

This file has been cleaned of potential threats.

If you confirm that the file is coming from a trusted source, you can send the following SHA-256 hash value to your admin for the original file.

6a8c25f92fdb874e421693d691752f34fdb42dd3f4b49f6c0ce080daa2c451c

To view the reconstructed contents, please SCROLL DOWN to next page.

**KERAGAMAN GENETIK POPULASI KAYU MERAH (*Pterocarpus indicus* Willd)
MENGUNAKAN PENANDA *RANDOM AMPLIFIED POLYMORPHISM DNA*
*Genetic diversity in Kayu merah (*Pterocarpus indicus* Willd) populations using random
amplified polymorphism DNA marker***

Purnamila Sulistyawati dan AYPBC Widyatmoko
Balai Besar Penelitian dan Pengembangan Bioteknologi dan Pemuliaan Tanaman Hutan
Jl. Palagan Tentara Pelajar Km. 15, Purwobinangun, Pakem Sleman, Yogyakarta, Indonesia
email: purnamila@biotifor.or.id

Tanggal diterima: 20 Februari 2017, Tanggal direvisi: 28 Februari 2017, Disetujui terbit: 26 Mei 2017

ABSTRACT

*Kayu merah (*Pterocarpus indicus* Willd) which listed as one of the IUCN Red List of Threatened Species in the category Vulnerable (VU A1D) is naturally distributed throughout Indonesia included Java, Sulawesi, Maluku, Bali, East Nusa Tenggara, West Nusa Tenggara and Papua. Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD) molecular markers have been used to analyze the genetic diversity of six (6) natural populations of kayu merah from Seram Island, Manggarai Timur-Flores, Ngada-Flores, Soe-Timor Tengah Selatan, Kefamenanu-Timor Tengah Utara and Kupang. Ninety-nine (99) polymorphic loci were obtained from twelve RAPD primers. The mean of genetic diversity was 0.2024. Population with the highest genetic diversity was Soe (0.2925) and the lowest genetic diversity was Ngada (0.1212). The highest genetic distance among the populations was between Ngada and Kefamenanu (0.376), while the nearest genetic distance was between Ngada and Manggarai Timur (0.060). The informations resulted from this study are important to support the tree improvement and conservation programme of kayu merah.*

Keywords: DNA marker, genetic conservation, tree improvement, genetic distance

ABSTRAK

Kayu merah (*Pterocarpus indicus* Willd) di Indonesia secara alami tersebar di seluruh Jawa, Sulawesi, Maluku, Bali, Nusa Tenggara Timur, Nusa Tenggara Barat dan Papua. Jenis ini mempunyai kegunaan dan manfaat yang sangat banyak namun terancam keberadaannya karena pembalakan liar dan bahkan telah terdaftar di Daftar Spesies Terancam IUCN dalam kategori Vulnerable (VU A1D). Penanda Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD) digunakan untuk menganalisis keragaman genetik enam populasi alam kayu merah dari Pulau Seram, Manggarai Timur-Flores, Ngada-Flores, Soe-Timor Tengah Selatan, Kefamenanu-Timor Tengah Utara dan Kupang-Nusa Tenggara Timur. Sebanyak 99 losi polimorfik diperoleh dari 12 primer RAPD. Rata-rata keragaman genetik kayu merah di dalam populasi adalah 0,2024. Populasi dengan keragaman genetik tertinggi adalah Soe (0,2925) dan keragaman genetik terendah adalah Ngada (0,1212). Jarak genetik terjauh adalah antara Ngada dan Kefamenanu (0,376), sedangkan jarak genetik terdekat adalah antara Manggarai dan Ngada (0,060). Informasi yang dihasilkan dalam penelitian ini sangat bermanfaat untuk mendukung program pemuliaan dan konservasi kayu merah.

Kata kunci: penanda DNA, konservasi genetik, pemuliaan, jarak genetik

I. PENDAHULUAN

Kayu merah (*Pterocarpus indicus* Willd) termasuk dalam suku Fabaceae yang menghasilkan kayu berkualitas tinggi. Batang kayu termasuk kayu agak keras dengan kelas awet I/II, kelas kuat I/III dan BJ antara 0,4–0,9 (Heyne, 1987). Kayu merah memiliki warna dan motif serat kayu yang indah dan banyak dimanfaatkan sebagai bahan baku mebel, kabinet, alat-alat musik, lantai parket, panil kayu dekoratif, gagang peralatan, serta vinir dekoratif

(Soerianegara & Lemmens, 2002). Akar kayu merah dapat digunakan sebagai obat tradisional untuk pengobatan sifilis dan getah batangnya untuk pengobatan kanker (Dona, 2014). Lebih lanjut, kulit kayu merah juga bisa digunakan sebagai obat anti diare, anti malaria, meringankan penyakit kandung kemih, edema, gangguan hati, dan sakit kepala.

