

I. PENDAHULUAN

1.1. Latar Belakang

Jamur dari genus *Morchella* atau yang dikenal dengan jamur morel merupakan jamur kelompok ascomycota (Qin *et al.*, 2025) yang memiliki nilai ekonomi yang tinggi. Marketshare.com (2026) mengungkapkan bahwa jamur morel memiliki prospek pasar global yang menjanjikan dan diproyeksikan tumbuh dengan tingkat pertumbuhan tahunan majemuk (*Compound Annual Growth Rate*; CAGR) sebesar 4,94%, dari USD 2,380 miliar pada tahun 2025 menjadi USD 3,029 miliar pada tahun 2030. Nilai ekonomi tersebut mencerminkan meningkatnya permintaan terhadap jamur morel.

Berbagai penelitian mengungkapkan bahwa *Morchella* kaya akan senyawa bioaktif dengan aktivitas farmakologis seperti anti-diabetes, anti-karsinogen, anti-inflamasi, antioksidan, hingga hepatoprotektif (Liu *et al.*, 2023). Secara global, studi terhadap *Morchella* terus berkembang, tidak hanya mencakup aspek nutrisi dan farmakologi, tetapi juga diarahkan pada analisis genomik, evolusi reproduksi, serta potensi bioteknologi dalam pengembangan strain unggul (Mei-Han *et al.*, 2019). Sebagian besar penelitian masih berfokus pada spesies *Morchella* dari wilayah temperata (Hussain & Sher, 2021), sementara studi di kawasan tropis khususnya di Indonesia, masih sangat terbatas.

Penemuan *Morchella rinjaniensis* sp. nov. sebagai spesies baru di kawasan Taman Nasional Gunung Rinjani (TNGR), Lombok, Nusa Tenggara Barat (NTB) berkontribusi penting dalam kajian jamur tropis. *Morchella rinjaniensis* ditemukan pada daerah Gunung Rinjani yang diketahui pada suhu 1-11 °C. Hasil analisis filogenetik terhadap sampel *Morchella* di kawasan TNGR membentuk *monofiletik clade* independen yang tidak menunjukkan kekerabatan dekat dengan *clade* yang telah dikenali dalam pohon filogenetik (Retnowati *et al.*, 2025).

Nilai ekonomi tinggi serta keberhasilan budidaya *Morchella* juga berkaitan dengan mekanisme reproduksi seksual yang diatur oleh sistem *mating-type*. Cravero *et al.* (2022) mengungkapkan bahwa identifikasi mekanisme reproduksi pada kelompok jamur Ascomycota, di mana gen *mating-type* merupakan lokus genetik yang mengendalikan kompatibilitas seksual dan sistem reproduksi, mampu menjadi parameter yang berguna untuk meningkatkan determinasi spesies dan filogenetik. Hal tersebut didasarkan atas observasi bahwa karakter gen MAT1-1-1 dan MAT1-2-1 yang merupakan gen regulator transkripsi pada lokus *mating-type* yang mengendalikan tipe kawin dan kompatibilitas seksual pada Ascomycota diketahui memiliki variasi antar genus (*interspecific variability*) yang tinggi. Sebaliknya bahwa, gen MAT menunjukkan variasi dalam satu spesies (*intraspecific variability*) yang rendah, sehingga sekuens cenderung stabil dan tidak banyak berubah di antara individu dari spesies yang sama. Liu *et al.* (2023) melaporkan bahwa perbedaan fase struktur pertumbuhan *Morchella sextelata* menunjukkan kemunculan idiomorf

MAT1-1 dan MAT1-2, yaitu dua bentuk lokus *mating-type* yang berbeda secara genetik, yang berperan dalam pengaturan reproduksi seksual. Secara bersamaan, pola kemunculan kedua idiomorph mating mengindikasikan bahwa sistem reproduksi yang diamati tidak sepenuhnya sesuai dengan pola heterothalik murni. Penelitian tersebut mengindikasikan bahwa terdapat perbedaan strategi reproduktif pada jamur *Morchella* yang awalnya merupakan kelompok heterotalik. Hasil identifikasi adanya transisi antar sistem mating-type menunjukkan bahwa variasi pada lokus MAT dapat memengaruhi strategi reproduksi dan dinamika populasi suatu spesies. Hingga saat ini belum terdapat laporan yang mendeskripsikan identitas maupun organisasi gen MAT pada *Morchella rinjaniensis*. Kajian mengenai mating-type *Morchella* tropis Indonesia berbasis pendekatan molekuler juga masih belum tersedia, sehingga aspek reproduktif dan genetik morel belum sepenuhnya dipahami.

