

**KERAGAMAN GENETIK EMPAT POPULASI *Arenga pinnata* MERR
BERDASARKAN PENANDA ISOZIM**

Genetic Diversity of Four Populations of Arenga pinnata MERR Revealed by Isozyme Markers

Liliek Haryjanto, Prastyono dan Burhan Ismail

Balai Besar Penelitian Bioteknologi dan Pemuliaan Tanaman Hutan

Jl. Palagan Tentara Pelajar Km. 15, Purwobinangun, Pakem, Sleman, Yogyakarta 55582

Telp. (0274) 895954, 896080, Fax. (0274) 896080

ABSTRACT

Aren tree or Sugar Palm (Arenga pinnata Merr) is one of bioethanol-producer which has advantages compared to other plant producing bioethanol. This study is aimed to determine the genetic diversity of aren tree populations in its natural distribution. Genetic diversity of four populations were investigated by isozyme markers with 4 enzyme systems namely Esterase (EST), Glutamate oxaloacetate transaminase (GOT), Diaphorase (DIA) and 6-Phosphogluconate dehydrogenase (6Pg). The number of alleles identified by 9 alleles are distributed on four polymorphic loci. The research revealed that mean alleles per locus was 2.2500. The mean effective number of alleles per polymorphic locus was 1.8377. All loci were of polymorphic. The mean genetic diversity within population was 0.4381 and the proportion of genetic variation among populations was 0.0702. The UPGMA cluster analysis based on Nei's standard genetic distance reflected two main clusters. The first cluster consisted of Central Java and South Kalimantan populations; while second cluster included the populations of Bengkulu and North Sulawesi.

Key Words : *Arenga pinnata Merr, isozyme, genetic diversity, bio-ethanol*

ABSTRAK

Aren (*Arenga pinnata* Merr) merupakan salah satu jenis penghasil bioetanol yang memiliki keunggulan dibanding dengan tumbuhan penghasil bioetanol lain. Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui besarnya keragaman genetik populasi-populasi aren dari sebaran alamnya. Keragaman genetik keempat populasi dideteksi dengan penanda genetik isozim dengan 4 sistem enzim yaitu Esterase (EST), Glutamate oxaloacetate transaminase (GOT), Diaphorase (DIA) dan 6-Phosphogluconate dehydrogenase (6Pg). Jumlah alel yang teridentifikasi sebanyak 9 alel yang tersebar pada empat lokus polimorfik. Rata-rata alel per lokus sebesar 2,2500. Rata-rata alel efektif per lokus sebesar 1,8377. Semua lokus bersifat polimorfik. Rata-rata keragaman genetik dalam populasi sebesar 0,4381 dan antar populasi sebesar 0,0702. Analisis kluster UPGMA berdasarkan jarak genetik standar Nei dapat membagi menjadi 2 kluster yaitu kluster pertama meliputi populasi Jawa Tengah dan Kalimantan Selatan; kluster kedua meliputi populasi Bengkulu dan Sulawesi Utara.

Kata Kunci : *Arenga pinnata* MERR, isozim, keragaman genetik, bioetanol

I. PENDAHULUAN

Aren (*Arenga pinnata* Merr) merupakan salah satu sumber bioetanol yang sudah dikenal secara tradisional dalam bentuk minuman beralkohol. Tanaman ini sebarannya meliputi wilayah Asia Tenggara yang meliputi Indonesia, Serawak, Filipina, Vietnam, Kamboja, Laos, Thailand, dan Burma serta sebagian wilayah Asia Selatan meliputi Assam, Pakistan dan Sepanjang pesisir Timur India (Miller, 1964). Di Indonesia aren ditemukan hampir di seluruh wilayah terutama di 14 propinsi: Papua, Maluku, Maluku Utara, Sumatera Utara, Sumatera Barat, Jawa Barat, Jawa Tengah, Banten, Sulawesi Utara, Sulawesi Selatan, Sulawesi Tenggara, Bengkulu, Kalimantan Selatan dan Nangroe Aceh Darussalam. Total luas areal di 14 propinsi sekitar 70.000 ha. (Maliangkay, 2008).