Nama perdagangan dari kayu merah adalah *rosewood* sedangkan nama lokal lainnya antara lain *angsana* dan *sonokembang*. Sebaran

alami kayu merah di Indonesia meliputi Jawa, Sulawesi, Maluku, Bali, Nusa Tenggara Timur, Nusa Tenggara Barat, dan Papua. Meskipun memiliki penyebaran yang luas, eksploitasi kayu merah yang tinggi dan tidak diiringi dengan kemampuan regenerasi yang baik serta kegiatan penanaman telah mengakibatkan terjadinya penurunan populasi. Lebih lanjut Joker (2002) menambahkan bahwa di Vietnam, populasi kayu merah telah punah selama 300 tahun sedangkan di Indonesia, Semenanjung Malaysia, Papua Nugini dan Filipina dilaporkan bahwa jenis ini telah terancam punah. Kayu merah telah dimasukkan dalam Daftar Spesies Terancam IUCN dalam kategori Vulnerable (VU A1D). *World Conservation Monitoring Centre* (1998) bahkan telah memasukkan kayu merah ke dalam kategori Rentan (VU, *vulnerable*).

Eksploitasi yang tinggi menyebabkan populasi alami kayu merah menurun dan menyebabkan berkurangnya keragaman genetik. Penurunan keragaman genetik sangat merugikan program pemuliaan dan konservasi tanaman. Berkurangnya keragaman genetik berarti berkurang pula potensi genetik yang dapat digunakan untuk pemuliaan pohon dan pengembangan varietas baru.

Program pemuliaan pohon dan konservasi sumber daya genetik kayu merah membutuhkan dukungan informasi keragaman genetik yang akurat dan valid. Penanda molekular terbukti mampu memberikan akurasi dan keandalan yang superior dalam melakukan analisis keragaman genetik tanaman. *Random Amplified Polymorphic DNA* (RAPD) adalah salah satu penanda DNA yang paling banyak digunakan di bidang kehutanan. Penanda RAPD didasarkan pada amplifikasi segmen DNA hasil PCR dalam rangkaian primer dan nukleotida secara acak yang kemudian dapat divisualisasikan dengan elektroforesis gel. Penanda RAPD telah banyak digunakan pada beragam spesies tanaman untuk menilai variasi genetik pada populasi dan spesies, analisa *finger-print* serta studi hubungan

filogenetik antara spesies dan subspecies (Nayak & Rout, 2003; Runo, Muluvi, & Odee, 2004; Williams, Kubelik, Livak, Rafalski, & Tingey, 1990). Namun demikian penanda RAPD merupakan penanda dominan dan tidak mampu untuk mendeteksi perbedaan alel dalam heterozigot. Polimorfisme hanya terdeteksi sebagai ada atau tidak adanya amplifikasi DNA dengan berat molekul tertentu, tanpa informasi tentang heterozigositas.

Penelitian ini bertujuan untuk melakukan analisis keragaman genetik beberapa populasi kayu merah menggunakan penanda RAPD. Informasi keragaman genetik ini akan sangat bermanfaat baik untuk penyusunan strategi konservasi maupun pengembangan jenis ini di masa mendatang.

II. BAHAN DAN METODE

A. Waktu dan tempat

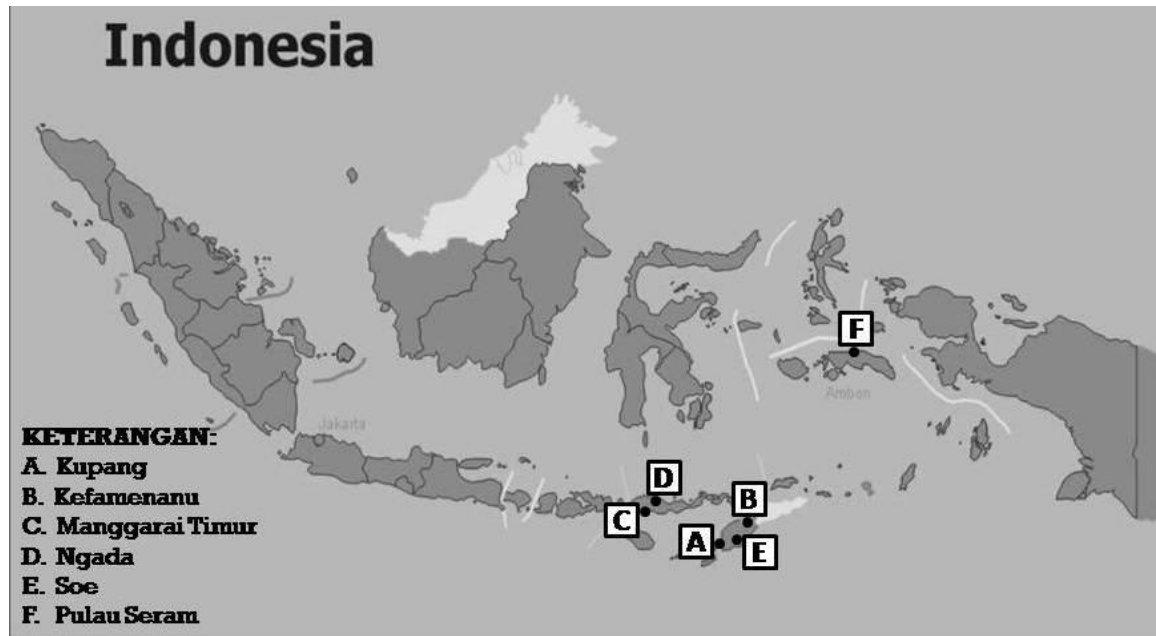
Penelitian ini dilakukan selama kurang lebih 3 bulan di Laboratorium Genetika Molekuler Balai Besar Penelitian dan Pengembangan Bioteknologi dan Pemuliaan Tanaman Hutan Yogyakarta.

