

**HUBUNGAN KEKERABATAN ANTAR POPULASI JATI (*Tectona Grandis*, Linn.F.)
BERDASARKAN PENANDA RAPD
(RANDOM AMPLIFIED POLYMORPHIC DNA)
*Genetic Relationship among Teak (*Tectona grandis*, Linn.f.) Populations Based on RAPD
(Random Amplified Polymorphic DNA) Markers***

AYPBC Widyatmoko¹, Anto Rimbawanto¹, Abdul Razaq Chasani²

¹Balai Besar Penelitian Bioteknologi dan Pemuliaan Tanaman Hutan

²Program Pascasarjana, UGM

Jl. Palagan Tentara Pelajar Km 15, Purwobinangun, Pakem, Sleman Yogyakarta 55585

e-mail : aviwicaksono@yahoo.com

ABSTRACT

*Information on genetic relationship amongst teak (*Tectona grandis* Linn.f) populations in Indonesia is important, in order to maintain the high genetic diversity of the species and to ensure the origin of commercial planting materials. In this study, 94 loci from 25 RAPD primers were used for analyzing genetic diversity and genetic relationship among 30 populations of teak which collected from provenance trial in Bojonegoro and its populations in Sulawesi. Mean genetic diversity (h) of the 30 populations was 0.184, and mean genetic distance between populations (D) was 0.441. Based on cluster analysis, 30 populations of teak were divided into 3 groups. The first group consisted of Burma, the second group consisted of Jawa, India, Indochina and Thailand populations, and the third group consisted of all populations in Sulawesi. High genetic distance between Jawa's and Sulawesi's populations can be used to differentiate seed/seedling from both regions.*

Keywords: Teak, RAPD, genetic diversity, genetic relationship

ABSTRAK

Informasi genetik tentang hubungan kekerabatan antar populasi jati yang ada di Indonesia penting untuk diketahui guna menjaga dan mempertahankan keragaman genetik yang tinggi. Pada penelitian ini, 94 losi yang diperoleh dari 25 primer RAPD digunakan untuk mengetahui keragaman genetik dan hubungan kekerabatan dari 30 populasi jati yang dikoleksi dari uji provenans jati di Bojonegoro dan hutan Jati di Sulawesi. Rata-rata keragaman (h) genetik dari 30 populasi jati termasuk sedang, yaitu 0,184, sedangkan rata-rata jarak genetik (D) antar populasi tergolong tinggi, yaitu sebesar 0,441. Secara garis besar, 30 populasi terbagi menjadi 3 kelompok besar. Kelompok pertama terdiri dari 1 populasi (Burma), kelompok kedua terdiri dari populasi Jawa, India, Indochina dan Thailand, sedangkan kelompok ketiga disusun oleh seluruh populasi jati yang terdapat di Sulawesi. Besarnya jarak genetik antar populasi di Sulawesi dan di Jawa memungkinkan untuk membedakan benih/bibit yang berasal dari kedua kelompok populasi atau wilayah tersebut.

Kata kunci: Jati, RAPD, keragaman genetik, hubungan kekerabatan

I. PENDAHULUAN

Jati (*Tectona grandis* Linn.f) merupakan salah satu jenis tumbuhan unggulan Indonesia. Kebutuhan masyarakat terhadap kayu jati semakin meningkat dari

tahun ke tahun karena struktur kayunya indah sehingga disukai banyak orang. Kondisi ini menyebabkan jenis tumbuhan ini menjadi perhatian banyak pihak, baik untuk kepentingan usaha, penelitian, ataupun

konservasi. Dah dan Baw (2000) mengatakan bahwa lebih dari 100 t ahun tanaman jati diakui sebagai komoditi yang mempunyai nilai ekonomis tinggi yang tetap dipelihara, dieksplotasi dan dikonservasi.

Di Indonesia, tanaman jati banyak ditanam di Jawa (terutama dikelola oleh Perum Perhutani) dan di Muna, Sulawesi Tenggara (Simon, 2000). Di Jawa, jati juga merupakan salah satu jenis andalan yang ditanam oleh masyarakat (sebagai hutan rakyat). Seiring dengan tumbuhnya minat masyarakat untuk menanam jati, muncul pula benih jati dengan berbagai merk/nama seperti Jati Super, Jati Unggul, Jati Emas, Jati Unggul Nasional, Jati Plus Perhutani, dan Jati Jumbo. Oleh pemiliknya, benih jati tersebut diklaim merupakan benih unggul. Benih unggul adalah benih yang diperoleh dari hasil serangkaian kegiatan pemuliaan. Pertumbuhan dari benih unggul sangat dipengaruhi oleh kondisi lingkungan di mana benih unggul tersebut ditanam. King (1964) menyampaikan interaksi yang cukup besar antara genotip dan lingkungan dalam mempengaruhi pertumbuhan Scotch Pine. Setyaji (2011) memperkuat adanya interaksi tersebut pada *Acacia mangium*. Disampaikan bahwa semakin kecil variasi genetik dari benih unggul tersebut besar pengaruh lingkungan terhadap pertumbuhannya. Untuk jati, pada umumnya benih unggul adalah berupa klon sehingga mempunyai keragaman genetik yang rendah.

