

Jurnal Pemuliaan Tanaman Hutan

Vol. 3 No. 1, Juli 2009

DAFTAR ISI

1. **KERAGAMAN GENETIK LIMA POPULASI *Gyrinops verstegii* DI LOMBOK
MENGUNAKAN PENANDA RAPD**
*Genetic Variation of Five Populations of Gyrinops verstegii in Lombok Revealed
by RAPD Markers*
AYPBC Widyatmoko, Rizki Diah Afritanti, Taryono dan Anto Rimbawanto **1 - 10**

2. **INISIASI TUNAS ACACIA HIBRID (*Acacia mangium* x *A. auriculiformis*)
SECARA IN-VITRO**
In vitro Shoot Initiation of Acacia Hybrid (Acacia mangium x A. auriculiformis)
Sri Sunarti dan Asri Insiana Putri **11 - 22**

3. **PENGGUNAAN KOMBINASI AUKSIN DAN SITOKININ UNTUK
MENGINDUKSI TUNAS PADA KULTUR JARINGAN SENGON
(*Falcataria moluccana*) MENGGUNAKAN BAGIAN KOTILEDON**
*Combination of Auxin and Cytokinin on Shoot Induction by Tissue Culture of
Falcataria moluccana Using Cotyledon Segment*
Toni Herawan dan Burhan Ismail **23 - 32**

4. **KAJIAN GLYCOCALYX BAKTERI PADA KONTAMINASI
ULIN (*Eusideroxylon zwageri*) IN-VITRO**
Study of Glycocalyx Bacterial Contamination on Ulin (Eusideroxylon zwageri) In-Vitro
Asri Insiana Putri **33 - 42**

5. **PENGARUH SUHU DAN HORMON PERTUMBUHAN TERHADAP
PRODUKSI BUNGA STEK PUCUK *Melaleuca alternifolia***
*Effect of Temperature and A Growth Retardant on The Production of Floral Buds of
Shoot Cutting of Melaleuca alternifolia*
Liliana Baskorowati **43 - 52**

**KERAGAMAN GENETIK LIMA POPULASI *Gyrinops verstegii* DI LOMBOK
MENGUNAKAN PENANDA RAPD**

Genetic Variation of five populations of Gyrinops verstegii in Lombok Revealed by RAPD Markers

AYPBC Widyatmoko¹, Rizki Diah Afritanti², Taryono² & Anto Rimbawanto¹

¹Balai 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

²Fakultas Pertanian Universitas Gadjah Mada

Jl. Flora No. 1 Bulaksumur, Yogyakarta Telp./fax. (0274) 549648

ABSTRACT

Gyrinops verstegii is one of the species which produce high economic value of gaharu (agarwood). The objectives of this research were to estimate genetic diversity within and among populations, investigate distribution of genetic diversity, and genetic relationship among five populations of *G. verstegii*. Leaf samples were taken from five populations of *G. verstegii* in Lombok, NTB. Genetic diversity was analyzed using 21 selective primers out of 200 primers. A total of 42 polymorphic loci were detected. Mean of genetic diversity was 0.288, and genetic distance between populations was 0.148. The proportion of 85.24% of genetic diversity was distributed within population, and the remaining 14.76% was distributed between populations. Based on cluster analysis, the five populations were separated into two major groups. The first group consisted of Pusuk Pohon Induk, Pusuk Sumber Benih, and Mantang I. The second group consisted of Mantang Pohon Induk and Mantang II. Collecting genetic materials for conservation and tree improvement program should be focused on the materials within population and each group (regent) should be a representative of at least one population.

Key Words : *Genetic conservation, genetic distance, population diversity, RAPD*

ABSTRAK

Gyrinops verstegii merupakan salah satu jenis penghasil gaharu yang memiliki nilai ekonomis tinggi. Tujuan penelitian ini adalah mengetahui besarnya keragaman genetik di dalam dan antar populasi *G. verstegii*, serta mengetahui pola sebaran keragaman genetik populasi dan hubungan kekerabatannya menggunakan penanda RAPD. Sampel yang digunakan berasal dari 5 populasi *G. verstegii* di Pulau Lombok, Nusa Tenggara Barat (NTB). Analisis dilakukan menggunakan 42 lokus polimorfik yang berasal dari 21 primer terseleksi. Nilai rerata keragaman genetik dalam populasi sebesar 0,288,