B. Bahan dan alat

Bahan penelitian ini adalah sampel daun kayu merah yang diambil dari enam populasi alam, yaitu Pulau Seram, Manggarai Timur-Flores, Ngada-Flores, Soe-Timor Tengah Selatan, Kefamenanu-Timor Tengah Utara dan Kupang (Gambar 1). Adapun jumlah sampel dari masing masing populasi yang digunakan pada penelitian tercantum pada Tabel 1. Selain itu beberapa bahan kimia tertentu juga digunakan dalam penelitian ini. Alat penelitian yang digunakan dalam penelitian ini adalah peralatan standar yang tersedia di Laboratorium Genetika Molekuler untuk melakukan isolasi DNA, PCR, elektroforesis dan pengambilan gambar amplifikasi DNA.

Tabel 1. Daftar populasi alam kayu merah dan jumlah sampel

Populasi	Jumlah sampel
Kupang	4
Kefamenanu-Timor Tengah Utara	4
Manggarai Timur-Flores	10
Ngada-Flores	2
Soe-Timur Tengah Selatan	16
Pulau Seram	12



Gambar 1. Peta geografis empat populasi kayu merah

C. Metode penelitian

Total DNA diekstraksi menggunakan metode CTAB yang dimodifikasi berdasarkan metode Shiraishi dan Watanabe (1995). Total DNA kemudian dipresipitasi atau dibersihkan dari residu protein dan asam-asam sisa tahapan isolasi menggunakan ethanol. Selanjutnya dilakukan pengukuran rasio kuantitas dan kualitas dari DNA tersebut dilanjutkan dengan pengenceran sampai 2,5 ng/ μ l.

Proses PCR menggunakan termosikler GeneAmp 9700 (*Applied Biosystems*) dengan total volume 10 μ L yang terdiri dari 4 μ L DNA, 5X Kapa Buffer, MgCl₂, dNTP mix, primer, Kapa Taq Polymerase dan H₂O. Proses PCR dilakukan dalam 3 tahapan yaitu 1) denaturasi pada suhu 95°C selama 5 menit, 2) penempelan (*annealing*) dilakukan dalam 45 siklus pada suhu denaturasi 94°C selama 30 detik, suhu

penempelan 37°C selama 30 detik, pemanjangan 72°C selama 1,5 menit, dan 3) tahap pemanjangan terakhir pada suhu 72°C selama 7 menit. Penelitian ini menggunakan 12 primer RAPD hasil seleksi dari 32 primer (Tabel 2).

Hasil PCR kemudian dielektroforesis menggunakan gel agarose 1,0% yang dicampur dengan Ethidium Bromide dan dialiri listrik 120 volt selama 2,5 jam. Pengambilan data hasil amplifikasi DNA dilakukan menggunakan GelDoc Image Analyzer.

D. Analisa data

Hasil visualisasi fragmen DNA dianalisis dengan menggunakan GenAlex 6.4 (Peakall & Smouse, 2012) dan POPGENE 1.32 (Yeh & Boyle, 1997). Fragmen DNA dinilai berdasarkan adanya hasil amplifikasi fragmen dengan klasifikasi "1" jika ada amplifikasi dan "0" jika tidak ada amplifikasi. Analisis koordinat

prinsipal (PCoA) menggambarkan hubungan genetik secara dekat dengan posisi geografis. Selain itu, pengaruh lokasi terhadap perbedaan keragaman genetik dianalisis menggunakan Analisis Ragam Molekuler (AMOVA).

Tabel 2. Daftar primer RAPD (*Operon Technologies*) yang digunakan dan urutan sekuen basanya

No	Primer	Sekuen (5' ke 3')
1	OP-D19	CTGGGGACTT
2	OP-F1	ACGGATCCTG
3	OP-F3	CCTGATCACC
4	OP-F9	CCAAGCTTCC
5	OP-I9	TGGAGAGCAG
6	OP-J20	AAGCGGCCTC
7	OP-Q13	GGAGTGGACA
8	OP-Q17	GAAGCCCTTG
9	OP-Q18	AGGCTGGGTG
10	OP-W4	CAGAAGCGGA
11	OP-Y7	AGAGCCGTCA
12	OP-Y11	AGACGATGGG