Bioetanol merupakan sumber energi alternatif seiring dengan menipisnya energi yang bersumber dari fosil seperti minyak bumi. Sebagai penghasil bioetanol, aren memiliki kelebihan dibandingkan dengan bahan baku bioetanol lainnya seperti singkong dan jagung (tanaman penghasil pati) dikarenakan hanya diperlukan satu tahap saja yaitu fermentasi, sedangkan bioetanol yang berasal dari tumbuhan berpati memerlukan hidrolisis ringan untuk mengubah polimer pati menjadi gula sederhana.

Aren sebagai bahan baku bioetanol memiliki potensi sangat besar. Dari sebatang pohon aren diperoleh 15-20 liter nira/hari. Untuk menghasilkan satu liter bioetanol dibutuhkan 15 liter nira. Jika satu tahun aren disadap selama 200 hari, maka setiap pohon akan menghasilkan 200 liter bioetanol/tahun. Angka ini bila dipakai untuk memperkirakan produksi bioetanol dari aren

yang tumbuh di Minahasa Utara sebanyak 2 juta pohon akan menghasilkan 400 juta liter/tahun (Anonim, 2008).

Pengetahuan keragaman genetik penting untuk kepentingan konservasi maupun program pemuliaan pohon. Keragaman genetik tidak hanya untuk menjamin kemampuan adaptasi suatu spesies, tetapi juga diperlukan untuk kelangsungan proses evolusi suatu jenis (Namkoong dkk., 1996 dalam Murillo, 2005). Pengkajian keragaman genetik antar individu atau antar populasi merupakan aspek penting dalam upaya pelestarian dan pemanfaatan sumberdaya genetik tanaman. Dalam program pemuliaan pohon, optimalisasi atau maksimalisasi perolehan genetik akan sifat-sifat tertentu dapat dicapai manakala ada cukup peluang untuk melakukan seleksi gen untuk sifat yang diinginkan (Na'iem, 2001).

Penggunaan polimorfisme isozim telah dilakukan secara luas khususnya untuk studi keragaman genetika populasi yang bermanfaat untuk program pemuliaan dan konservasi. Menurut Na'iem (2000), kelebihan penggunaan isozim adalah mudah dalam memisahkan antara genotipe homozigot dan heterozigot pada individu, tidak terpengaruh oleh lingkungan dan resesifitas gen, dapat diidentifikasi dengan materi dari berbagai jaringan dengan jumlah sampel banyak dan waktu singkat. Penelitian tentang keragaman genetik jenis ini belum banyak dilakukan. Oleh karena itu penelitian ini dilakukan untuk mengetahui besarnya keragaman genetik populasi-populasi aren dari sebaran alamnya untuk mendukung kegiatan konservasi dan pemuliaan jenis tersebut.

II. METODE PENELITIAN

Sampel daun aren dikumpulkan dari 4 populasi dan diambil 20-22 pohon tiap populasi secara random. Populasi dipilih berdasarkan perbedaan geografis tempat tumbuh. Menurut Hamrick dan Godt (1989), distribusi geografis berpengaruh pada jumlah dan distribusi keragaman genetik dalam spesies pohon. Informasi nama populasi, letak geografis, ketinggian tempat, jumlah sampel disajikan pada Tabel 1.

Elektroforesis

Pelaksanaan elektroforesis dilakukan di Laboratorium Pemuliaan Pohon Fakultas Kehutanan UGM dengan mengikuti prosedur dari Seido (1993) sebagai berikut:

Sampel sebanyak 100 mg diekstraksi menggunakan 0,1 *extract buffer*, kemudian disentrifugasi selama 20 menit dengan kecepatan 15.000 rpm pada suhu 0°C, sehingga terbentuk dua bagian terpisah, yaitu larutan bening yang disebut *supernatant* yang digunakan dalam penelitian dan endapan (*pellet*) dibuang. Gel *polyacrilamide* yang terdiri atas *running gel* (kepekatan 7,5%) dan *spacer gel* (kepekatan 3,75%) disiapkan. *Supernatant* disuntikkan ke dalam gel padat sebanyak 10-20 µl untuk tiap lubang sampel.