sedangkan keragaman genetik antar populasi sebesar 0,148. Sebanyak 85,24% keragaman genetik tersebut berada di dalam populasi, sedangkan 14,76% berada antar populasi. Analisis kluster membagi 5 populasi *G. verstegii* ke dalam dua kelompok besar. Kelompok pertama terdiri dari Pusuk Pohon Induk, Sumber Benih Pusuk, dan Mantang I. Sedangkan kelompok kedua terdiri Mantang Pohon Induk dan Mantang II. Distribusi keragaman dan pola pengelompokan populasi dalam kelompok mengindikasikan bahwa untuk tujuan konservasi pengumpulan materi genetik harus mengutamakan individu dalam populasi dengan tetap memperhatikan pola pengelompokan populasi.

Kata Kunci : Konservasi genetik, jarak genetik, keragaman populasi, RAPD

I. PENDAHULUAN

Gaharu atau gubal gaharu merupakan substansi aromatik (*aromatic resin*) berupa gumpalan atau padatan berwarna coklat muda sampai coklat kehitaman yang terbentuk pada lapisan dalam dari suatu jenis kayu tertentu. Substansi aromatik yang terkandung dalam gubal gaharu ini termasuk dalam golongan susquiterpena yang memiliki struktur kimia yang sangat spesifik sehingga sampai saat ini belum dapat dibuat secara sintesis.

Menurut Raintree (1996) *cit.* Susilo (2003), gaharu dapat dipakai sebagai obat asmatik, anti mikrobial, stimulan kerja syaraf dan pencernaan, penghilang rasa sakit, obat kanker, tumor, diare, dan sebagai alat sembahyang pemeluk agama Budha, Hindu dan Kong Hu Cu. Pohon penghasil gaharu pada umumnya termasuk suku Thymelaeaceae (genus *Aquilaria*, *Aetoxylon*, *Enkleia*, *Gonystylus*, *Wikstromia* dan *Gyrinops*), suku Leguminosae (genus *Dalbergia*), dan Euphorbiaceae (genus *Excoecaria*) (Sumarna, 2002).

Gyrinops verstegii merupakan salah satu spesies dari genus *Gyrinops* yang banyak tumbuh di daerah berkapur dengan syarat tumbuh antara lain: (1) tempat tumbuh dengan ketinggian antara 300-700 meter di atas permukaan laut, (2) tanah memiliki kelembaban yang cukup (20-22%), (3) tanah yang subur pada daerah yang berlereng/berbukit, (4) tanah yang berhumus sedang dan (5) terlindung dari sengatan matahari langsung atau harus dengan pohon pelindung (naungan) (Anonim, 1997).

Menurut laporan Suara Pembaharuan (12 Januari 2003) *cit.* Susilo (2003), pada periode 1990-1998 tercatat ekspor gaharu mencapai 165 ton dengan nilai US \$ 2.000.000. Periode 1999-2000 meningkat menjadi 456 ton dengan total nilai US \$ 2.200.000. Hal ini membuktikan bahwa pasar gaharu terus meningkat. Namun, sejak tahun 2000 hingga akhir tahun 2002 angka ekspor gaharu menurun 30 ton dengan nilai US \$ 600.000. Hal ini disebabkan oleh makin sulitnya gaharu didapat akibat terjadinya eksplotasi yang berlebihan pada pohon penghasilnya.

Selama ini, sebagian besar produksi gaharu merupakan produksi secara alam. Adanya

eksploitasi yang terus menerus tanpa diikuti oleh penanaman kembali mengakibatkan jenis-jenis pohon penghasil gaharu seperti *G. verstegii* keberadaannya di alam semakin mengawatirkan. Apabila hal ini terus berlanjut akan mengakibatkan hilangnya potensi tegakan *G. verstegii* di alam karena terdegradasi dan pada akhirnya punah. Upaya yang perlu dilakukan untuk mengatasi hal tersebut adalah melalui program konservasi dan pemuliaan. Konservasi bertujuan agar potensi yang masih tersisa dapat tetap dipertahankan, sedangkan pemuliaan bertujuan untuk meningkatkan potensi dari jenis ini.