Informasi mengenai hubungan kekerabatan pada suatu populasi sangat penting untuk menghindari terjadinya persilangan antar kerabat/persilangan dalam, yang dapat mengakibatkan depresi silang dalam, misalnya menurunnya pertumbuhan anakan. Selain itu, informasi tersebut juga dapat digunakan untuk mengidentifikasi asal-usul dari benih dan sumber benih.

Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD) merupakan teknik *Polymerase Chain Reaction* (PCR) yang banyak digunakan untuk kegiatan identifikasi (jenis, hibrid, klon, dan lain-lain) karena metode ini mempunyai beberapa keuntungan, seperti sedikitnya jumlah DNA yang dibutuhkan, sederhana (karena hanya membutuhkan 1 primer dan 1 program PCR) dan relatif murah (Williams dkk., 1990). Penanda RAPD telah banyak digunakan untuk berbagai kegiatan identifikasi, seperti identifikasi jenis (Rimbawanto dan Widyatmoko, 2011), identifikasi hibrid (Scheeper dkk., 2000; Widyatmoko dan Shiraisi, 2001 dan 2003), identifikasi varietas (Runtunuwu dkk., 2011), dan identifikasi klon (Ibañez dkk., 2009).

Beberapa penelitian genetik jati menggunakan penanda DNA telah dilakukan, antara lain keragaman dan struktur genetik populasi jati Sulawesi Tenggara (Boer, 2007), keragaman genetik 9 populasi jati dari India, Afrika, Indonesia dan Thailand (Kertadikara dan Prat, 1995),

keragaman genetik jati Muna dan Jawa (Lengkana, 2007), keragaman genetik antar populasi di Jawa (Al-Khairi, 2008), dan identifikasi klon dari beberapa klon Perum Perhutani (Prihatini dkk., 2002; Rimbawanto dkk., 2003; Watanabe dkk., 2004; Yuskianti, 2009).

Tujuan penelitian ini adalah untuk mengetahui keragaman genetik dan hubungan kekerabatan populasi jati sebagai salah satu usaha untuk menyediakan informasi bagi kegiatan pemuliaan pohon dan mengidentifikasi asal-usul benih jati.

II. BAHAN DAN METODE

Bahan Penelitian dan Ekstraksi DNA

Materi genetik tanaman yang digunakan dalam penelitian ini adalah daun dari individu pohon yang berasal dari 30 populasi. Masing-masing populasi diwakili oleh 6 individu. Detail dari materi penelitian ini disajikan pada Tabel 1. Materi populasi untuk nomor urut 1-16 diambil dari plot uji provenansi Jati di BKPH Bojonegoro, Jawa Timur, sedangkan populasi dari Sulawesi (17-30) dikoleksi langsung dari populasi aslinya.

Tabel 1. Daftar populasi yang digunakan dalam penelitian ini

No	Nama Populasi	Asal
1	Burma	Myanmar
2	Ponorogo	Jawa, Indonesia
3	Gundih	Jawa, Indonesia
4	Siam	Thailand

5	Hinh	India
6	Malabar	India
7	Kovai	India
8	Kay	Indo China
9	Godavari	India
10	Pati	Jawa, Indonesia
11	Central Province	India
12	Thailand	Thailand
13	Cepu I	Jawa, Indonesia
14	Kesamben	Jawa, Indonesia
15	Kouoc	India
16	Cepu II	Jawa, Indonesia
17	Wakuru	Sultra, Indonesia
18	Labasa	Sultra, Indonesia
19	Warangga	Sultra, Indonesia
20	Matakidi	Sultra, Indonesia
21	Tampo	Sultra, Indonesia
22	Wakonti	Sultra, Indonesia
23	Watumarembé	Sultra, Indonesia
24	Sampolawa	Sultra, Indonesia
25	Barutungge	Sulsel, Indonesia
26	Soppeng	Sulsel, Indonesia
27	Nepo	Sulsel, Indonesia
28	Sidenreng Rappang (Sidrap)	Sulsel, Indonesia
29	Kabila	Gorontalo, Indonesia
30	Tibuwa	Gorontalo, Indonesia

Ekstraksi dari total DNA dilakukan menggunakan metode CTAB (*Cetyl Trimethyl Ammonium Bromide*) yang dikembangkan oleh Shiraishi dan Watanabe (1995). DNA hasil ekstraksi selanjutnya dipurifikasi menggunakan GENECLEAN III (BIO101).

Analisis RAPD

Reaksi PCR dilakukan pada mesin *thermal cycler* GeneAmp PCR System 9700 *Applied Biosystem*. Total volume per sampel adalah 10 µl. Reaksi PCR terdiri dari 1 x buffer (10 mM Tris-HCl pH 8,3, 10 mM KCl, 3,0 mM MgCl₂), 200 µM tiap dNTPs,

0,25 μ M primer, 0,5 unit/10 μ l AmpliTaq DNA polymerase (*Stoffel Fragment, Applied Biosystems*) dan 10 ng larutan DNA. Proses PCR diawali dengan denaturasi selama 120 detik pada suhu 94°C, diikuti dengan 45 siklus yang masing-masing terdiri dari denaturasi selama 30 detik pada suhu 94°C, penempelan primer (*annealing*) selama 30 detik pada suhu 37°C, dan pemanjangan (*extension*) selama 90 detik pada suhu 72°C. Proses PCR diakhiri dengan pemanjangan selama 7 menit pada suhu 72°C. Hasil amplifikasi PCR selanjutnya dielektroforesis pada 1,2% gel agarose, 20 x TBE buffer dan 0,5 % ethidium bromide selama \pm 2 jam pada tegangan 120 V. Hasil elektroforesis selanjutnya didokumentasikan menggunakan *Fotodyne Analyzer*.