Sebagai spesies tropis baru yang telah dikonfirmasi melalui karakter morfologi dan analisis filogenetik molekuler, *Morchella rinjaniensis* memiliki potensi ilmiah yang besar untuk diungkap lebih jauh pada tingkat genom. Pendekatan *Whole-Genome Sequencing* (WGS) menjadi langkah strategis untuk memetakan struktur genom secara komprehensif serta memverifikasi keberadaan dan susunan gen *mating-type* berdasarkan bukti genomik yang kuat (Thaenkham *et al.*, 2022). Bagi spesies tropis, kondisi ekologi dan tekanan seleksi berbeda dari wilayah beriklim temperata, WGS juga membuka peluang memahami jejak adaptasi yang mungkin berdampak pada strategi reproduksi (Cooke *et al.*, 2020). Pada genus *Morchella*, riset global bergerak dari deskripsi

morfologi dan filogenetik berbasis multi-lokus pada tingkat genom. Pentingnya topik ini juga didukung oleh nilai ekonomi dan biofarmasi tinggi, sementara pola reproduksinya menunjukkan dinamika yang kompleks (Liu *et al.*, 2023). WGS mampu menyediakan resolusi yang diperlukan untuk menelaah *mating-type* termasuk identitas gen kunci serta *flanking gene* yang menyokong regulasi reproduksi (Whittle *et al.*, 2015). Dengan demikian, WGS memungkinkan penentuan *mating-type* tidak hanya dari keberadaan gen tetapi juga dari organisasi genomik dan kesamaan urutan dan susunan gen (Peris *et al.*, 2022).

Penelitian terhadap *mating-type* kelompok jamur menjadi sangat relevan, tidak hanya untuk memperkaya dalam pemahaman evolusi reproduksi dan diversitas genetik, tetapi juga untuk mengungkap mekanisme dasar evolusi reproduksi. Penemuan sistem *mating-type* yang tidak konvensional dapat menjadi dasar penting dalam pengembangan strain unggul hingga pemodelan dinamika genetika populasi jamur di lingkungan alamnya (Wallen & Perlin, 2018).

Sebagian besar penelitian mengenai genom dan sistem *mating-type* pada genus *Morchella* masih berfokus pada spesies yang berasal dari wilayah temperata. Sementara itu, karakteristik genomik lokus *mating-type* pada spesies tropis, termasuk *Morchella rinjaniensis*, belum banyak dikaji. Penemuan *Morchella rinjaniensis* sp. nov. (Retnowati *et al.*, 2025) yang merupakan spesies jamur tropik yang baru didokumentasikan di Indonesia mampu meningkatkan pemahaman tentang bagaimana kemampuan reproduksi seksual pada spesies lokal dan diharapkan memberikan wawasan baru tentang

adaptasi dan strategi reproduksi jamur tropis serta memberikan dasar bagi pengembangan dan pemanfaatannya. Kondisi tersebut menunjukkan perlunya penelitian berbasis genom untuk memperluas pemahaman mengenai organisasi lokus mating-type pada *Morchella tropis*.

1.2. Rumusan Masalah

- 1.2.1. Bagaimana struktur genomik dari lokus *mating-type* pada *Morchella rinjaniensis*?
- 1.2.2. Bagaimana organisasi genomik lokus MAT berdasarkan analisis WGS dan indikasiya terhadap system reproduksi seksual pada *Morchella rinjaniensis*?
- 1.2.3. Apakah protein mating-type pada *Morchella rinjaniensis* yang berdasarkan analisis domain memiliki kesesuaian dengan fungsi protein mating-type berdasarkan prediksi analisis bioinformatika?

1.3. Tujuan Penelitian

- 1.3.1. Identifikasi dan analisis struktur genomik lokus mating-type (MAT) pada *Morchella rinjaniensis* menggunakan pendekatan *Whole-Genome Sequencing* (WGS).
- 1.3.2. Identifikasi sistem reproduksi seksual pada *Morchella rinjaniensis* berdasarkan keberadaan gen *mating-type* hasil analisis genom.
- 1.3.3. Identifikasi karakteristik domain dan memprediksi potensi fungsi protein mating-type pada *Morchella rinjaniensis* berdasarkan analisis bioinformatika.

1.4. Manfaat Penelitian

- 1.4.1. Informasi mengenai struktur genomik mating-type pada morel tropis *Morchella rinjaniensis* dapat menjadi dasar dalam pengembangan *breeding* dan pemuliaan morel.
- 1.4.2. Informasi mengenai sistem reproduksi seksual pada *Morchella rinjaniensis* dapat menjadi dasar dalam pengembangan strategi *breeding* yang lebih efisien, terutama terkait kebutuhan pasangan mating dalam proses reproduksi seksual
- 1.4.3. Hasil penelitian ini dapat menjadi validasi awal terkait karakterisasi gen dan protein *mating-type* fungi pada genus *Morchella* serta mendukung pengembangan kajian genomik, evolusi reproduksi, serta potensi bioteknologi dalam pengembangan strain unggul.