Informasi keragaman genetik sangat diperlukan untuk mendukung kedua program tersebut di atas agar dapat berlangsung secara tepat dan efisien. Dewasa ini penanda DNA semakin banyak digunakan untuk mendapatkan informasi mengenai keragaman genetik. Salah satu penanda DNA yang banyak digunakan adalah RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*). Teknik RAPD mampu mendeteksi polimorfisme DNA yang diakibatkan tidak munculnya amplifikasi pada suatu lokus, yang disebabkan oleh adanya perbedaan urutan basa nukleotida pada titik pertemuan primer. Ini berakibat primer tidak dapat menempel bagian tersebut sehingga tidak terjadi amplifikasi. RAPD dapat diterapkan pada hampir semua jenis tanaman. Penelitian keragaman genetik telah dilakukan pada beberapa jenis tanaman, seperti *Intsia bijuga* (Rimbawanto dan Widyatmoko, 2006), *Santalum album* (Rimbawanto dkk., 2006a), *Eusideroxylon zwageri* (Sulistyawati dkk., 2005; Rimbawanto dkk., 2006b) dan *Alstonia scholaris* (Hartati dkk., 2007).

Penelitian ini bertujuan untuk memperoleh informasi mengenai keragaman genetik 5 populasi *G. verstegii* di Pulau Lombok, NTB, dalam rangka menyediakan informasi genetik untuk mendukung kegiatan konservasi dan pemuliaan dari jenis tersebut.

II. BAHAN DAN METODE

A. Bahan Penelitian

Materi genetik tanaman yang digunakan dalam penelitian ini adalah daun dari 5 populasi *G. verstegii* yaitu Populasi Pusuk Pohon Induk, Populasi Pusuk Sumber Benih, Mantang I, Mantang Pohon Induk dan Mantang II. Detail nama populasi dan jumlah sampel per populasi disajikan pada Tabel 1. Gambar 1 menunjukkan peta lokasi dari masing-masing populasi di Pulau Lombok.

B. Metode Penelitian

1. Ekstraksi DNA dan prosedur RAPD

Total DNA diperoleh melalui ekstraksi menggunakan *mini beadbeater* dengan metode CTAB (Murray dan Thompson, 1980) yang telah dimodifikasi oleh Shiraishi dan Wanatabe (1995). Buffer ekstraksi yang terdiri dari purified H₂O, 1 M Tris pH 9, 0,5 M NaCl, 0,5 M EDTA, 10% CTAB, β -Mercapthoetanol. Sedangkan purifikasi DNA dilakukan dengan menggunakan GeneClean III Kit (Q-biogene). DNA hasil purifikasi dihitung menggunakan GeneQuant (Pharmacia), selanjutnya dilarutkan hingga konsentrasi DNA mencapai 2,5 ng DNA/ μ l untuk reaksi PCR.

Tabel 1. Data populasi dan jumlah sampel *Gyrinops vestegii* yang digunakan dalam penelitian

No.	Populasi	Jumlah Sampel
1	Pusuk Pohon Induk (PI)	5
2	Pusuk Sumber Benih	25
3	Mantang I	4
4	Mantang Pohon Induk (PI)	10
5	Mantang II	3



Gambar 1. Lokasi masing-masing populasi di Pulau Lombok (No populasi seperti pada Tabel 1; skala 1:400.000)

Reaksi PCR dijalankan menggunakan mesin *thermal cycler* GeneAmp PCR System 9600 *Applied Biosystem* dengan total volume 10 µl per sampel. Bahan reaksi PCR terdiri dari 1xbuffer (10 mM Tris-HCl pH 8.3, 10 mM KCl, 3,0 mM MgCl₂), 200 µM tiap dNTPs, 0,25 µM primer, 0,5 unit/10 µl AmpliTaq DNA polymerase (*Stoffel Fragment, Applied Biosystems*), 10 ng larutan DNA. Proses PCR diawali dengan denaturasi selama 60 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

dielektroforesis pada 1,5% gel agarose, 20 x TBE buffer dan 0,5% ethidium bromide selama ± 2 jam pada tegangan 120 V. Hasil elektroforesis selanjutnya didokumentasikan menggunakan *Fotodyne Analyzer*.

2. Analisis Data

Jarak genetik dihitung berdasarkan pengukuran Nei (Nei, 1972) dengan mempergunakan bantuan program komputer POPGENE 1.32 (Yeh dkk., 1999). Berdasarkan jarak genetik tersebut, dibuat dendrogram menggunakan metode UPGMA untuk mengetahui hubungan kekerabatan antar individu dan antar populasi.