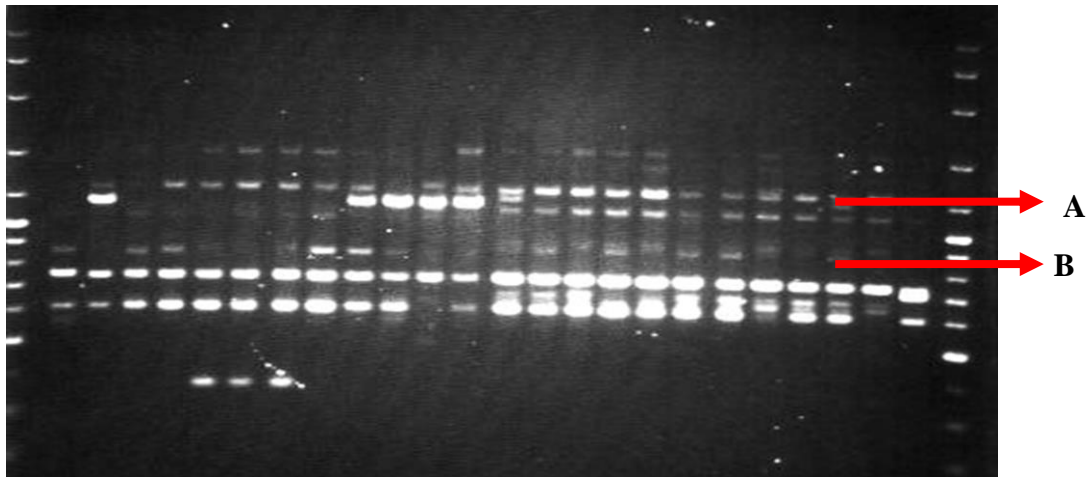
Program POPGENE 1.32 digunakan untuk menghitung nilai keanekaragaman genetik dan jarak genetik berdasarkan Nei's Gene Diversity 1973 dan Nei's Original Measures of Genetic Distance 1972 dengan memanfaatkan perbedaan frekuensi alel (frekuensi fragmen amplifikasi) di antara individu dan populasi. Nilai keragaman genetik menggambarkan keragaman genetik suatu populasi, sementara nilai rata-rata jarak genetik antara dua populasi atau lebih menggambarkan keragaman genetik di antara populasi.

Analisis kluster dilakukan dengan menggunakan metode UPGMA (*unweighted pair group method with arithmetic averaging*) untuk mengklasifikasikan populasi dalam rentang yang didasarkan pada konsep jarak genetik. Hasilnya ditampilkan dalam bentuk analisis cluster dendrogram kekerabatan antar populasi.

III. HASIL DAN PEMBAHASAN

Analisis keragaman genetik kayu merah dengan penanda RAPD pada penelitian ini menggunakan 12 primer RAPD yang diseleksi dari 32 primer, dan menghasilkan 99 losi polimorfik dengan kisaran panjang antara 300bp – 1500bp. Jumlah fragmen polimorfik dalam analisis keragaman genetik adalah kunci keberhasilan untuk mendapatkan tingkat keragaman genetik populasi.

Terdapat dua macam pola pita DNA hasil elektroforesis yaitu pola pita monomorfik dan polimorfik. Perbedaan pola pita DNA ini dipengaruhi oleh perbedaan hasil amplifikasi DNA genom. Pita polimorfik adalah gambaran pita DNA yang muncul pada ukuran tertentu, tetapi pada sampel yang lain tidak ditemukan (Gambar 2). Polimorfik disebabkan oleh tidak adanya amplifikasi pada suatu lokus yang dipicu oleh adanya perbedaan urutan basa nukleotida pada titik penempelan primer. Adanya pola pita DNA yang polimorfik disebabkan oleh perbedaan susunan basa pada masing-masing sampel DNA. Oleh karena itu, tidak semua sampel DNA dapat menghasilkan pita pada suatu lokus tertentu. Sampel DNA yang dapat menghasilkan pita menandakan bahwa DNA tersebut memiliki sekuens yang komplemen dengan primer. Perbedaan ini dapat dijadikan petunjuk adanya keragaman genetik baik yang terdapat di dalam maupun di antara populasi. Polimorfisme yang dihasilkan dengan teknik PCR RAPD disebabkan adanya perubahan basa nukleotida, delesi, dan insersi (Semagn, Bjornstad, & Ndjiondjop, 2006; Williams et al., 1990). Tidak adanya amplifikasi DNA di beberapa primer kemungkinan karena urutan basa primer tersebut tidak komplemen dengan urutan basa atau hilangnya potongan pada DNA template. Selain itu perlu diperhatikan bahwa visualisasi pita polimorfik tidak selalu jelas (*smear*). Hal ini terjadi bila jumlah salinan fragmen DNA rendah. Jelas tidaknya pita ini menentukan primer atau lokus yang akan digunakan dalam analisis.