Analisis Data

Analisis visual produk PCR dilakukan dengan skoring, nilai 1 bila ada pita dan 0 bila tidak ada pita. Berdasarkan persentase pita polimorfik (%P), keragaman genetik dihitung menggunakan *Nei's genetic diversity (h)* (Nei, 1973) dan *Nei's genetic distance (D)* (Nei, 1978) dengan program *PopGene 1.32* (Yeh dkk., 2000). Analisis

klaster untuk mengelompokkan populasi berdasarkan jarak genetik menggunakan metode UPGMA (*Unweighted Pair-group Method with Arithmetic Averaging*). Hasil analisis klaster ditampilkan dalam bentuk dendrogram menggunakan program *PopGene 1.32*. Untuk melengkapi analisis klaster tersebut, dilakukan *Principal Coordinates Analysis (PCoA)* menggunakan program *GenALEx 6.0* (Peakall dan Smouse, 2006). AMOVA dari variasi keragaman genetik dalam populasi, antar populasi dan antar propinsi dianalisis menggunakan program *GenALEx 6.0*.

III. HASIL DAN PEMBAHASAN

Seleksi Primer

Sampel yang digunakan untuk melakukan seleksi primer sebanyak 8 sampel yang mewakili 8 populasi (1 sampel mewakili 1 populasi). Seleksi dilakukan terhadap 192 primer RAPD (Operon). Berdasarkan 3 kriteria seleksi, yaitu jumlah lokus polimorfik yang dihasilkan, kejelasan pita dan tingkat reproduktibilitas, dipilih 25 primer yang menghasilkan 94 fragmen/loci polimorfik. Detail nama primer, sekuen dan lokus polimorfik yang dihasilkan disajikan pada Tabel 2.

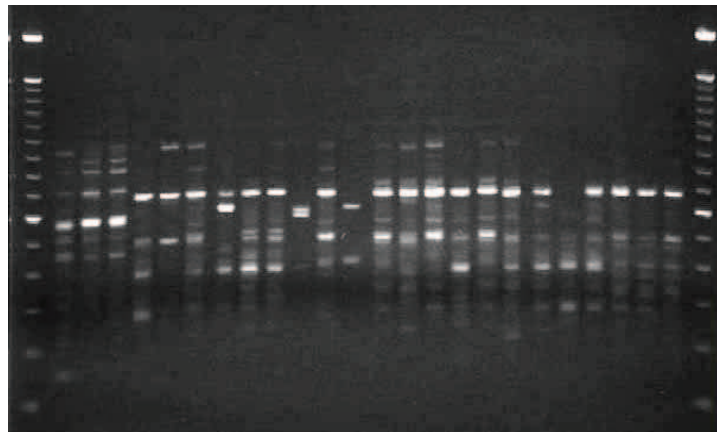
Tabel 2. Primer RAPD yang dipilih, sekuen dan lokus polimorfiknya

No	Primer	Sekuen	Lokus polimorfik (pasangan basa)
1	OPB-10	5'-CTGCTGGGAC-3'	400,450,475,550
2	OPB-17	5'-AGGGAACGAG-3'	500,550,650
3	OPC-06	5'-GAACGGACTC-3'	300,450,600,900

4	OPC-08	5'-TGGACCGGTG-3'	450,500,600,800,900
5	OPC-10	5'-TGTCTGGGTG-3'	350,400,900
6	OPC-11	5'-AAAGCTGCGG-3'	150,300,400,500,550,650,800
7	OPC-12	5'-TGTCATCCCC-3'	500,600,800,900
8	OPC-13	5'-AAGCCTCGTC-3'	450,600,650
9	OPC-14	5'-TGCCTGCTTG-3'	400,500,600,1000
10	OPC-15	5'-GACGGATCAG-3'	300,375,400,500,900,1000
11	OPH-08	5'-GAAACACCCC-3'	400,500,600,700
12	OPE-18	5'-GGACTGCAGA-3'	325,375
13	OPI-02	5'-GGAGGAGAGG-3'	600,700
14	OPI-03	5'-CAGAAGCCCA-3'	450,500,700,800
15	OPI-06	5'-AAGGCGGCAG-3'	300,350,450,600,650
16	OPI-09	5'-TGGAGAGCAG-3'	350,450,500,700,800,900
17	OPM-05	5'-GGGAACGTGT-3'	300,400,500
18	OPM-06	5'-CTGGGCAACT-3'	500,600,800,900
19	OPM-07	5'-CCGTGACTCA-3'	450,500,700
20	OPM-12	5'-GGGACGTTGG-3'	300,350,400,500
21	OPN-02	5'-ACCAGGGGCA-3'	450,600
22	OPN-04	5'-GACCGACCCA-3'	300,400,600
23	OPN-05	5'-ACTGAACGCC-3'	350,400,600
24	OPN-06	5'-GAGACGCACA-3'	300,500
25	OPN-10	5'-ACAACCTGGGG-3'	300,400,450,700

Di antara 25 primer RAPD terseleksi, primer OPC-11 memberikan jumlah lokus yang terbanyak (7 losi). Rata-rata lokus polimorfik yang dihasilkan per primer adalah 3,76, dengan rentang 2-7 losi

per primer. Set OPC memberikan jumlah primer polimorfik yang terbanyak (8 primer) dibandingkan dengan set primer RAPD yang lain. Contoh amplifikasi PCR menggunakan primer OPI-02 dapat dilihat pada Gambar 1.