Lima sistem enzim yang digunakan yaitu *Peroxidase* (POD, E.C. Nomor 1.11.1.7.), *Glutamate oxaloacetate transaminase* (GOT, E.C Nomor 2.6.1.1), *Esterase* (EST, E.C. Nomor 3.1.1.), *6-Phospogluconate dehydrogenase* (6Pg, E.C Nomor 1.1.1.44) dan *Diaphorase* (DIA, E.C. Nomor 2.6.4.3.). Proses elektroforesis berjalan pada suhu 4°C selama 180-200 menit dengan arus listrik sebesar 100mA. Gel diwarnai dengan menggunakan larutan *staining* kemudian difiksasi, dikeringkan dan disimpan dengan menambahkan identitas pada tiap-tiap gel berupa nama sampel, populasi, tanggal elektroforesis, sistem enzim yang digunakan dan nomor sampel. Untuk pengamatan keragaman genetik pada gel tersebut maka dilakukan perhitungan dengan *software* Popgene ver 1.31.

Analisis Data

1. Variasi genetik dalam populasi

Masing-masing populasi dihitung frekuensi alel, persentase lokus polimorfik (P), rerata jumlah alel per lokus (A), jumlah 'efektif' alel per lokus (v ; *allelic diversity*), heterozigositas harapan (H_e : *expected heterozygosity*), dan heterozigositas yang teramati (H_o : *observed heterozygosity*).

Tabel 1. Populasi aren yang digunakan dalam penelitian

No	Populasi	Letak geografis	Ketinggian tempat (m dpl)	Jumlah sampel
1.	Temanggung, Jawa Tengah	07°07'29,4" - 08°08'02,2" LS; 110°03'16" - 110°03'46" BT	500-750	22
2.	Banjar, Kalimantan Selatan	03°25'19" - 03°25'53" LS; 114°54'21" - 114°54'50" BT	12-24	20
3.	Sulawesi Utara (Bitung, Minahasa, Tomohon)	21°31'4" - 29°50' 1" LU; 124°49'20" - 125°06'45" BT	112-876	21
4.	Rejang Lebong, Bengkulu	03° 28' 34,4" - 03° 28' 46,0" LS; 102° 34' 26,0" - 102° 34' 55,8" BT	893-945	20

2. Variasi genetik antar populasi

- a. Struktur genetik suatu populasi yang terbagi dapat dianalisis dengan menggunakan F -statistik (Wright 1943, dalam Yeh, 2000) yaitu F_{IS} , F_{IT} , F_{ST} . F_{IS} adalah rerata koefisien *inbreeding* individu dalam sub populasi. F_{IT} adalah rerata koefisien *inbreeding* individu relatif terhadap total populasi. F_{ST} adalah rerata koefisien *inbreeding* sub populasi relatif terhadap total populasi karena seleksi atau damparan genetik.
- b. G_{ST} (Nei, 1987), yaitu nilai relatif dari perbedaan gen antar subpopulasi
- c. Jarak genetik standar menurut Nei (D_S ; Nei, 1972), yang paling banyak digunakan di antara banyak taksiran jarak genetik yang menggunakan perbedaan frekuensi alel antar populasi.

- d. Analisis kluster/kelompok dengan *Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean* (UPGMA).

III. HASIL DAN PEMBAHASAN

A. Keragaman genetik dalam populasi

Dari kelima sistem enzim yang digunakan, hanya empat sistem enzim yang dapat mendeteksi lokus polimorfik yaitu EST, GOT, DIA dan 6Pg. Sistem enzim POD tidak menunjukkan adanya pola pita berkas.

Frekuensi alel bervariasi pada masing-masing lokus dari keempat populasi aren (Tabel 2). Jumlah alel yang teridentifikasi dari 83 individu yang berasal dari 4 populasi aren sebanyak 9 alel yang terdistribusi pada 4 lokus polimorfik.

