal medicine in the urban environment. *IOP Conf Ser Earth Environ Sci.* 918 (1): 012014. doi: 10.1088/1755-1315/918/1/012014.
- Slik JWF, Arroyo-Rodríguez V, Aiba S-I, Alvarez-Loayza P, Alves LF, Ashton P, Balvanera P, Bastian ML, Bellingham PJ, van den Berg E, *et al.* 2015. An estimate of the number of tropical tree species. *PNAS.* 112(24): 7472–7477. doi: <https://doi.org/10.1073/pnas.1423147112>.
- Son JH, Park KC, Lee S, Kim JH, Kim MS. 2012. Species relationship among *Allium* species by ISSR analysis. *Hort Environ Biotechnol.* 53(3): 256- 262. doi: 10.1007/s13580-012-0130-3.
- Sukhumsirichart W. 2018. Polymorphisms. Di dalam: Yamin L, editor. *Genetic Diversity and Disease Susceptibility. Intech Open Arizona.* doi: 10.5772/intechopen.76728.
- Sulassih, Sobir, Santosa E. 2013. Phylogenetic analysis of mangosteen (*Garcinia mangostana* L.) and its relatives based on morphological and Inter Simple Sequence Repeat (ISSR) markers. *SABRAO J.* 45: 478-490.
- Swets JA. 1988. Measuring the accuracy of diagnostic systems. *Science.* 240: 1285-1293. doi: <http://dx.doi.org/10.1126/science.3287615>
- Syukur M, Sujiprihati S, Yunianti R. 2012. *Teknik Pemuliaan Tumbuhan.* Bogor: Penebar Swadaya.
- Tiwari V, Meena B, Nair KN, Upreti DK, Tamta S, Rana TS. 2016. Assessment of genetic diversity and population structure of *Bergenia stracheyi* (Saxifragaceae) in the Western Himalaya (India). *Biochem Syst Ecol.* 70: 205-210.
- Trimanto. 2012. Karakterisasi dan jarak kemiripan Uwi (*Dioscorea alata* L.) berdasarkan penanda morfologi umbi. *Bul Kebun Raya.* 15(1): 47-59.
- Trojanwska MR, Balibok H. 2004. Characteristic and comparison of three classes of microsatellite-based markers and their application in plants. *Cell Moll Biol Lett.* 9: 221-238.
- Ulum FB, Akbar SM, Andiana J, Rosyadi A, Setyati D. 2023. Pengaruh cekaman salinitas terhadap pertumbuhan dan perkembangan bandotan (*Ageratum conyzoides* L.). *J Nat Sci.* 4(3):152–162. doi:10.34007/jonas.v4i3.435.
- Veldkamp JF. 1987. Manual for the Description of Flowering Plants. Di dalam de Vogel EF, editor. *Manual of Herbarum Taxonomy: Theory and Practice.* Jakarta: UNESCO.

Hak Cipta Dilindungi Undang-undang
1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
2. Dilarang mengumunkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.