Gambar 1. Profil hasil PCR menggunakan primer OPI-02

Keragaman Genetik dan Hubungan Kekerbatan

Keragaman genetik (h) dari populasi jati bervariasi antara 0,075 (Hinh) dan 0,552 (Burma) (Tabel 3). Rata-rata keragaman genetik 30 populasi jati adalah 0,184, lebih

rendah dari *Intsia bijuga* (0,296; Rimbawanto dan Widyatmoko, 2006), *Gyrinops verstegii* (0,288; Widyatmoko dkk., 2009), dan *Alstonia scholaris* (0,247; Hartati dkk., 2007), tetapi lebih tinggi daripada *Aquilaria* (0,115; Widyatmoko

dkk., 2011). Keragaman genetik populasi India bervariasi antara 0,075 (Hinh) dan 0,209 (Godavari). Sedangkan populasi lainnya (Thailand dan Indo China) mempunyai variasi genetik di antara kedua variasi genetik populasi India tersebut.

Untuk 5 populasi jati Jawa, keragaman genetik bervariasi antara 0,157 (Cepu I) dan 0,226 (Pati), dengan rata-rata 0,193. Sedangkan untuk 14 populasi jati Sulawesi, keragaman bervariasi antara 0,128 (Soppeng) dan 0,279 (Baruttungge), dengan rata-rata 0,171. Dengan demikian, keragaman genetik jati berdasarkan penelitian ini dapat dikatakan tergolong rendah (kecuali untuk populasi Burma). Kertadikara dan Prat (1995) juga melaporkan keragaman jati Indonesia yang rendah berdasarkan 18 loci polimorfik dari isoenzim. Rendahnya keragaman jati ini dapat dipahami karena jati di Indonesia merupakan hutan tanaman dan diduga berasal dari India dengan basis genetik yang sempit.

Al-Khairi (2008) melaporkan besarnya keragaman 3 populasi jati di Jawa sebesar 0,223, demikian juga dengan Lengkana (2007) yang melaporkan variasi genetik populasi jati Muna sebesar 0,278. Lebih besarnya keragaman genetik jati baik yang dilaporkan oleh Al-Khairi maupun Lengkana tersebut kemungkinan disebabkan karena perbedaan jumlah sampel dan penanda yang digunakan. Sampel yang

digunakan oleh keduanya relatif lebih sedikit (1 populasi bervariasi antara 2-4 sampel), demikian juga untuk jumlah primer dan lokus yang digunakan.

Penelitian ini menunjukkan bahwa keragaman populasi jati di Jawa relatif lebih tinggi daripada populasi jati di Sulawesi. Menurut Potter dan Lee (1998), jati di Sulawesi kemungkinan berasal dari Jawa. Dengan demikian, kemungkinan tidak semua variasi genetik jati yang ada Jawa terbawa ke Sulawesi, sehingga terjadi penurunan keragaman genetik.

Jarak genetik antar populasi yang tertinggi diperlihatkan antara populasi Burma dan Malabar (0,989) (Tabel 3), sedangkan jarak yang terendah adalah antara populasi Siam dan Malabar (0,101). Kedekatan populasi Siam (Thailand) dan Malabar (India) kemungkinan disebabkan karena dalam proses evolusi, dimana kedua populasi tersebut mempunyai struktur genetik yang sama. Kemungkinan yang lain adalah karena jumlah sampel yang dipakai adalah 6 individu per populasi. Sampel yang diambil kemungkinan belum mewakili struktur genetik populasi secara keseluruhan sehingga kedekatan kedua populasi ini bisa terjadi (sampel yang

digunakan mempunyai struktur genetik yang sama). Rata-rata jarak genetik antara populasi adalah 0,441. Berdasarkan hasil di atas, 56% dari keragaman genetik terletak di dalam populasi, sedangkan sisanya 44% terletak antar populasi. Berdasarkan hasil perhitungan menggunakan AMOVA (Tabel 4), variasi dalam populasi sebesar 69%, sedangkan sisanya terletak antar kelompok (populasi Sulawesi dan bukan Sulawesi; 16%) dan antar populasi (15%). Walaupun kedua hasil di atas menunjukkan angka yang cukup berbeda, tetapi dari kedua hasil tersebut memperlihatkan jarak genetik antar populasi jati cukup besar.