Tabel 2. Frekuensi alel 4 lokus polimorfik dari 4 populasi aren

Lokus	Alel	Populasi			
		Jawa Tengah	Kalimantan Selatan	Bengkulu	Sulawesi Utara
<i>Est-1</i>	a	0,5227	0,5500	0,5500	0,5000
	b	0,4545	0,3750	0,3500	0,4762
	c	0,0228	0,0750	0,1000	0,0238
<i>Got-1</i>	a	0,6591	0,6500	0,6053	0,7857
	b	0,3409	0,3500	0,3947	0,2143
<i>Dia-1</i>	a	0,6500	0,9474	0,3611	0,4706
	b	0,3500	0,0526	0,6389	0,5294
<i>6Pg-1</i>	a	0,7857	0,8000	0,5625	0,6250
	b	0,2143	0,2000	0,4375	0,3750

Tabel 3. Keragaman genetik pada 4 lokus dari 4 populasi aren

Populasi	A	ν	P	H_o	H_e	F
Jawa Tengah	2,25	1,8101	100	0,5912	0,4402	-0,3432
Kalimantan Selatan	2,25	1,6612	100	0,5263	0,3565	-0,4764
Bengkulu	2,25	2,0100	100	0,7384	0,4991	-0,4794
Sulawesi Utara	2,25	1,8695	100	0,6147	0,4566	-0,3461
Rata-rata	2,25	1,8377	100	0,6176	0,4381	-0,4113

Rata-rata jumlah alel efektif per lokus (v) lebih rendah dari rata-rata jumlah alel secara aktual per lokus (A) seperti disajikan pada Tabel 3. Hal ini mengindikasikan di dalam populasi-populasi tersebut ada sejumlah alel yang frekuensinya rendah dan relatif sedikit mempengaruhi variasi genetik dalam populasi yaitu alel c pada semua populasi.

Hasil pengamatan terhadap jumlah dan persentase lokus polimorfik (P) pada taraf kepercayaan 0,95 menunjukkan lokus polimorfik pada semua populasi. Hasil ini lebih tinggi daripada jenis-jenis konifer sebesar 67,7% (Hamrick dkk., 1981), 60,9% untuk tanaman tropis dari Amerika Tengah (Hamrick dan Loveless, 1989) dan 56,3% tanaman dari Australia (Moran, 1992).

Nilai heterozigositas teramati (H_o) berkisar antara 0,5263 (Kalimantan Selatan) hingga 0,7384 (Bengkulu) dengan rata-rata 0,6176. Nilai ini lebih tinggi bilamana dibandingkan dengan jenis lain yang masih satu famili (*Palmae*) seperti kelapa (*Cocos nucifera* L) dari India sebesar 0,26 (Geethalakshmi dkk., 2005). Tingginya nilai ini kemungkinan karena terjadinya penyerbukan silang di antara individu dalam populasi karena penyerbukannya dibantu oleh lebah (Henderson, 1986; Elberson dan Oyen, 2010) yang memiliki kemampuan terbang jauh. Kemungkinan lain tingginya nilai H_o karena ukuran sampelnya yang kecil ± 20 pohon per populasi. Nilai

heterozigositas teramati (H_o) lebih tinggi daripada nilai H_e pada semua populasi yang berarti pada semua populasi jumlah individu bergenotipe heterozigot lebih banyak daripada jumlah individu yang bergenotipe homozigot.

B. Diferensiasi dan kekerabatan genetik antar populasi

Nilai koefisien silang dalam (F_{IS}) pada semua lokus negatif kecuali lokus *Dia-1* dengan rata-rata -0,4100 (Tabel 4). Hal ini mengindikasikan ada deviasi terhadap hukum Ekuilibrium Hardy-Weinberg dimana jumlah individu bergenotipe heterozigot lebih banyak daripada jumlah individu yang bergenotipe homozigot. Koefisien silang dalam yang negatif menunjukkan individu-individu tidak terjadi *inbreeding* dalam populasi tersebut. Nilai koefisien silang dalam negatif berarti pula heterozigositas dalam populasi tersebut masih cukup terjaga. Rata-rata nilai F_{IT} sebesar -0,3109 menunjukkan setiap individu dalam total populasi kelebihan genotipe heterozigot sebesar 31,09%.