- Vita V. 2016. Adaptasi masyarakat Pra-Sriwijaya di lahan basah Situs Air Sugihan, Sumatra Selatan. *Kalpataru*. 25(1): 1-14. doi:<https://doi.org/10.24832/kpt.v25i1.79>.
- Wahyudi D, Hapsari, L, Sundari S. 2020. RAPD Analysis for Genetic Variability Detection of Mutant Soybean (*Glycine max* (L.) Merr). *J Trop Biodivers Biotechnol*. 5(2): 123–130. doi: <https://doi.org/10.22146/jtbb.53653>
- Wang G, Wang C, Guo Z, Dai L, Wu Y, Liu H, Wu Y, Liu H, Li Y, Chen H, *et al*. 2020. Integrating Maxent model and landscape ecology theory for studying spatiotemporal dynamics of habitat: suggestions for conservation of endangered red-crowned crane. *Ecol Indic*. 116:106472. doi: 10.1016/j.ecolind.2020.106472
- Wang SQ. 2020. Genetic diversity and population structure of the endangered species *Paeonia decomposita* endemic to China and implications for its conservation. *BMC Plant Biol*. 20(1):1-14. DOI:10.1186/s12870-020 02682z.
- Wani AA, Zargara SA, Malika AH, Kashtwaria M, Nazirb M, Khurooc AA, Ahmadd F, Dare TA. 2017. Assessment of variability in morphological characters of apricot germplasm of Kashmir, India. *Sci Hort*. 225: 630-637. doi: <http://dx.doi.org/10.1016/j.scienta.2017.07.029>.
- Wei B, Wang R, Hou K, Wang X, Wu W. 2018. Predicting the current and future cultivation regions of *Carthamus tinctorius* L. using Maxent model under climate change in China. *Glob Ecol Conserv*. 16: e00477. doi: 10.1016/j.gecco.2018.e00477.
- Wei J, Li X, Lu Y, Zhao L, Zhang H, Zhao Q. 2019. Modeling the potential global distribution of *Phenacoccus madeirensis* green under various climate change scenarios. *Forest*. 10: 773. doi: 10.3390/f10090773.
- Weigelt P, Jetz W, Kreft H. 2013. Bioclimatic and physical characterization of the world's islands. *Proc Natl Acad Sci USA*. 110:15307–15312
- Westphal E, Jansen PCM. 1989. *Plant Resources of South-East Asia*. Netherland: Pudoc Wageningen.
- Wiens JJ. 2011. The niche, biogeography and species interactions. *Philos Trans R Soc Lond B Biol Sci*. 366: 2336–2350. doi: <https://doi.org/10.1098/rstb.2011.0059>.
- Winantris, Syafri I, Rahardjo AT. 2015. *Oncosperma tigillarium* merupakan bagian palino karakter delta plain di Delta Mahakam, Kalimantan. *Bionatura*. 14(3): 228 – 236.
- Witono JR. 2005. Keanekaragaman Palem (Palmae) di Gunung Lumut, Kalimantan Tengah. *Biodiversitas*. 6(1): 22-30. doi:10.13057/biodiv/d060105.
- Wulantika T. 2020. Karakterisasi morfologi tumbuhan enau di Kenagarian Sungai Naniang. *J-PEN Borneo: J Ilmu Pertanian*. 3(2): 7–15. doi: 10.35334/jpen.v3i2.1481.
- Xu X, Zhang H, Yue J, Xie T, Xu Y, Tian Y. 2018. Predicting shifts in the suiteble climatic distribution of walnut (*Juglans regia* L.) in China: maximum entropy model paves the way to forest management. *Forest*. 9(103): 1–15.
- Yang G, Liu N, Zhang X, Zhou H, Hou Y, Wu P, Zhang X. 2024. Prediction of the potential distribution of *Chimonobambusa utilis* (Poaceae, Bambusoideae) in China, based on the MaxEnt model. *Biodivers Data J*. 12(126620). doi: <https://doi.org/10.3897/BDJ.12.e126620>

