

## **Analisis Keragaman Genetik *Dyera costulata* (Miq) Hook.f. Berdasarkan Marka “Random Amplified Polymorphic DNA”**

### **Genetic Variation Analysis of *Dyera costulata* (Miq) Hook.f. Based on Random Amplified Polymorphic DNA**

**Yuyu Suryasari Poerba\* dan Elizabeth A. Widjaya**

*Bidang Botani, Pusat Penelitian Biologi LIPI*

*Jl. Raya Bogor Km 46.5 Cibinong, Bogor*

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

#### **Abstract**

*Dyera costulata* (Miq.) Hook.f (Apocynaceae) is a large tree of the lowland tropical rain forest of Southeast Asia that occurs in Thailand, the Malay Peninsula and on the islands of Sumatera and Borneo. Its economic value was in its latex, used as gum chile in the manufacture of chewing gum. Nowadays the timber of this species is largely utilized for the manufacture of pencils and picture frames. The information on genetic diversity of the species is very limited. Hence studies were initiated and genetic diversity were estimated using Random Amplified Polymorphic (RAPD) markers in 47 accessions of *Dyera costulata* procured from different geographical regions of Jambi. Four selected Operon primers (10 mer) generated a total of 90 consistent amplification products ranging from 150 bp to 2.8 Kb. The cluster analysis showed that the 47 individuals were separated into one main cluster and one individual. The range of genetic dissimilarity value among samples was from 0.06 to 0.71, while genetic distance among populations was from 0.17 to 0.42. These values showed that those 47 accessions of *D. costulata* from Jambi was genetically originated from diverse population.

**Key words:** *Dyera costulata*, genetic variation, RAPD

#### **Abstrak**

*Dyera costulata* (Miq.) Hook.f (Apocynaceae) adalah jenis pohon besar hutan hujan tropis dataran rendah Asia Tenggara, yang tumbuh di Thailand, Semenanjung Malaysia, dan di pulau Sumatera dan Borneo. Nilai ekonomis pohon ini adalah getahnya, yang digunakan sebagai *gum chile* dalam pembuatan permen karet. Akhir-akhir ini, kayu pohon jenis ini digunakan dalam pembuatan pensil dan bingkai foto. Informasi keragaman genetik jenis pohon ini sangat terbatas. Oleh karena itu penelitian ini dilakukan, dan keragaman genetik diduga dengan menggunakan marka Random Amplified Polymorphic (RAPD) pada 47 aksesi *Dyera costulata* yang berasal dari berbagai daerah di Jambi. Empat primer terpilih dari Operon (10 mer) menghasilkan 90 produk amplifikasi yang konsisten yang ukurannya berkisar dari 150 bp hingga Kb. Analisis kluster menunjukkan bahwa ke-47 individu terkelompok ke dalam satu kluster dan satu individu terpisah sendiri. Nilai ketidaksamaan genetik berkisar dari 0,17 hingga 0,42. Hasil ini menunjukkan bahwa ke-47 aksesi *D. costulata* dari Jambi berasal dari populasi yang beragam.

**Kata kunci:** *Dyera costulata*, keragaman genetik, RAPD

Diterima: 11 Mei 2009, disetujui: 08 Desember 2009

## **Pendahuluan**

*Dyera costulata* (Miq.) Hook.f (Apocynaceae), di Indonesia dikenal dengan Jelutung tersebar di Sumatra dan Kalimantan, dan pulau-pulau di antaranya. Kayu jelutung

ringan dan lunak, mudah dibentuk dan stabil. Biasanya digunakan sebagai bahan untuk papan gambar, mainan (toys), pensil, bingkai foto, korek api dan bagian-bagian furnitur, termasuk untuk lis kayu hiasan dinding, produksi veneer dan *plywood* (kayu lapis). Lateksnya digunakan

untuk pembuatan permen karet (*chewing gum*), sehingga species tersebut termasuk pohon serbaguna. Di Malaysia *D.costulata* menjadi salah satu komoditi ekspor (Norwati, 2002; Soerianegara dan Lemmens, 1993; Boer dan Ella, 2000). Di Indonesia, walaupun pohon Jelutung sudah dimanfaatkan dan dieksploitasi sejak lama, upaya rehabilitasi dan konservasinya serta penebangan liar yang masih marak dilakukan (Anonymous, 2006), sehingga keberadaan pohon jelutung semakin terancam (Hardiyanto dan Na'iem, 2001). Pohon Jelutung sebenarnya termasuk pohon yang dilindungi di bawah SK Mentan No. 54/Kpts/ Um/2/1972, dalam SK tersebut ada larangan penebangan pohon berdiameter di bawah 50 cm (Wiriadinata, 2001).