Tabel 4. Hasil perhitungan AMOVA 30 populasi jati

Sumber variasi	db	SS	MS	Total variasi	P
Antar kelompok	2	202,563	101,282	16%	0,010
Antar populasi	27	568,692	21,063	15%	0,010
Dalam populasi	60	753,333	12,556	69%	0,010
Total	89	1524,589		100%	

Jarak genetik antar populasi di luar populasi Sulawesi tidak berhubungan dengan jarak geografisnya, baik itu populasi dari luar Indonesia maupun populasi di Jawa. Misalnya rata-rata jarak genetik antar populasi di India adalah sebesar 0,504, jauh lebih besar daripada jarak genetik antara populasi Kay (Indo China) dengan populasi-populasi India. Untuk populasi di Jawa, jarak genetik Ponorogo (Jawa Timur) dengan Gundih

(Jawa Timur) lebih besar daripada jarak genetik Ponorogo dengan Cepu I dan Cepu II (0,310). Mengingat populasi di Jawa merupakan hutan tanaman, sebaran variasi genetik pada populasi-populasi tersebut lebih dipengaruhi oleh pengaruh campur tangan manusia dibandingkan dengan aliran gen secara alami.

Jarak genetik antar populasi Sulawesi dan populasi Jawa sebesar 0,515. Untuk populasi Sulawesi, rata-rata jarak

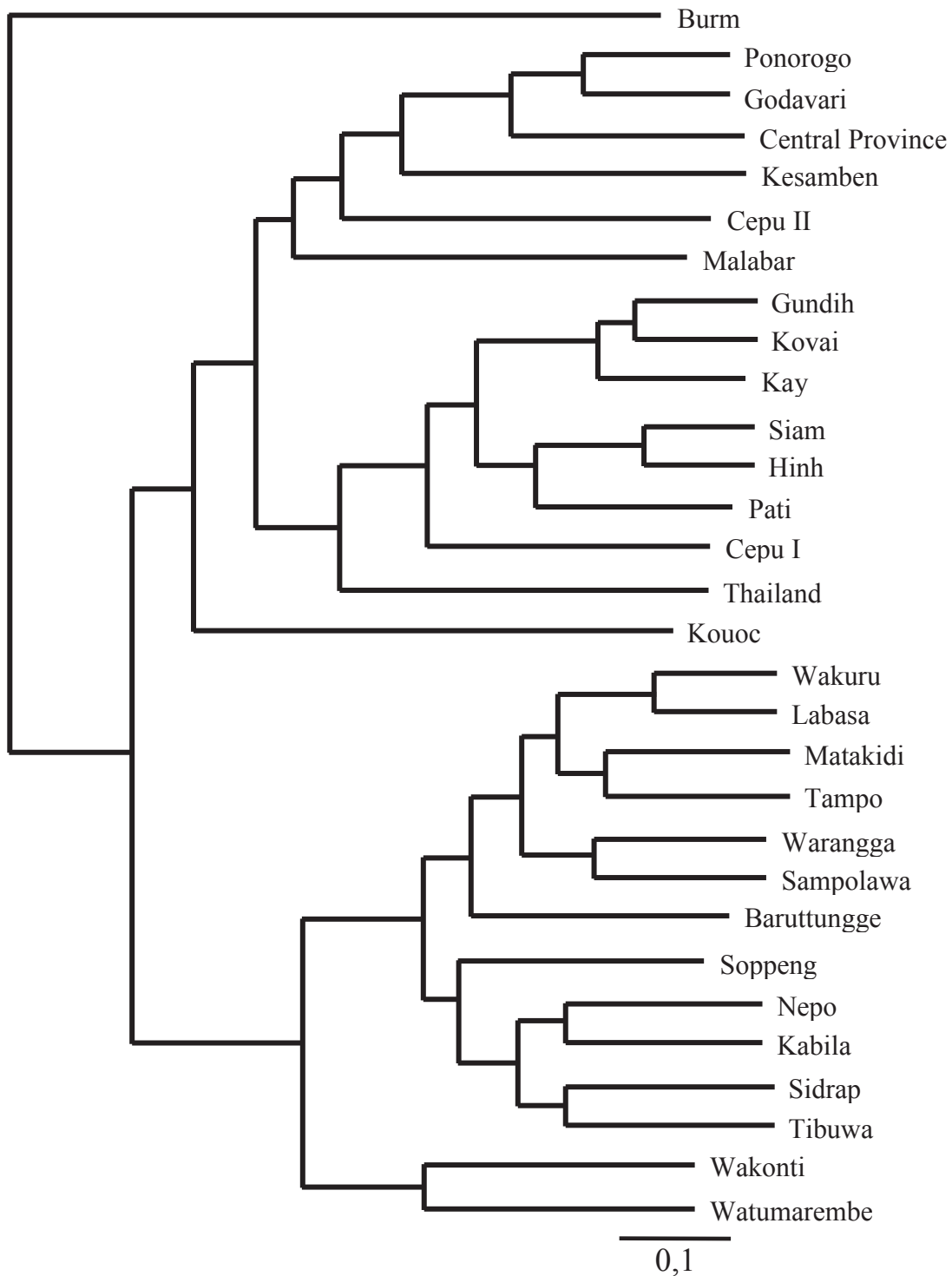
genetik antar populasi sebesar 0,280. Jarak genetik yang terdekat adalah antara populasi Wakuru dan Labasa (0,132), sedangkan yang terbesar adalah antara Labasa dan Wakonti (0,581). Populasi Wakuru dan Labasa terletak di Pulau Muna, sehingga secara geografis letaknya berdekatan. Sedangkan populasi Wakonti terletak di Pulau Buton, yang secara geografis terpisah dari Pulau Muna. Dengan demikian, untuk populasi jati di Sulawesi jarak genetik berhubungan erat dengan jarak geografisnya. Hutchison dkk. (1999) melaporkan korelasi yang signifikan antara jarak genetik dan jarak geografis.