Perbedaan genetik antar populasi yang diukur dari F_{ST} sebesar 0,0702 hampir setara dengan G_{ST} 0,0703 (Tabel 5). Hal ini menunjukkan total variasi genetik yang ada berasal dari variasi genetik antar populasi sebesar 7,02% sedangkan 92,98% berasal dari variasi genetik dalam populasi. Distribusi seperti ini sesuai

Tabel 4. Ringkasan F-statistik pada 4 lokus dari 4 populasi aren

Lokus	F_{IS}	F_{IT}	F_{ST}
<i>Est-1</i>	-0,6953	-0,6818	0,0080
<i>Got-1</i>	-0,4571	-0,4272	0,0205
<i>Dia-1</i>	1,1649	0,3371	0,2063
<i>6Pg-1</i>	-0,5167	-0,4424	0,0490
Rata-rata	-0,4100	-0,3109	0,0702

dengan pendapat Hamrick dan Godt (1989) yang menyebutkan bahwa pada umumnya jenis tumbuhan berkayu yang penyebarannya luas, sistem reproduksinya *outcrossing* dan penyebaran bijinya luas cenderung mempunyai keragaman genetik dalam populasi lebih besar daripada keragaman genetik antar populasi. Kelapa (*Cocos nucifera* L) dilaporkan oleh Niral dkk. (2007) juga memiliki variasi genetik dalam populasi lebih besar daripada antar populasi. Besarnya nilai keragaman genetik dalam populasi dibandingkan antar populasi dapat dimungkinkan karena terjadinya proses adaptasi

dengan lingkungannya (Widyatmoko dkk., 2009). Rata-rata G_{ST} di antara keempat populasi aren adalah 0,0703 yang dapat diklasifikasikan sedang (Yeh, 2000).

Hubungan kekerabatan antar populasi hasil analisis kluster *Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean Analysis* (UPGMA) berdasarkan jarak genetik standar menurut Nei (1972) pada Tabel 6 disajikan pada Gambar 1.

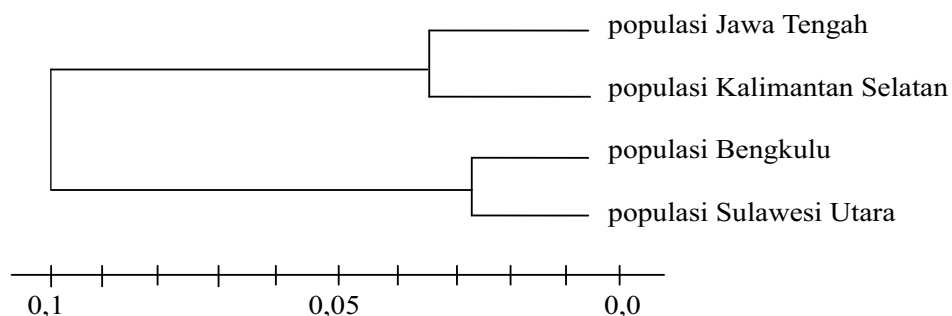
Berdasarkan analisis kluster, hubungan kekerabatan genetik antar keempat populasi aren dapat dikelompokkan menjadi 2 kluster, yaitu

Tabel 5. Ringkasan nilai H_T , H_S , D_{ST} dan G_{ST} pada 4 lokus dari 4 populasi aren

Lokus	H_T	H_S	D_{ST}	G_{ST}
<i>Est-1</i>	0,5440	0,5397	0,0043	0,0080
<i>Got-1</i>	0,4387	0,4297	0,0090	0,0205
<i>Dia-1</i>	0,4770	0,3786	0,0984	0,2063
<i>6Pg-1</i>	0,4253	0,4044	0,0208	0,0490
Rata-rata	0,4712	0,4381	0,0331	0,0703