Pemeliharaan keragaman genetik perlu untuk keberadaan/survival suatu spesies dalam jangka panjang karena keragaman genetik menyediakan potensi berevolusinya tumbuhan tersebut. Menurunnya keragaman genetik akibat kehilangan alel-alel tertentu menurunkan kemampuan populasi tumbuhan untuk merespon perubahan lingkungan biotik (misalnya patogen) dan abiotik (Pither *et al.*, 2003). Hal-hal tersebut menjadikan penentuan keragaman genetik suatu species menjadi penting.

Jelutung belum banyak diketahui variasi genetiknya (Norwati, 2002), dan studi genetik serta populasi jelutung belum banyak dilaporkan. Penelitian ini bertujuan mengidentifikasi variasi genetik *D. costulata* dari empat lokasi di Jambi yang digunakan dalam perbanyakan tanaman dalam program domestikasi *D.costulata*, berdasarkan marka random amplified polymorphic DNA (RAPD). Marka RAPD digunakan dalam penelitian ini karena selain relatif mudah dan *cost effective*, marka ini sudah banyak digunakan untuk mengidentifikasi variasi genetik jenis-jenis pohon kayu tropis lainnya, misal *Trichilia pallid* (Meliaceae) (Mori *et al.*, 2004); *Terminalia amazona* (Pither *et al.*, 2003); Dipterocarpaceae (Rath *et al.*, 1998), *Melia volkensii* (Runo *et al.*, 2004); *Azadirachta indica* (Singh *et al.*, 2005) dan *Shorea laevis* (Siregar *et al.*, 1998) RAPD memiliki kelemahan dalam konsistensi produk amplifikasi (Jones *et al.*, 1997), hal ini dapat diatasi dengan mengoptimalkan ekstraksi, dan kondisi PCR serta pemilihan primer yang tepat.

## Metode Penelitian

Bahan yang digunakan adalah 47 aksesori *D.costulata* yang berasal dari daerah Jambi dan koleksi Pusat Penelitian Tanaman Karet, Medan. Bahan penelitian identifikasi genetik terdiri atas empat populasi, yaitu: (1) Sungai Batang Hari (DHL), Jambi (2) Teluk Pulai, Palembang, (3) TN Berbak, Jambi, dan (4) Koleksi Pusat Penelitian Karet, Medan dengan tiap-tiap populasi terdiri atas 9–14 individu (duplikasi). Material DNA ke-47 aksesori ini berupa potongan daun muda yang dikeringkan dengan silica gel, sesuai pedoman pengambilan sampel untuk material DNA (Widjaya dan Poerba, 2004).

### Ekstraksi dan Isolasi DNA

Ekstraksi DNA dilakukan dengan menggunakan metode CTAB yang dimodifikasi (Delaporta *et al.*, 1983), yaitu penambahan RNase dengan konsentrasi akhir DNA 250 µg/mL. Kuantitas setiap DNA hasil isolasi diukur dengan Fluorometer (Shimadzu UV1201), sedangkan kualitasnya dilihat pada gel 0.8% hasil elektroforesis. Ekstraksi DNA yang menghasilkan kuantitas dan kualitas DNA yang cukup baik, dilanjutkan amplifikasi dengan metode PCR (*Polymerase Chain Reaction*).