Gambar 2. Visualisasi hasil PCR pada gel agarose 1,2% untuk 12 sampel populasi Timor dan 12 sampel populasi Flores menggunakan penanda OP-Q17. Pita polimorfik di 1100 bp (A) dan pita monomorfik di 750 bp (B)

Hasil analisa Popgene diketahui bahwa rerata nilai keragaman genetik di dalam populasi kayu merah adalah sebesar 0,2024. Populasi Soe mempunyai keragaman genetik di dalam populasi paling tinggi (0,2925), sedangkan yang terendah adalah populasi Ngada (0,1212) (Tabel 3). Meskipun mempunyai nilai keragaman genetik dalam populasi tertinggi, pada populasi Soe tidak ditemukan adanya alel spesifik yang membedakan populasi tersebut dengan populasi lainnya. Menurut Nei (1987), nilai keragaman genetik berkisar dari 0,1 – 0,4 masuk dalam kategori rendah, sementara nilai 0,5 – 0,7 tergolong dalam kategori sedang, dan 0,8 – 1,0 merupakan kategori tinggi. Oleh karena itu, keragaman genetik populasi kayu merah dalam penelitian ini tergolong rendah. Rendahnya nilai keragaman genetik ini dapat disebabkan oleh ukuran populasinya yang kecil karena adanya tekanan eksploitasi yang tinggi terhadap populasi kayu merah di berbagai sebaran alaminya.

Tabel 3 memperlihatkan bahwa jumlah alel yang teramati (n_a) pada enam populasi kayu merah adalah rendah. Hal ini mungkin disebabkan oleh terbatasnya ukuran populasi sampel sehingga cenderung lebih homogen dan hubungan kekerabatan yang dekat antara setiap individu pada populasi sampel yang digunakan (Maskur, Muladno, & Tappa, 2007). Nilai ne

menunjukkan jumlah alel efektif yang diperoleh dari masing-masing lokus. Semakin tinggi nilai ne berarti semakin tinggi pula jumlah individu heterozigot yang terdapat pada suatu populasi. Sementara itu, persentase lokus polimorfik menunjukkan adanya heterozigositas dan heterogenitas antara individu-individu di dalam populasi (Ajambang, Sudarsono, Asmono, & Toruan, 2012). Semakin tinggi persentase lokus polimorfik, semakin tinggi pula tingkat heterozigositas dan heterogenitasnya.

Nilai jarak genetik antar populasi paling tinggi adalah sebesar 0,376, yaitu antara populasi Ngada dan Kefamenanu. Sedangkan jarak genetik antar populasi paling rendah adalah antara populasi Ngada dan Manggarai Timur, yaitu sebesar 0,060 (Tabel 4). Keragaman genetik dalam populasi adalah keragaman yang muncul pada suatu populasi yang terjadi akibat adanya variasi genetik antar individu yang menjadi anggota populasi. Menurut Al-Khairi (2008), keragaman genetik berdasarkan penyebabnya digolongkan menjadi tiga, yaitu keragaman genetik yang disebabkan oleh faktor genetik, faktor lingkungan, dan keduanya. Keragaman yang dipengaruhi oleh faktor genetik adalah perbedaan susunan genetik yang diturunkan dari tetua kepada keturunannya.

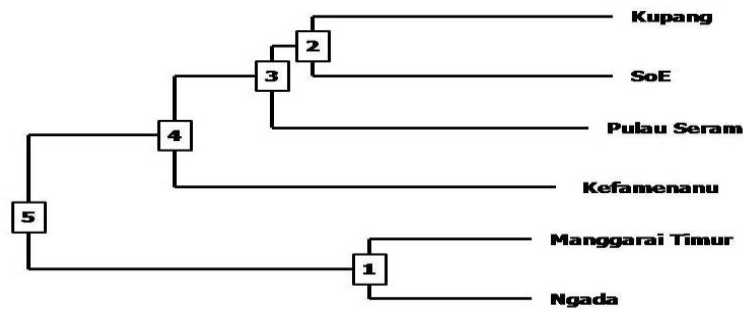
Tabel 3. Analisa keragaman genetik enam populasi kayu merah berdasarkan analisa Popgene

POPULASI	n	na	ne	h	% lokus polimorfik
Kupang	4	1,3535	1,2566	0,1465	35,35
Kefamenanu- Timur Tengah Utara	4	1,3737	1,2566	0,1503	37,37
Manggarai Timur, Flores	10	1,6566	1,3885	0,2277	65,66
Ngada- Flores	2	1,2424	1,2424	0,1212	24,24
Pulau Seram	12	1,7677	1,4697	0,2765	76,77
Soe- Timur Tengah Selatan	16	1,899	1,496	0,2925	89,90
Rerata		1,5488	1,3516	0,2024	

Keterangan: n : jumlah sampel
na : jumlah alel yang diobservasi
ne : jumlah alel yang efektif
h : keragaman genetik
I : index Shannon

Tabel 4. Data jarak genetik antar populasi enam populasi kayu merah

POPULASI	Kupang	Kefamenanu- Timur Tengah Utara	Manggarai Timur- Flores	Ngada- Flores	Soe- Timur Tengah Selatan	Seram
Kupang	-					
Kefamenanu-Timur Tengah Utara	0,191	-				
Manggarai Timur- Flores	0,264	0,340	-			
Ngada- Flores	0,225	0,376	0,060	-		
Soe- Timur Tengah Selatan	0,096	0,164	0,210	0,218	-	
Pulau Seram	0,089	0,255	0,178	0,196	0,103	-