- Yang JC, Li QQ, Yu N, Yin GT, Wu ZF, Li RS, Zou WT. 2016. Genetic diversity and structure among natural populations of *Sindora glabra* in Hainan island, China as revealed by ISSR markers. *Biochem Syst Ecol.* 69:145–151. doi: 10.1016/j.bse.2016.09.005
- Yang XQ, Kushwaha SPS, Saran S, Xu J, Roy PS. 2013. Maxent modeling for predicting the potential distribution of medicinal plant *Justicia adhatoda* L. in Lesser Himalayan foothills. *Ecol Eng.* 51: 83–87. doi: 10.1016/j.ecoleng.2012.12.004.
- Yi YJ, Cheng X, Yang ZF, Zhang SH. 2016. Maxent modeling for predicting the potential distribution of endangered medicinal plant (*H. riparia* Lour) in Yunnan, China. *Ecol Eng.* 92: 260–269. doi: 10.1016/j.ecoleng.2016.04.010.
- Yoichi W, Takahashi M, Nagano AJ, Uehara K, Abe H. 2021. Evolutionary effects of geographic and climatic isolation between *Rhododendron tsusiophyllum* populations on the Izu Islands and mainland Honshu of Japan. *Heredity.* 126:859–868. doi: <https://doi.org/10.1038/s41437-021-00417-w>
- Yun SA, Son HD, Im HT, Kim SC. 2020. Genetic diversity and population structure of the endangered orchid *Pelatantheria scolopendrifolia* (Orchidaceae) in Korea. *PLoS ONE.* 15(8):1-21. doi:10.1371/journal.pone.0237546.
- Zhang X, Li G, Du S. 2018. Simulating the potential distribution of *Elaeagnus angustifolia* L. based on climatic constraints in China. *Ecol Eng.* 113: 27–34. doi: 10.1016/j.ecoleng.2018.01.009.
- Zhao G, Cui X, Sun J, Li T, Wang Qi, Ye X, Fan B. 2021. Analysis of the distribution pattern of Chinese *Ziziphus jujuba* under climate change based on optimized biomod2 and MaxEnt models. *Ecol Indic.* 132(2021): 1-11.
- Zhao H, Wang Y, Yang D, Zhao X, Li N, Zhou Y. 2015. An analysis of genetic diversity in *Marphyssa sanguinea* from different geographic populations using ISSR polymorphisms. *Biochem Syst Ecol.* 64:65–69.
- Zhao R, Wang S, Chen S. 2024. Predicting the potential habitat suitability of *Saussurea* species in China under future climate scenarios using the optimized Maximum Entropy (MaxEnt) model. *J Clean Prod.* 473(143552): 1-17. doi: <https://doi.org/10.1016/j.jclepro.2024.143552>
- Zheng Q, Wang Q, Liu F, Zhou Y, Wang G, Pan H, Liu H. 2024. Analysis of factors influencing the ecologically suitable areas for *Glyptosternum maculatum* in the Yarlung Zangbo River. *Ecol Indic.* 159(111713): 1-12. doi: <https://doi.org/10.1016/j.ecolind.2024.111713>.
- Zhou J, Li P, Wan J. 2022. Effects of light intensity and temperature on the photosynthesis characteristics and yield of lettuce. *Horticulturae.* 8(178):1-12. doi: <https://DOI.org/10.3390/horticulturae8020178>.
- Zhu GP, Gariepy TD, Haye T, Bu WJ. 2017. Patterns of niche filling and expansion across the invaded ranges of *Halyomorpha halys* in North America and Europe. *J Pest Sci.* 90: 1-13. doi: 10.1007/s10340-016-0786-z.
- Zietkiewicz E, Rafalski A, Labuda D. 1994. Genome fingerprinting by simple sequence repeat (SSR)-anchored polymerase chain reaction amplification. *Genomics.* 20(2): 176–183. doi:10.1006/geno.1994.1151.
- Zulfahmi Z. 2013. Penanda DNA untuk analisis genetik tumbuhan. *J Agroteknologi.* 3(2): 41-52.



@Hak cipta milik IPB University

Hak Cipta Dilindungi Undang-undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.



RIWAYAT HIDUP



@Hak cipta milik IPB University

Deti Novela lahir di Bantan Air, Kabupaten Bengkalis, pada tanggal 1 November 1998, sebagai anak kedua dari pasangan Bapak Kamsari dan Ibu Siti Katijah. Pendidikan jenjang sarjana ditempuh di Jurusan Biologi, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Riau, melalui jalur Penelusuran Bibit Unggul Daerah (PBUD), dan memperoleh beasiswa dari RISTEKDIKTI melalui program Bidikmisi. Gelar Sarjana Sains diperoleh pada tahun 2020 dengan skripsi berjudul *Analisis Filogenetik Nibung (*Oncosperma tigillarium* (Jack) Ridl.) Asal Kabupaten Bengkalis Berdasarkan Penanda trnL-F Intergenic Spacer*. Pada tahun 2023, penulis melanjutkan pendidikan pada Program Magister Biologi Tumbuhan, Sekolah Pascasarjana IPB University, dengan minat studi Sistematika Tumbuhan. Penulis memperoleh beasiswa afirmasi pra-sejahtera dari Lembaga Pengelola Dana Pendidikan (LPDP), Kementerian Keuangan Republik Indonesia.

Sebagian dari hasil penelitian ini telah ditulis dalam bentuk artikel ilmiah berjudul *Morphological Diversity and Potential Distribution of the Coastal Palm *Oncosperma tigillarium* in Riau Province, Indonesia*, yang telah disubmit ke jurnal *Biodiversitas* dan dinyatakan lolos *Review Mitra Bestari*. Penulis dapat dihubungi melalui email: detinovela@gmail.com atau nomor telepon: +62 812 6181 2743.

- Hak Cipta Dilindungi Undang-undang
1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
 2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.