III. HASIL DAN PEMBAHASAN

A. Penyaringan (*Screening*) Primer

Sekuens primer yang digunakan untuk PCR-RAPD sebaiknya mengandung lebih dari 40% basa G+C (umumnya mengandung 50-80% G+C), tidak memiliki sekuens yang palindromik (Williams dkk., 1993), pita-pita yang dihasilkan jelas, dapat menghasilkan pita polimorfik, hasil amplifikasi DNA relatif stabil, dan mudah dibaca. Dari 200 primer yang digunakan pada penyaringan, dihasilkan 21 primer yang memenuhi kriteria tersebut dan dapat digunakan untuk analisis RAPD (Tabel 2).

Hasil yang diperoleh menunjukkan bahwa keseluruhan primer yang terseleksi menunjukkan kandungan basa G+C antara 60-70%, sehingga primer-primer tersebut cukup baik digunakan untuk PCR-RAPD. Primer yang menghasilkan jumlah polimorfisme tertinggi ialah A-4, N-16 dan M-5, sedangkan primer yang menghasilkan polimorfisme terendah ialah D-8, R-5 dan W-18.

Ketidakmunculan pita amplifikasi pada beberapa primer dapat disebabkan oleh (1) komponen bahan reaksi yang digunakan tidak tepat, (2) urutan basa nukleotida dari primer-primer tersebut bukan merupakan komplemen dari basa nukleotida pada cetakan DNA sehingga primer tidak mampu mengamplifikasi pita DNA, (3) jarak amplifikasi yang terlalu jauh antara komplemen urutan basa nukleotida dengan cetakan DNA, dan (4) adanya arah amplifikasi yang sama antara dua posisi penempelan primer (Roslim dkk., 2003). Oleh karena itu, hanya terdapat dua kemungkinan allele pada penanda RAPD, yaitu timbulnya pita pendek sebagai hasil amplifikasi (*present*), dan tidak adanya pita (*absent*). Penanda yang demikian ini disebut sebagai penanda dominan (*dominant marker*).

B. Keragaman Genetik

Hasil analisis RAPD terhadap *G. verstegii* menggunakan 21 primer menghasilkan 42 pita

polimorfik (22,82%) dari 184 pita yang dapat diamati dengan jelas. Pita-pita polimorfik ini berkisar antara 1-3 pita untuk setiap primer dengan rata-rata 2 (dua) pita per-primer, dengan jumlah lokus polimorfik paling banyak diperoleh pada populasi Pusuk Sumber Benih (42 lokus atau sama dengan 22,82%), sedangkan jumlah lokus polimorfik yang terendah diperoleh pada populasi Mantang II (26 lokus atau sama dengan 14,13%) (Tabel 2). Perbedaan jumlah pita polimorfik yang dihasilkan oleh lima populasi *G. verstegii* menggambarkan kompleksitas genom individu penyusun populasi yang diamati. Hal ini dikarenakan hasil amplifikasi pita DNA merupakan hasil berpasangannya nukleotida dari primer dengan nukleotida penyusun DNA genom, sehingga semakin beragamnya DNA genom akan menghasilkan semakin banyak dan kompleksnya pita DNA.

Analisis keragaman menurut Nei's (Nei, 1972) yang menggambarkan keragaman genetik

Tabel 2. Daftar primer, urutan basa, dan kandungan G+C yang digunakan dalam analisis RAPD

No	Nama Primer	Lokus (bp)	Sekuens (5'-3')	Jml pita polimorfik	Jml pita monomorfik	Jml Lokus	Kandungan G+C
1	A-4	200-800	AATCGGGCTG	3	8	11	60 %
2	D-6	250-900	ACCTGAACGG	2	12	14	60 %
3	D-3	250-1000	GTCGCCGTCA	2	10	12	70 %
4	D-8	200-800	GTGTGCCCCA	1	9	10	70 %
5	N-5	400-900	ACTGAACGCC	2	12	14	60 %
6	N-11	300-700	TCGCCGCAA	2	5	7	60 %
7	N-16	300-750	AAGCGACCTG	3	8	11	60 %
8	W-13	350-700	CACAGCGACA	2	4	6	60 %
9	R-6	280-650	GTCTACGGCA	2	4	6	60 %
10	M-2	400-900	ACAACGCCTC	2	5	7	60 %
11	R-13	380-750	GGACGACAAG	2	7	9	60 %
12	M-5	300-900	GGGAACGTGT	3	6	9	60 %
13	R-5	480-500	GACCTAGTGG	1	1	2	60 %
14	W-18	300-600	TTCAGGGCAC	1	5	6	60 %
15	W-16	300-900	CAGCCTACCA	2	9	11	60 %
16	H-14	400-1000	ACCAGGTTGG	2	4	6	60 %
17	H-5	200-1200	AGTCGTCCCC	2	6	8	70 %
18	A-11	300-800	CAATCGCCGT	2	11	13	60 %
19	M-12	400-800	GGGACGTTGG	2	7	9	70 %
20	H-8	400-800	GAAACACCCC	2	4	6	60 %
21	D-5	300-500	TGAGCGGACA	2	5	7	60 %
Total				42	142	184	
Proporsi				22,82 %	77,18 %	100 %	