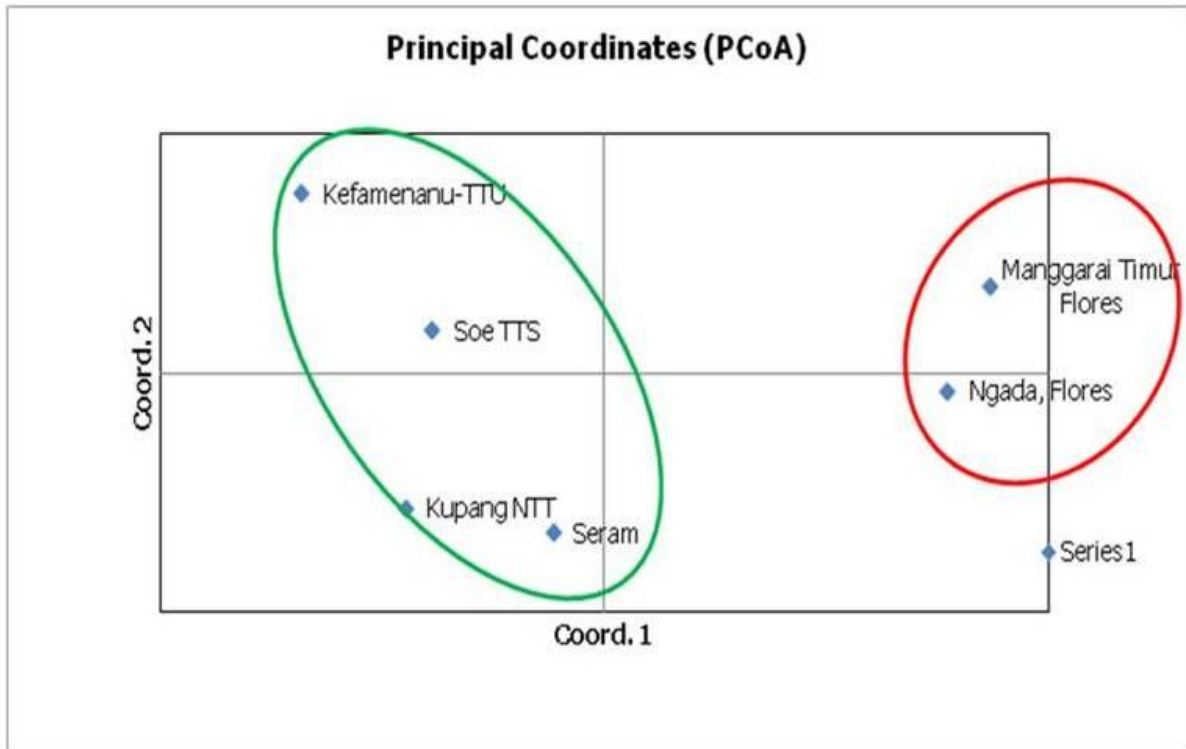


Gambar 3. Dendrogram jarak genetik enam populasi kayu merah berdasarkan analisa Popgene

Hasil analisis kluster dalam susunan dendrogram jarak genetik antara enam populasi kayu merah disajikan pada Gambar 3.

Hasil analisa kluster menunjukkan bahwa terdapat dua pengelompokan besar yaitu: 1) kelompok populasi Kupang, Soe, Pulau Seram dan Kefamenanu, dan 2) kelompok populasi

Manggarai Timur dan Ngada. Kedua kelompok populasi kayu merah ini mempunyai jarak genetik relatif jauh. Berdasarkan susunan dendrogram diketahui bahwa populasi Kupang, Soe, Pulau Seram dan Kefamenanu diduga berasal dari sumber populasi yang sama.



Gambar 4. Jarak genetik enam populasi kayu merah berdasarkan penghitungan PCoA GenAlex

Hasil dendogram menunjukkan kesesuaian dengan hasil analisa PCoA yang memisahkan enam populasi kayu merah berdasarkan letak geografisnya (Gambar 4). Hasil analisa kluster dan PCoA juga menunjukkan bahwa populasi yang berasal dari pulau Timor yaitu populasi Kupang, Soe dan Kefamenanu mempunyai hubungan kekerabatan yang relatif lebih dekat daripada populasi kayu merah lainnya. Hal ini bisa terjadi karena tiga populasi tersebut berasal dari satu pulau yaitu pulau Timor dan tidak terdapat *barrier* alami yang mampu menghalangi aliran gen (*gene flow*) antara kedua populasi tersebut. Populasi-populasi yang menyambung secara geografis mempunyai ukuran populasi yang lebih tinggi dibandingkan populasi terpisah-pisah sehingga mendorong terjadinya aliran gen yang tidak terbatas. Hal ini sesuai dengan penelitian Nurtjahjaningsih, Qiptiyah, Pamungkas, Widyatmoko, dan Rimbawanto (2014) pada populasi sebaran alam jabon putih dari wilayah Nusa Tenggara Barat (Lombok Barat dan

Sumbawa) yang saling berdekatan baik secara geografis maupun genetik.