Tabel 6. Jarak genetik (bawah diagonal) dan identitas genetik (atas diagonal) dari 4 populasi aren berdasarkan *Nei's standard genetic distance* (1972)

Populasi	Jawa Tengah	Kalimantan Selatan	Bengkulu	Sulawesi Utara
Jawa Tengah	-----	0,9634	0,9331	0,9663
Kalimantan Selatan	0,0373	-----	0,8305	0,8835
Bengkulu	0,0693	0,1857	-----	0,9718
Sulawesi Utara	0,0343	0,1239	0,0286	-----



Gambar 1. Hubungan kekerabatan 4 populasi aren berdasarkan jarak genetik standar menurut Nei (1972) dengan metode UPGMA

klaster pertama meliputi populasi Temanggung (P. Jawa) dan Kalimantan Selatan (P. Kalimantan); klaster kedua populasi Bengkulu (P. Sumatera) dan Sulawesi Utara (P. Sulawesi). Pola pengelompokan populasi dan jarak genetik tidak memperlihatkan hubungan yang nyata dengan letak geografis. Hal ini kemungkinan karena terbatasnya aliran genetik (*gene flow*) antar populasi akibat adanya isolasi oleh laut. Beberapa penelitian juga menunjukkan tidak adanya hubungan antara pola pengelompokan populasi dan jarak genetik seperti pada *Gyrinops verstegii* (Widyatmoko dkk., 2009) dan *Dryobalanops aromatica* Gaertn. f (Lim dkk., 2001).

C. Implikasi pada program konservasi dan pemuliaan aren

Studi keragaman genetik penting untuk mengetahui besarnya variasi genetik di dalam dan antar populasi pada persebaran alamnya. Keragaman genetik yang lebih tinggi di dalam populasi dibanding antar populasi membawa implikasi dalam sampling untuk tujuan konservasi genetik, yaitu sampling dilakukan dengan mengambil lebih banyak pohon di dalam populasi.

Berdasarkan analisis klaster, hubungan kekerabatan genetik antar keempat populasi aren dapat dikelompokkan menjadi 2 klaster, yaitu klaster pertama meliputi populasi Temanggung (P. Jawa) dan Kalimantan Selatan (P. Kalimantan); klaster kedua populasi Bengkulu (P. Sumatera) dan Sulawesi Utara (P. Sulawesi). Dengan demikian dalam program pemuliaan nantinya pembagian klaster ini menjadi penting untuk menjaga hubungan kekerabatan dalam

persilangan agar keragaman genetik dapat dipertahankan.

IV. KESIMPULAN

Dari penelitian yang dilakukan ini dapat disimpulkan sebagai berikut:

1. Besarnya keragaman genetik dalam populasi aren masih tinggi yang ditunjukkan oleh nilai rata-rata heterozigositas harapan (H_e) sebesar 0,4381. Keragaman genetik ini terdistribusi menjadi keragaman genetik dalam populasi sebesar 0,4381 atau 92,98% dan sisanya antar populasi sebesar 0,0331 atau 7,02%.
2. Keragaman genetik yang lebih tinggi di dalam populasi dibanding antar populasi membawa implikasi dalam sampling untuk tujuan konservasi genetik, yaitu sampling dilakukan dengan mengambil lebih banyak pohon di dalam populasi.

UCAPAN TERIMA KASIH

Penulis mengucapkan terima kasih kepada Kementerian Riset dan Teknologi yang telah membiayai penelitian ini.

DAFTAR PUSTAKA

- Anonim, 2008. Negeri Bersimbah Bioenergi. Majalah Trubus Edisi khusus HUT ke-63 RI
- Elberson, W., dan Oyen, Leo. 2010. Sugar palm (*Arenga pinnata*): Potential of sugar palm for bio-ethanol production. FACT Foundation
- Geethalakshmi, P., Parthasarathy, V.A., Niral, V., 2005. Genetic diversity among coconut (*Cocos nucifera* L) genotypes using