yang terdapat dalam suatu populasi menunjukkan keragaman genetik *G. verstegii* berkisar antara 0,236-0,364 dengan keragaman genetik terbesar terdapat pada populasi Pusuk Sumber Benih, yaitu 0,364, sedangkan nilai keragaman genetik terendah terdapat pada populasi Mantang II sebesar 0,236. Rerata keragaman genetik dari lima populasi adalah sebesar 0,288.

Rendahnya nilai keragaman genetik pada Mantang II kemungkinan disebabkan oleh proses eksploitasi yang terjadi pada populasi tersebut, dengan individu-individu pohon yang heterosigot lebih banyak ditebang, sebaliknya individu-individu yang homosigot lebih banyak tersisa.

Kemungkinan penyebab lainnya adalah pola perkawinan pada populasi tersebut yang lebih didominasi oleh perkawinan kerabat (*inbreeding*) ataupun kawin sendiri (*selfing*). Sebaliknya, keragaman genetik pada populasi Sumber Benih tinggi dapat disebabkan oleh beberapa hal, di antaranya (1) individu-individu pohon penyusun populasi tersebut berasal dari banyak famili yang berasal dari individu di luar populasi Pusuk, (2) individu-individu penyusun populasi Pusuk dahulu jumlahnya lebih dari lima individu, sehingga kemungkinan individu-individu penyusun Pusuk Sumber Benih berasal dari banyak individu dibandingkan dengan populasi Pusuk saat ini.

C. Keragaman Genetik di dalam dan antar Populasi

Berdasarkan analisis menggunakan POP-GENE 1.32 diperoleh keragaman genetik pada *G. verstegii* sebesar 0,288 pada 21 primer terseleksi. Apabila dibandingkan dengan nilai rata-rata keragaman genetik pada tanaman hutan tropis dan konifer yang memiliki keragaman genetik 0,211 dan 0,207 (Hamrick, 1989), angka tersebut cenderung lebih besar. Akan tetapi, jumlah primer yang terseleksi yang diperoleh hanya berkisar 1/10 dari total primer yang digunakan. Angka tersebut termasuk dalam kategori lebih rendah dibandingkan dengan tanaman hutan lainnya. Sebagai contoh, pada tanaman Pulau jumlah primer yang terseleksi ialah 23 primer dari 90 primer yang digunakan atau sekitar 1/3 dari total primer dan memiliki nilai keragaman genetik sebesar 0,247 (Hartati dkk., 2007). Contoh lainnya ialah tanaman Ulin yang memiliki keragaman genetik sebesar 0,378 yang diperoleh dari 23 primer terseleksi dari 140 primer yang diseleksi atau 1/5 dari total primer yang digunakan (Rimbawanto dkk., 2006b). Rendahnya nilai keragaman genetik *G. verstegii* pada populasi-populasi yang digunakan dimungkinkan karena banyaknya gangguan-gangguan yang terjadi pada populasi tersebut, baik oleh keadaan alam maupun pengaruh manusia.

Tabel 3. Nilai keragaman genetik dalam populasi (diagonal), dan antar populasi (di bawah diagonal) untuk 5 populasi *G. verstegii*, asal NTB

Populasi	Pusuk PI	Pusuk SB	Mantang I	Mantang PI	Mantang II
Pusuk PI	0,287				
Pusuk SB	0,106	0,364			
Mantang I	0,130	0,088	0,290		
Mantang PI	0,197	0,163	0,112	0,264	
Mantang II	0,233	0,166	0,158	0,125	0,236

Analisis dilakukan untuk mengetahui pola penyebaran atau distribusi keragaman genetik di dalam dan antar populasi. Berdasarkan analisis tersebut, variasi total menunjukkan besarnya distribusi keragaman genetik di dalam populasi sebesar 85,24%, sedangkan keragaman genetik antar populasi sebesar 14,76%. Hal tersebut sesuai dengan pendapat Hamrick (1990) *cit.* Sulistyowati dkk., (2005) yang menyatakan bahwa tanaman berkayu yang berkawin silang (*outcrossing*) memiliki variabilitas yang besar. Selain itu, spesies yang sebarannya lebih luas dengan populasi yang besar dan letaknya berdekatan, mempunyai variabilitas genetik yang lebih besar dalam populasi dibandingkan antar populasi.