Hasil penelitian juga menunjukkan bahwa populasi kayu merah dari Pulau Timor mempunyai kedekatan secara genetik dengan populasi dari Pulau Seram. Hal ini diduga bahwa populasi dari Pulau Seram dan populasi dari Pulau Timor dahulu berasal dari populasi yang sama dimana kayu merah di Pulau Seram bisa berasal dari Pulau Timor, atau sebaliknya. Sedangkan populasi kayu merah di wilayah Flores berasal dari populasi lainnya. Selanjutnya dari hasil analisis PCoA juga terlihat bahwa keempat populasi kayu merah di wilayah Pulau Timor dan Pulau Seram dapat dibagi lagi menjadi 2 kelompok, yaitu 1) populasi Kefamenanu dan Soe, dan 2) populasi Kupang dan Pulau Seram. Dengan kedekatan populasi Seram dengan populasi Kupang diduga bahwa telah terjadi pergerakan populasi kayu merah dari Kupang ke Seram atau sebaliknya.

Kedekatan genetik antara dua populasi di Pulau Flores (Manggarai Timur dan Ngada) menunjukkan bahwa jarak geografis sangat

berhubungan erat dengan jarak genetik. Dengan jarak genetik yang kecil (0,060), kedua populasi di Pulau Flores diduga berasal dari populasi yang sama, atau dapat juga dianggap sebagai satu populasi. Populasi kayu merah di Pulau Flores kemungkinan berbeda asalnya dengan empat populasi lainnya dari wilayah Pulau Timor. Hal ini karena populasi Flores terpisah dengan jarak genetik yang cukup jauh dengan keempat populasi dari wilayah Pulau Timor. Walaupun secara geografis kedua populasi dari wilayah Pulau Flores lebih dekat dengan keempat populasi di wilayah Pulau Timor, tetapi secara genetik populasi Pulau Timor lebih dekat dengan

populasi Seram yang secara geografis letaknya lebih berjauhan.

Perbedaan letak geografis yang terpisah lautan dan daratan bisa menjadi salah satu faktor perbedaan struktur genetika. Menurut Mc Donald dan Mc Dermott (1993), struktur genetika dari suatu populasi dipengaruhi oleh beberapa faktor seperti lingkungan, kondisi alam, besarnya populasi, cara reproduksi dan seleksi alam. Selain itu ditambahkan juga oleh Finkeldey (2005) bahwa keragaman genetik pada suatu populasi juga dipengaruhi oleh mutasi, aliran gen (*gene flow*) dan penyimpangan genetik (*genetic drift*)

Tabel 5. Analisa ragam molekuler enam populasi kayu merah

Sumber Variasi	Derajat Bebas	Jumlah Kuadrat	Rerata Kuadrat	Prosentase Varian	<i>P - value</i>
Antar Populasi	5	298,633	59,727	31%	0,001
Dalam Populasi	42	585,763	13,947	69%	0,001
Total	47	884,396		100%	

Hasil analisa ragam molekuler menunjukkan bahwa tidak terdapat perbedaan genetik yang signifikan antara keenam populasi kayu merah tersebut. Hal ini juga didukung dengan tidak ditemukannya alel spesifik yang dapat menjadi ciri identifikasi suatu populasi ataupun suatu spesies tanaman. Keragaman genetik didalam populasi lebih besar daripada keragaman genetik antar populasi, yaitu sekitar 69%.

Informasi keragaman genetik sangat penting untuk diketahui sebelum melakukan kegiatan konservasi dan pemuliaan kayu merah. Pengetahuan mengenai keragaman genetik akan menentukan upaya dan strategi konservasi yang perlu dilakukan. Salah satu diantaranya melalui cara menyilangkan populasi yang mempunyai keragaman genetik tinggi dengan populasi yang mempunyai genetik rendah serta mencegah terjadinya silang dalam (*inbreeding*) yang dapat menurunkan kualitas suatu individu dalam populasi. Sementara itu, kegiatan pemuliaan tanaman dapat memanfaatkan populasi kayu

merah dengan keragaman dan potensi individu yang tinggi untuk memperbaiki kualitas genetiknya. Untuk mendukung kegiatan pemuliaan, umumnya individu-individu yang berasal dari populasi berkeragaman genetik tinggi yang direkomendasikan untuk dibudidayakan. Dengan informasi keragaman genetik kayu merah maupun pembagian kelompok dari keempat populasi secara genetik, pemilihan populasi maupun jumlah individu yang diambil untuk kegiatan pemuliaan kayu merah dapat ditentukan.

IV. KESIMPULAN

Enam populasi sebaran alami kayu merah di wilayah Pulau Timor, Pulau Flores dan Pulau Seram mempunyai keragaman genetik yang cukup rendah dengan rata-rata sebesar 0,2024. Hasil dendrogram membagi keenam populasi kayu merah menjadi 2 kelompok besar berdasarkan jarak geografis, kecuali populasi Seram, dengan rata-rata jarak genetik sebesar 0,198. Pengelompokan keenam populasi

memperlihatkan adanya pergerakan gen dan kedekatan genetik antara populasi Seram dengan populasi Pulau Timor dibandingkan dengan populasi dari Pulau Flores. Untuk kegiatan konservasi kayu merah, baik in-situ maupun eks-situ, perlu memperhatikan pembagian wilayah berdasarkan keragaman genetik ini. Demikian juga untuk kegiatan pemuliaan atau pengembangan kayu merah. Jumlah populasi, asal populasi dan jumlah individu/pohon induk per populasi kayu merah perlu memperhatikan keragaman genetik dari masing-masing populasi, jarak genetik antar populasi dan pengelompokan populasi.