Nybom dan Bartish (2000) menyatakan bahwa penanda RAPD merupakan metode yang cukup sensitif dalam mendeteksi struktur genetik populasi. Dengan demikian, jumlah sampel dapat mempengaruhi besarnya jarak genetik antar populasi yang diperoleh. Khanlou dkk. (2011) mengatakan bahwa minimum sampel untuk analisis keragaman genetik adalah 20. Sedangkan Hale dkk. (2012) mengatakan bahwa estimasi frekuensi alel bisa akurat apabila jumlah sampel per populasi adalah 25-30 individu.

Berdasarkan informasi nilai jarak genetik antar-populasi, dendogram disusun menggunakan metode UPGMA untuk mengetahui hubungan kekerabatan antar 30

populasi jati (Gambar 2). Secara garis besar, 30 populasi terbagi menjadi 3 kelompok. Kelompok pertama terdiri dari populasi Burma, kelompok kedua terdiri dari populasi Jawa, India, Indochina dan Thailand (yang dikoleksi dari uji provenans), sedangkan kelompok ketiga disusun oleh seluruh populasi yang terdapat di Sulawesi.

Kelompok kedua dapat dibagi lagi menjadi 3 sub-kelompok, tetapi pembentukan sub-kelompok tidak mencerminkan hubungannya dengan jarak geografis. Hanya saja terlihat bahwa populasi Kouoc (India) terbentuk terlebih dahulu sebelum populasi lainnya. Kelompok ketiga yang tersusun dari 14 populasi yang terdapat di Sulawesi, membentuk 3 sub-kelompok. Sub kelompok pertama terdiri dari Wakonti dan Watumarembé (Sulawesi Tenggara), sub-kelompok kedua terdiri dari populasi Sulawesi Tenggara lainnya ditambah Baruttgartge (Sulawesi Selatan), sedangkan sub kelompok ketiga tersusun oleh populasi Sulawesi Selatan lainnya dan Gorontalo. Lengkana (2007) melaporkan tidak adanya hubungan antara jarak genetik dengan jarak geografis antara populasi di Jawa dan Muna.



Gambar 2. Dendrogram hubungan kekerabatan 30 populasi jati

Hasil pengelompokan 30 populasi jati berdasarkan UPGMA (dendrogram) di atas juga didukung oleh hasil analisis menggunakan *Principal Coordinates*

(PCoA) (Gambar 3). Populasi Sulawesi mengelompok menjadi satu dan terpisah dengan populasi lainnya. Demikian juga

eksploitasi di Muna. Menurut hasil penelitian ini, populasi jati di Muna dan sekitarnya (termasuk populasi lainnya di Sulawesi) secara genetik terpisah jauh dari populasi Jawa. Dengan demikian, walaupun dulunya berasal dari Jawa, jati di Muna dapat dikatakan sudah menjadi ras lahan sendiri yang berbeda dengan jati di Jawa.

Manfaat Hasil Penelitian untuk Identifikasi Asal-usul Benih Jati

Di dalam pendahuluan telah disebutkan mengenai banyaknya merek benih jati yang beredar di masyarakat dan masing-masing pemilik merek tersebut mengatakan bahwa benihnya tersebut adalah benih unggul yang berasal dari daerah atau sumber benih tertentu. Kebenaran mengenai asal-usul benih tersebut tidak dapat dibuktikan berdasarkan karakter morfologi dari masing-masing benih tersebut. Salah satu alat yang dapat mendeteksi atau mengidentifikasi asal-usul adalah penanda DNA.

Asal-usul dari benih jati tersebut dapat dideteksi atau diidentifikasi apabila tersedia beberapa informasi, seperti diperolehnya penanda spesifik yang dapat membedakan antar populasi atau sumber benih, atau terdapatnya perbedaan struktur genetik yang jelas antara populasi atau sumber benih tersebut. Basha dan Sujatha (2007) dapat membedakan dua wilayah sebaran *Jatropha curcas* berdasarkan

penanda spesifik berupa penanda SCAR. Pada penelitian ini belum ditemukan atau diperoleh penanda spesifik, tetapi diperoleh informasi jarak genetik yang cukup jauh antar populasi atau kelompok populasi. Jarak genetik rata-rata antar populasi adalah 0,441, jarak genetik rata-rata antara populasi Sulawesi dan non-Sulawesi sebesar 0,525, sedangkan antar populasi Sulawesi dan Jawa sebesar 0,515. Untuk populasi yang terdapat di Sulawesi, rata-rata jarak genetik antar populasi Sulawesi Tenggara dan non-Sulawesi Tenggara adalah 0,292. Jarak genetik yang besar tersebut dibuktikan dengan pengelompokan populasi yang jelas pada dendrogram yang dihasilkan. Dengan besarnya jarak genetik antar populasi atau kelompok populasi tersebut, kemungkinan besar benih yang berasal dari Sulawesi dan Jawa dapat dibedakan. Dari 94 loci polimorfik yang digunakan dalam penelitian ini, lokus C08-800 (primer OPC-08 dengan panjang fragmen 800 bp) dan lokus C08-900 (primer OPC-08 dengan panjang fragmen 900 bp) dapat digunakan untuk membedakan kedua pulau. Pada lokus C08-800, semua sampel Jawa tidak ada amplifikasi (0), sedangkan seluruh sampel populasi Sulawesi terdapat amplifikasi (1). Demikian pula untuk lokus C08-900, hanya saja masih ada 3 individu dari Populasi Sulawesi yang tidak ada amplifikasinya (0). Untuk pembedaan ke dalam populasi atau