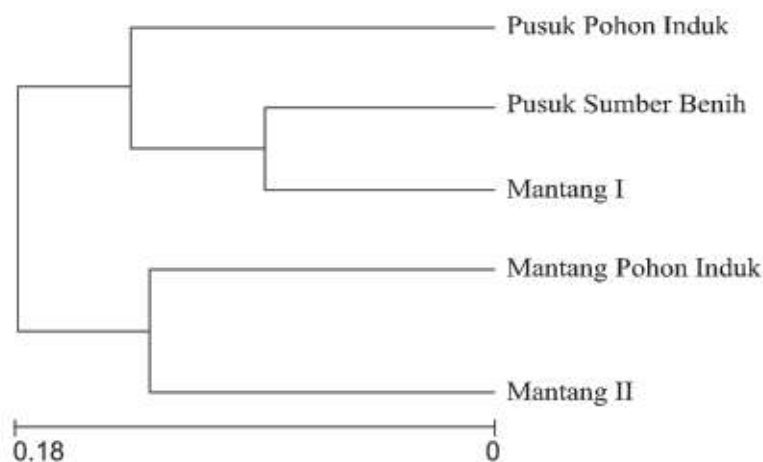
Besarnya nilai keragaman genetik dalam populasi *G. verstegii* dibandingkan keragaman antar populasinya, dapat dimungkinkan karena terjadinya proses adaptasi dengan lingkungannya. Populasi tersebut telah tumbuh alami sebagai bagian dari habitat hutan yang besar sehingga terjadi perkawinan antar individu antar-populasi, tetapi karena jumlah individu dalam populasi semakin kecil mengakibatkan jarak

genetiknya semakin jauh. Proses evolusi dan adaptasi lima populasi *G. verstegii* pada lingkungan spesifik yang merupakan habitatnya akan menyebabkan masing-masing populasi mengembangkan karakter dan ciri spesifik secara morfologis dan genetik yang berbeda dengan populasi lainnya.

D. Hubungan Kekerabatan antar Populasi

Analisis keragaman genetik dan hubungan kekerabatan dilakukan untuk memperoleh gambaran mengenai informasi penyebaran genetik pada *G. verstegii*. Ini merupakan salah satu langkah penting terhadap upaya konservasi sumber-sumber genetik dalam rangka pemuliaan tanaman.

Berdasarkan informasi nilai jarak genetik antar populasi, dendrogram disusun menggunakan metode UPGMA untuk mengetahui hubungan kekerabatan antar populasi pada lima populasi *G. verstegii*. Hasil dendrogram berdasarkan jarak genetik Nei (1972) tersebut menunjukkan hubungan kekerabatan antara lima populasi *G. verstegii* terbagi dalam dua kelompok besar.



Gambar 2. Dendrogram hubungan kekerabatan 5 populasi *G. verstegii* berdasarkan jarak genetik menurut Nei (1972)

Kelompok pertama terdiri dari tiga populasi, yaitu Pusuk pohon Induk, Pusuk Sumber Benih dan Mantang I. Kelompok kedua terdiri dari dua populasi, yaitu Mantang Pohon Induk dan Mantang II. Kelompok pertama terbagi lagi menjadi dua sub kelompok, yaitu Pusuk Sumber Benih-Mantang I, dan Pusuk Pohon Induk (Gambar 2). Jarak genetik yang diperoleh memperlihatkan bahwa jarak genetik terdekat sebesar 0,088, yaitu jarak genetik antara Pusuk Sumber Benih dan Mantang I, sedangkan jarak genetik terjauh adalah populasi Pusuk Pohon Induk dengan populasi Mantang II sebesar 0,233 (Tabel 3).