UCAPAN TERIMA KASIH

Ucapan terima kasih ditujukan kepada tim peneliti dan teknisi dari Kelompok peneliti Konservasi Sumber Daya Genetik yang telah membantu penulis untuk melakukan pengambilan sampel daun dari berbagai populasi alam kayu merah dan juga kepada peneliti serta teknisi Laboratorium Genetika Molekuler yang telah membantu kegiatan penelitian.

DAFTAR PUSTAKA

- Ajambang, W., Sudarsono, Asmono, & Toruan, N. (2012). Microsatellite markers reveal Cameroon's wild oil palm population as a possible solution to broaden the genetic base in the Indonesia-Malaysia oil palm breeding programs. *African Journal of Biotechnology*, 11(69), 13244–13249.
- Al-Khairi. (2008). *Keragaman Genetik Jati Rakyat di Jawa Berdasarkan Penanda Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD)*. IPB Bogor.
- Dona, F. (2014). *Pengaruh Ekstrak Kulit Batang Angsana (*Pterocarpus indicus* Willd.) terhadap Kualitas Sperma Epididimis Mencit (*Mus musculus* L. Swiss webster)*. STKIP PGRI Padang Sumatra Barat.
- Finkeldey, R. (2005). *An Introduction to Tropical Forest Genetics*. (I. . Djahuri, U. . Siregar, Siregar, & A.W. Kertadikara, Eds.). Bogor: IPB.
- Heyne, K. (1987). *Tumbuhan Berguna Indonesia*. Yayasan Sarana Wana Jaya.
- Joker, D. (2002). *Pterocarpus indicus* Willd. In *Seed Brief Information*. Bandung: Indonesia Forest Seed Project.
- Maskur, Muladno, & Tappa, B. (2007). Identifikasi genetik menggunakan marker mikrosatelit dan hubungannya dengan sifat kuantitatif pada sapi. *Media Peternakan*, 30(3), 147–155.
- Mc Donald, B. M., & Mc Dermott, J. M. (1993). Population genetic of plant pathogenic fungi, electrophoretic markers given unprecedented precision to analysis of genetic structure of population. *Bio Science*, 43, 311–319.
- Nayak, G. R., & Rout, P. D. (2003). Evaluation of the genetic variability in bamboo using RAPD. *Plant Soil Environ*, 49(1), 24–28.
- Nei, M. (1987). *Molecular Evolutionary Genetics*. New York: Columbia University Press.
- Nurtjahjaningsih, I., Qiptiyah, M., Pamungkas, T., Widyatmoko, A., & Rimbawanto, A. (2014). Karakterisasi keragaman genetik populasi jabon putih menggunakan penanda random amplified polymorphism DNA. *Jurnal Pemuliaan Tanaman Hutan*, 8(2), 81–92.
- Peakall, R., & Smouse, P. E. (2012). GenA1Ex 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research an update. *Bioinformatics*, 28(19), 2537–2539.
- Runo, M. S., Muluvi, G. M., & Odee, D. W. (2004). Analysis of genetic structure in *Melia volkensii* (Gurke.) populations using random amplified polymorphic DNA. *African Journal of Biotechnology*, 3(8), 421–425.
- Semagn, K., Bjornstad, A., & Ndjiondjop, M. N. (2006). Principles, requirements and prospects of genetic mapping in plants. *African Journal of Biotechnology*, 5(25), 2569–2587.
- Shiraishi, S., & Watanabe, A. (1995). Identification of chloroplast genome between *Pinus densiflora* Sieb. et Zucc. And *P. thunbergii* Parl. Base on the polymorphism. *Journal of the Japanese Forest Society*, 77(95), 429–436.
- Soerianegara, I., & Lemmens, R. H. M. J. (2002). *Sumber Daya Nabati Asia Tenggara 5(1): Pohon penghasil kayu perdagangan yang utama*. Jakarta: PROSEA - Balai Pustaka.
- Williams, J. G. K., Kubelik, A. R., Livak, K. J., Rafalski, J. A., & Tingey, S. V. (1990). DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. *Nucleic Acids Res*, 18, 6531–6535. <https://doi.org/10.1093/nar/18.22.6531>

- World Conservation Monitoring Centre. (1998). *Pterocarpus indicus*. *The IUCN Red List of Threatened Species* 1998: e.T33241A9770599.
<https://doi.org/http://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.1998.RLTS.T33241A9770599.en>
- Yeh, F. C., & Boyle, T. J. B. (1997). Population genetic analysis of co-dominant and dominant markers and quantitative traits. *Belgian Journal of Botany*, (129), 157.