kelompok populasi yang lebih kecil, seperti masih terdapat kesulitan karena belum jelasnya dendrogram dari kelompok kecil tersebut. Dengan menambah primer RAPD, atau dengan menambah informasi struktur genetik menggunakan penanda DNA yang lain, identifikasi asal-usul benih berdasar populasi atau kelompok populasi yang lebih kecil/sempit dapat dilakukan.

IV. KESIMPULAN

Pengetahuan tentang keragaman genetik dan hubungan kekerabatan yang diperoleh dari penelitian ini sangat bermanfaat untuk mempertahankan keragaman genetik pada tingkat populasi dasar. Penelitian ini menunjukkan bahwa sebagian besar keragaman terdapat di dalam populasi, sedang sisanya di antara populasi. Dalam konteks pemuliaan pohon, pengambilan materi genetik dari sebanyak mungkin individu-individu pohon di dalam populasi lebih menjamin keragaman yang tinggi untuk pembangunan populasi pemuliaan. Jarak genetik yang relatif cukup besar, baik antar wilayah maupun populasi, memberikan informasi untuk tetap memperhatikan sebaran wilayah maupun jumlah populasi dalam pengambilan materi genetik tersebut. Dengan demikian, strategi pemuliaan jati harus mengedepankan pengambilan sampel dari sebanyak mungkin individu pohon dari satu populasi,

tanpa mengabaikan perwakilan wilayah maupun jumlah populasinya.

DAFTAR PUSTAKA

- Al-Khairi. 2008 Keragaman Genetik Antar Populasi Jati (*Tectona grandis*, Linn.f.) menggunakan Penanda RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA). Program Studi Budi Daya Hutan, Fakultas Kehutanan, Institut Pertanian Bogor
- Altona, T. 1922. Teak and Hindoos, origin of teak in Bodjonegoro (Java). *Tectona* 15:457-507
- Basha, S. D dan Sujatha, E. M. 2007. Inter and intra-population variability of *Jatropha curcas* (L.) characterized by RAPD and ISSR markers and development of population-specific SCAR markers. *Euphytica* 156:375–386
- Boer, D. 2007. Keragaman dan Struktur Genetik Populasi Jati Sulawesi Tenggara Berdasarkan Marka Mikrosatelit. Program Studi Budi Daya Hutan, Fakultas Kehutanan, Institut Pertanian Bogor
- Dah, U. S. E. dan Baw, U. S. 2000. Regional Teak Marketing and Trade. Proceeding of Third Regional Seminar on Teak: "Potentials and Opportunities in Marketing and Trade of Plantation: Challenge for the New Millenium". pp 3-20
- Hale, M. L., Burg, T. M. dan Steeves, T. E. 2012. Sampling for microsatellite-based population genetic study: 25-30 individuals per population is enough to accurately estimate allele frequencies. *PloS One* 7(9):e45170
- Hartati, D., Rimbawanto, A., Taryono, Sulistyaningsih, E. dan Widyatmoko, AYPBC. 2007. Pendugaan keragaman genetik di dalam dan antar provenan Pulau menggunakan penanda RAPD. *Jurnal Pemuliaan Tanaman Hutan*, 1(2): 51-98.
- Hedegart, T. 1976. Breeding systems variation and genetic improvement of Teak (*Tectona grandis*). In Burley, J. And Styles, B. T. (Eds.), *Tropical Trees: Variation Breeding and Conservation*. p.