Pengelompokan yang diperlihatkan pada dendrogram di atas menunjukkan adanya kecenderungan pengelompokan antar wilayah (Pusuk dan Mantang). Namun demikian, terdapat satu populasi yang menunjukkan kecenderungan yang berbeda. Tidak semua populasi yang berasal dari satu wilayah berada dalam satu kelompok. Hal ini berarti pengelompokan berdasarkan jarak genetik tidak selalu memperlihatkan hubungan yang nyata dengan distribusi geografis tanaman.

Semakin sedikit jumlah sub-kelompok dalam satu kelompok menunjukkan bahwa keragaman genetik *G. verstegii* kecil. Hal ini juga dapat dilihat dari jarak genetik antara populasi satu dengan populasi lainnya saling berdekatan berdasarkan hasil RAPD. Hal ini berarti secara keseluruhan hubungan kekerabatan pada masing-masing populasi relatif dekat antara satu dengan yang lainnya. Semakin dekatnya hubungan kekerabatan antar populasi akan menyebabkan rendahnya variasi keturunan yang diperoleh dari kedua tetuanya.

Memperhatikan jarak geografis, baik antar populasi di dalam wilayah maupun antar wilayah, jarak maksimalnya adalah sekitar 10 km. Dengan jarak tersebut, jarak genetik antar populasi dan antar wilayah cukup dekat apabila juga memperhatikan jumlah primer yang diseleksi. Hal ini dapat menandakan adanya kemungkinan bahwa keseluruhan populasi yang digunakan pada mulanya merupakan satu populasi besar, juga dimungkinkan bahwa Pulau Lombok merupakan satu populasi besar *G. verstegii* yang kontinyu. Kondisi awal seperti ini memberikan hasil seperti yang diperlihatkan pada penelitian ini, yaitu keragaman genetik di dalam populasi lebih besar daripada antar populasi.

E. Strategi Konservasi dan Pemuliaan *G. verstegii*

Studi mengenai keragaman genetik perlu dilaksanakan untuk mengetahui besarnya variasi genetik di dalam, dan antar populasi pada sebaran alamnya (Indrioko, 1996). Keragaman genetik berguna untuk (1) mengetahui asal-usul jenis pohon tertentu, (2) menentukan strategi pemuliaan, (3) menentukan strategi konservasi genetik.

Strategi konservasi maupun pemuliaan yang perlu diterapkan untuk jenis *G. verstegii*, khususnya yang berada di Pulau Lombok, Nusa Tenggara Barat, perlu memperhatikan besarnya keragaman genetik yang tersisa dan distribusinya, serta pengelompokan populasinya. Dari hasil penelitian yang menyatakan bahwa distribusi keragaman genetik lebih besar terdapat di dalam populasi ($\pm 85\%$) serta adanya kecenderungan pengelompokan populasi berdasarkan wilayah, maka untuk kedua program tersebut di atas pengambilan materi genetik lebih

difokuskan pada individu di dalam populasi, dengan masing-masing wilayah minimal diwakili oleh satu populasi karena jarak genetik antar populasi masih cukup besar ($\pm 15\%$).

Besarnya angka keragaman genetik yang dihasilkan dalam penelitian ini cukup tinggi (rata-rata 0,288), tapi mengingat jumlah primer yang hanya bisa digunakan hanya sekitar 10% dari total primer yang diujikan, maka besarnya keragaman genetik yang sebenarnya jauh dari angka tersebut. Oleh karenanya, untuk pelaksanaan kegiatan konservasi, khususnya untuk pemuliaan, maka materi genetik yang digunakan tidak hanya dari Pulau Lombok saja, tetapi perlu juga menggunakan materi genetik dari sebaran alami di pulau yang lain.

Populasi maupun keragaman genetik populasi *G. verstegii* di Pulau Lombok sudah semakin berkurang. Oleh karenanya, untuk tetap menjaga keragaman genetik yang masih tersisa, maka pohon-pohon dewasa yang masih tersisa sebaiknya tetap dibiarkan hidup, dan untuk penanaman sebaiknya menggunakan biji atau semai dari Pusuk Sumber Benih karena dibandingkan dengan populasi yang lain, populasi atau sumber benih ini mempunyai angka keragaman genetik yang tertinggi.