- isozymes. *Asian Journal of Plant Science* **4** (6): 678-683
- Hamrick, J.L., dan Godt, M.J.W. 1989. Allozyme diversity in plant species. In: Brown, A.H.D., Clegg, M.T., Kahler, A.L., Weis, B.S. (Eds). *Plant Population Genetic, Breeding and Genetic Resources*, Sinauer. Sunderland. Mass, USA.
- Hamrick, J.L. and Loveless, M.D., 1989. The genetic structure of tropical tree populations: associations with reproductive biology. In: J.H. Bock and Y.B. Linhart (Editors), *The Evolutionary Ecology of Plants*. Westview Press, Boulder, CO, pp. 129-146.
- Hamrick, J.L., Mitton, J.B. and Linhart, Y.B., 1981. Level of genetic variation in trees: influence of life history characteristics. In: M.T. Conkle (Editor), Proc. Symp. *Isozymes of Northern American Forest Trees and Forest Insects*, Berkeley, CA. Gen. Tech. Rep. PSW-48, USDA Forest Service, Washington, DC, pp. 35-41.
- Henderson, A. 1986. A review of pollination studies in the Palmae. *Bot. Rev.* **52**: 221--259.
- Lim, L.S., Wickneswari, R., Lee, S.L., Latiff, A. 2001. Genetic structure of natural populations of *Dryobalanops aromatica* Gaertn. F (Dipterocarpaceae) in Peninsular Malaysia using microsatellite DNA markers. In: Thielges, B.A., Sastrapraja, S.D., Rimbawanto, A (Eds). Proc. of International Conference on in-situ and ex-situ Conservation of Commercial Tropical Trees. Yogyakarta.
- Malingkay, R.B. 2008. Sumber benih dan teknologi persemaian aren. *Warta Penelitian dan Pengembangan Tanaman Industri* **14** (2).
- Miller, R.H. 1964. The versatile sugar palm. *Principes* **8** (4): 115-147
- Moran, G.F. 1992. Patterns of genetic diversity in Australian tree species. *New Forest*, **6**: 49-66.
- Murillo, O. 2005. Selecting populations for gene conservation purposes in forestry: a study case with *Alnus acuminata* in Costa Rica and Panama. Invest Agrar: Sist Recur For (2005) **14**(1), 27-35
- Na'iem, M. 2000. Aplikasi isozim sebagai penanda molekuler untuk program konservasi dan pemuliaan. Makalah disajikan dalam Lokakarya Konservasi ek-situ, Pemuliaan Pohon dan Pembangunan Hutan Tanaman Meranti, Yogyakarta, 4-5 Oktober 2000.
- Na'iem, M. 2001. Konservasi sumberdaya genetik untuk pemuliaan pohon. Dalam: Seminar Sehari Peletakan dasar-dasar dan strategi pemuliaan pohon hutan di Indonesia dalam rangka 70 tahun Prof. Dr. Hj. Oemi Hani'in Suseno. Fakultas Kehutanan UGM. Yogyakarta.
- Nei, M. 1972. Genetic distance between populations. *American Naturalis* **106**: 283-292.
- Nei, M. 1987. *Molecular evolutionary genetics*. Columbia University Press, New York.
- Niral, V., Geethalakshmi, P., Parthasarathy, V.A. 2007. Intrapopulation allelomorphism in tall and dwarf populations of the coconut. *Acta Bot. Croat.* **66** (1), 35-42, 2007

- Seido, K. 1993. Manual of isozyme analysis. FTIP - No.2. Japan International Cooperation Agency and Direktorat General of Reforestation and Land Rehabilitation, Ministry of Forestry in Indonesia.
- Widyatmoko, A.Y.P.B.C., Afritanti, R.D., Taryono, Rimbawanto, A. 2009. Keragaman genetik lima populasi *Gyrinops verstegii* di Lombok menggunakan penanda RAPD. *Jurnal Pemuliaan Tanaman Hutan* **3** (1): 1-10
- Yeh, F.C. 2000. Population genetic. In Young, A., Boshier, D., dan Boyle, T. (Eds). *Forest Conservation Genetics. Principles and Practice*. CSIRO Publishing. Australia.