- 109-121. Linn. Soc. Symp. Ser. No. 2, London Academic Press
- Hutchison, D. W. dan Templeton, A. R. 1999. Correlation of pairwise genetic and geographic distance measures: Inferring the relative influences of gene flow and drift on the distribution of genetic variability. *Evolution* 53(6): 1898-1914
- Ibañez, M. T., Caru, M., Herrera, M. A., Gonzalez, L., Martin, L. M. Miranda, J. dan Navarro-Cerrillo, R. M. 2009. Clonal identification of *Sequoia sempervirens* (D. Don) Endl. in Chile by using PCR-RAPDs technique. *Zhejiang Univ Sci B.*, 10(2):112-119
- Khanlou, K. M., Vandepitte, K., Asl, K. L. dan Bockstaele, E. 2011. Towards an optimal sampling strategy for assessing genetic variation within and among white clover (*Trifolium repens* L.) cultivars using AFLP. *Genetics and Molecular Biology* 34 (2): 252-258
- King, J. P. 1964. Seed Source x Environment Interactions in Scotch Pine. *Silvae Genetica* 14 (5): 141-148
- Kertadikara, A.W.S. dan Prat, D. 1995. Isozyme variation among teak (*Tectona grandis* L.f.) provenances. *Theoretical and Applied Genetics* 90:803-810
- Lengkana, F. 2007. Keragaman Jati Muna dan jati Jawa (*Tectona grandis* L.f.) berdasarkan Penanda Genetik PCR-RFLP dan RAPD. Program Studi Budi Daya Hutan, Fakultas Kehutanan, Institut Pertanian Bogor.
- Nei, M. 1973. Analysis of genetic diversity in subdivided populations. *Proceedings National Academy Science USA* 70: 3321-3323
- Nei, M. 1978. Estimate of a average heterozygosity and genetic distance from a small number of individual. *Genetics* 89: 583-590
- Nybom, H. dan Bartish, I. V. 2000. Effects of life history traits and sampling strategies on genetic diversity estimates obtained with RAPD markers in plants. *Perspectives in Plant Ecology, Evolution and Systematics* 3(2):93-114
- Peakall, R. dan Smouse P. E. 2006. GenA1Ex 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular Ecology Notes* 6: 288-295
- Potter, L. dan Lee, J. 1998. Tree Planting in Indonesia: Trends, Impacts and Directions. Occasional Paper No 18, CIFOR
- Prihatini, I., Isoda, K. dan Rimbawanto, A. 2002. Studi pendahuluan identifikasi klon jati (*Tectona grandis*) menggunakan marker RAPD. *Buletin Penelitian Pemuliaan Pohon* 6(1):1-9
- Rimbawanto, A. dan Widyatmoko, AYPBC. 2006. Keragaman genetik empat populasi *Intsia bijuga* berdasarkan penanda RAPD dan implikasinya bagi program konservasi genetik. *Jurnal Penelitian Tanaman Hutan* 3(3):149-154
- Rimbawanto, A. dan Widyatmoko, AYPBC. 2011. Identifikasi *Aquilaria malaccensis* dan *A. microcarpa* menggunakan penanda RAPD. *Jurnal Pemuliaan Tanaman Hutan* 5:23-30
- Rimbawanto, A., Isoda, K. dan Suharyanto, 2003. Clonal identification of teak using SCAR markers. *Journal of Tropical Forest Science* 10 (1):77-80
- Runtuuwu, D.S, Rogi, J. E. X. dan Palendeng, J.H. Identifikasi varietas kentang "Superjohn" berdasarkan penanda RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*). *Eugenia* 17:52-59
- Setyaji, T. 2011. Interaksi Genotip x Lingkungan pada Kebun Benih Semai Uji Keturunan Generasi Kedua (F-2) *Acacia mangium* Willd. di Empat Lokasi di Sumatera dan Kalimantan (Tesis, tidak dipublikasikan). Program S2 Program Studi Kehutanan, Fakultas Kehutanan, Universitas Gadjah Mada
- Shiraishi, S. dan Watanabe A. 1995. Identification of chloroplast genome between *Pinus densiflora* Sieb.et. Zucc. and *P. thunbergii* Parl. based on the polymorphism in rbcL gene. *Journal of Japan Forest Society* 77:429-436.
- Simon, H. 2000. Hutan jati dan kemakmuran.: Problematika dan strategi pemecahannya. BIOGRAF Publishing. Yogyakarta
- Watanabe, A. Widyatmoko, AYPBC., Rimbawanto, A. dan Shiraisi, S. 2004. Discrimination of Teak (*Tectona grandis*) plus trees using selected random amplified polymorphic DNA (RAPD) markers. *Journal of Tropical Forest Science* 16 (1):17-25

- Widyatmoko, AYPBC, Afrianti, R. D., Taryono dan Rimbawanto, A. 2009. Keragaman Genetik Lima Populasi *Gyrinops verstegii* di Lombok menggunakan Penanda RAPD. Jurnal Pemuliaan Tanaman Hutan, 3:1-10
- Widyatmoko, AYPBC, Ariningsih, E. D. dan Prasetyaningsih, A. 2011. Keragaman genetik dan hubungan kekerabatan pada tiga jenis *Aquilaria* menggunakan penanda RAPD. Jurnal Pemuliaan Tanaman Hutan 5: 139-148
- Widyatmoko, AYPBC. dan Shiraisi, S. 2001. Identification of *Acacia auriculiformis* and *A. mangium* using RAPD markers. Bulletin of Kyushu Branch of the Japanese Forest Society 54:55-56
- Widyatmoko, AYPBC. dan Shiraisi, S. 2003. Species-specific RAPD markers for identification of *Acacia mangium* and *A. auriculiformis*, and their hybrid. Bulletin of Kyushu Branch of the Japanese Forest Society 56:66-68
- Williams., J. G. K., Kubelik, A. R., Livak, K. J., Rafalski, J. A. dan Tingey, S. V. 1990. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. Nucleic Acids Research 18:6531-6535
- Yeh, F., Rongcai, Y. dan Boyle, T. 2000. POPGENE-1.32: A free program for the analysis of genetic variation among and within populations using co-dominant and dominant markers. Department of Renewable Resources at the University of Alberta, Canada. At <http://www.ualberta.ca/~fyeh/index.htm>.
- Yuskianti, V. 2009. Identifikasi klon jati (*Tectona grandis* Linn F.) menggunakan Penanda SCAR (*Sequence Characterized Amplified Region*). Jurnal Pemuliaan Tanaman Hutan 3:139-146