IV. KESIMPULAN

1. Nilai rerata keragaman genetik *G. verstegii* dalam populasi adalah 0,288 dengan kisaran 0,236-0,364, sedangkan nilai rerata keragaman genetik antar populasi sebesar 0,148 dengan kisaran 0,088-0,233.
2. Distribusi keragaman genetik dalam populasi lebih besar (85,24%) dibandingkan keragam-

an genetik antar populasi (14,76%) dari lima populasi *G. verstegii* yang diamati.

3. Berdasarkan hubungan kekerabatan, lima populasi *G. verstegii* terbagi menjadi dua kelompok besar. Kelompok pertama terdiri dari tiga populasi, yaitu Pusuk Pohon Induk, Pusuk Sumber Benih dan Mantang I. Kelompok kedua terdiri dari dua populasi, yaitu Mantang Pohon Induk dan Mantang II.
4. Tingginya keragaman dalam populasi dibandingkan antar populasi pada *G. verstegii* berpengaruh pada konservasi genetik, di mana konsentrasi pengumpulan materi genetik diutamakan pada lebih banyak pohon di dalam populasi, dengan masing-masing wilayah minimal diwakili oleh satu populasi.

DAFTAR PUSTAKA

- Anonim. 1997. Potensi Gubal Gaharu. Investment Potential for Garro Wood. Badan Koordinasi Penanaman Modal daerah Propinsi Daerah Tingkat I Nusa Tenggara.
- Hamrick, J. L. 1989. Isozyme and the analysis of genetic structure in plant population. In: Soltis, D. E. and Soltis, P. S. (Eds) Isozyme in Plant Biology. Dioscorides Press. Oregon. pp. 87 - 105.
- 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): 89-98.
- Indrioko, S. 1996. Studi variasi genetik *Pinus merkusii* Jungh. et de Vriese di Pulau Jawa

dengan metode analisis isozim. Tesis tidak diterbitkan. Fakultas Kehutanan Universitas Gajah Mada, Yogyakarta.

- Murray, M. G. and Thompson, W. F. 1980. Rapid isolation of high molecular weight plant DNA. *Nucleic Acids Research* 8(19): 4321-4326.
- Nei, M. 1972. Genetic distance between populations. *Am. Nat.* 106: 283-292.
- 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., Widyatmoko, AYPBC. dan Sulistyowati, P. 2006a. Distribusi keragaman genetik populasi *Santalum album* berdasarkan penanda RAPD. *Jurnal Penelitian Tanaman Hutan* 3(3): 175-181.
- Rimbawanto, A., Widyatmoko, AYPBC dan Harkinto. 2006b. Keragaman populasi *Eusideroxylon zwageri* Kalimantan Timur berdasarkan penanda RAPD. *Jurnal Penelitian Tanaman Hutan* 3(3): 201-208.
- Roslim, D. I., Hartana, A. dan Suharsono. 2003. Kemiripan genetika tiga populasi kelapa tipe dalam berdasarkan tiga metode analisis data penanda DNA. *Jurnal Biosain* 10 (1): 12-18.
- Sulistyawati, P., Widyatmoko, A.Y.P.B.C. dan Rimbawanto, A. 2005. Keragaman genetik empat populasi *Eusideroxylon zwageri* asal Kalimantan berdasarkan penanda RAPD (*Genetic variation of four populations of Eusideroxylon zwageri in Kalimantan revealed by RAPD markers*). Dalam:

Hardiyanto E.B. (ed). *Prosiding Seminar Nasional Peningkatan Produktivitas Hutan-Peran Konservasi Sumber Daya Genetik, Pemuliaan dan Silvikultur dalam Mendukung Rehabilitasi Hutan*. Fakultas Kehutanan UGM dan International Tropical Timber Organization. Yogyakarta. pp. 383-395.

- Sumarna, Y. 2002. Budi Daya Gaharu. Penebar Swadaya, Depok, pp. 80.
- Susilo, K.A. 2003. *Sudah Gaharu Super Pula*. Budidaya gaharu dan masalahnya. Pustaka Sinar Harapan. Jakarta.
- Williams, J. G. K., Hanafey, M. K., Rafalsky, J. A. and Tingey, S. V. 1993. Genetic analysis using random amplified polymorphic DNA markers. *Methods Enzymol* 218: 704-740.
- Yeh, F. C., Yang, R. C., Boyle, T. B. J., Ye, Z. H. and Mao, J. X. 1999. POPGENE 1.32, *The User-Friendly Shareware for Population Genetic Analysis*. Molecular Biology and Biotechnology Center. University of Alberta. Edmonton.