

Variasi Genetik Berdasarkan Penanda Molekular *Random Amplified Polymorphic DNA* Pada Jamur Shiitake (*Lentinula edodes*)

Genetic Variation Based on Random Amplified Polymorphic DNA Molecular Markers on Shiitake Mushrooms (*Lentinula edodes*)

Nuraeni Ekowati^{1*}, Rina Sri Kasiamdari², Nursamsi Pusposendjojo³, dan C.J. Soegihardjo⁴

¹Fakultas Biologi Universitas Jenderal Soedirman, Purwokerto

²Fakultas Biologi Universitas Gadjah Mada, Yogyakarta

³Fakultas Pertanian Universitas Gadjah Mada, Yogyakarta

⁴Fakultas Farmasi, Universitas Sanata Dharma, Yogyakarta

E-mail: Nuraeniekowati@yahoo.com *Penulis untuk korespondensi

Abstract

This study was aimed to determine the genetic variation among *Lentinula edodes* from Malang, Cianjur, Lembang, and Yogyakarta, and to find selected primer for the molecular identification of *L. edodes*. The research was conducted at the Genetics Laboratory, Faculty of Biology, Gadjah Mada University, Yogyakarta. The research consisted of DNA extraction from four isolates of *L. edodes* and one outgroup (*Pleurotus ostreatus*) mycelia, amplification of DNA with RAPD-PCR technique using eight primers (OPA1, OPA2, OPA3, OPA4, OPA7, OPA8, OPA9 and OPA10). The amplification products were separated by electrophoresis agarose gels and visualized by UV illumination. Data of DNA band were analyzed by NTSYSpc21 software to determine the degree of similarity, genetic distance and construct a dendrogram based on a UPGMA method. The results showed that all primers used could amplify DNA of samples and one of them (OPA4) did not demonstrate the existence of polymorphisms in the four isolates. The size of amplified DNA fragments ranged from 129–1774 bp. This study concluded that there was genetic variation among isolates of *L. edodes* from Malang, Cianjur, Lembang and Yogyakarta with the genetic distance from 78–86%. The highest polymorphism (83.33%) was obtained by using OPA2 primer.

Key words: *Lentinula edodes*, primers, polymorphism, genetic variation, RAPD

Abstrak

Penelitian ini bertujuan mengetahui variasi genetik jamur *Lentinula edodes* asal Malang, Cianjur, Lembang, dan Yogyakarta serta mendapatkan primer terseleksi untuk identifikasi *L. edodes* secara molekular. Penelitian dilakukan di Laboratorium Genetika, Fakultas Biologi, Universitas Gadjah Mada, Yogyakarta. Tahapan penelitian terdiri atas ekstraksi DNA dari miselium empat isolat *L. edodes* dan satu sampel *outgroup* (*Pleurotus ostreatus*), amplifikasi DNA dengan teknik PCR-RAPD menggunakan delapan jenis primer (OPA 1, OPA 2, OPA 3, OPA 4, OPA 7, OPA 8, OPA 9 dan OPA 10), elektroforesis menggunakan gel agarosa dan pengamatan pita DNA dengan UV transluminator. Data pita DNA dianalisis dengan *software NTSYSpc21* untuk menentukan tingkat similaritas, jarak genetik dan untuk mengkonstruksi dendrogram berdasarkan metode UPGMA. Hasil penelitian menunjukkan bahwa semua primer yang digunakan dapat mengamplifikasi DNA sampel dan satu diantaranya (OPA 4) tidak dapat menunjukkan adanya polimorfisme pada keempat isolat. Ukuran fragmen DNA teramplifikasi berkisar antara 129–1774 bp. Berdasarkan hasil penelitian dapat disimpulkan bahwa antara isolat *L. edodes* asal Malang, Cianjur, Lembang dan Yogyakarta terdapat variasi genetik dengan jarak genetik antara 78–86%. Polimorfisme tertinggi (83,33%) diperoleh menggunakan primer OPA 2.

Kata kunci: *Lentinula edodes*, primer, polimorfisme, variasi genetik, RAPD