### Amplifikasi DNA

Amplifikasi DNA dilakukan berdasarkan metode Williams *et al.*, (1990) dimodifikasi menggunakan empat primer RAPD terpilih, yaitu OPU-06, OPU-07, OPN-14 dan OPN-19 (Operon Technology Ltd) (Tabel 1), yang merupakan primer polimorfik dan sebelumnya diuji pada jelutung (Poerba dan Widjaya, tidak diterbitkan). PCR dilakukan pada total volume 15 µl. Tiap-tiap tabung PCR berisi 0.2 nM dNTPs; 1.5 µl bufer reaksi; 2mM MgCl<sub>2</sub>; 10 ng DNA; 5 pmol primer tunggal; dan 1 unit *Taq* DNA polymerase (Promega).

Reaksi PCR dilakukan menggunakan *thermocycler* (Takara). Pra-PCR pada suhu 94°C selama 5 menit, kemudian diikuti oleh 45 siklus yang terdiri denaturasi 1 menit pada suhu 94°C, penempelan primer 1 menit pada suhu 36°C, dan 2 menit pemanjangan pada suhu 72°C. Setelah 45 siklus selesai, kemudian diikuti pascaPCR 4 menit pada suhu 72°C dan pendinginan pada suhu 4°C selama 30 menit. Hasil amplifikasi

difraksinasi secara elektroforesis menggunakan Mupid Mini Cell pada gel agarosa 2.0% dalam bufer TEA (Tris-EDTA) selama 60 menit pada 50 V, kemudian gel direndam dalam larutan ethidium bromida dengan konsentrasi akhir  $1\mu\text{g ml}^{-1}$  selama 10 menit. Hasil pemisahan fragmen DNA dideteksi dan difoto menggunakan *Gel Documentation System*. Sebagai standar digunakan 100 bp DNA ladder (Promega) untuk menetapkan ukuran pita hasil amplifikasi DNA.

### Analisis Data

Setiap pita RAPD dianggap sebagai satu alel putatif. Hanya alel yang menunjukkan pita yang jelas yang digunakan untuk skoring: ada (1) dan kosong (0). Matriks binari fenotip RAPD ini kemudian disusun untuk digunakan pada analisis kluster dengan menggunakan UPGMA program NTSYS-pc versi 1.80 (Rohlf, 1993). Nilai kesamaan genetik diambil dari *Simple Matching Coefficient* (Dunn dan Everitt, 1982; Rohlf, 1993), sedangkan nilai ketidaksamaan genetik merupakan pengurangan nilai *matrix of similarity* oleh 1 (Dunn dan Everitt, 1982). Matrik jarak genetik antar populasi dihitung dengan menggunakan Nei's *unbiased genetic distances* (Nei, 1978) dengan program POPGENE software (Yeh *et al.*, 1999). Dendrogram yang dihasilkan dari analisis dilihat menggunakan program TREEVIEW software (Page, 1998).

## Hasil dan Pembahasan

### Analisis Profil RAPD

Hasil amplifikasi total genom DNA dengan menggunakan empat primer RAPD (OPN-14, OPN-19, OPU-06, dan OPU-07 dari Operon Technology), pada 47 aksesori jelutung menghasilkan produk PCR yang dapat dibaca dan diskor, sehingga hasilnya dapat dianalisis. Sekuens dari keempat primer ini dan jumlah marka RAPD yang dihasilkan tertera pada Tabel 1. Hasil PCR dengan satu primer (OPU-06) dapat dilihat pada Gambar 1. Hasil pengamatan menunjukkan bahwa diperoleh 60 fragmen DNA yang berukuran dari 200 bp hingga 3.0kb, 93,33% di antaranya merupakan fragmen DNA polimorfik (Tabel 1). Keempat primer menghasilkan 14–16 fragmen DNA yang dapat

dideteksi dan diskor. Hal ini menunjukkan marka RAPD yang digunakan memiliki tingkat polimorfisme yang tinggi (>50% pita polimorfik). Rata-rata setiap primer menghasilkan 15 pita yang dapat dideteksi dan diskor. Jumlah maksimum pita polimorfik yaitu 16 terdapat pada primer OPN-19 (Tabel 1).

Jumlah dan intensitas pita DNA yang dihasilkan setelah amplifikasi DNA dengan PCR sangat tergantung kemampuan primer mengenal urutan DNA komplementernya pada cetakan DNA (*DNA template*) yang digunakan (Tingey *et al.*, 1994). Hasil amplifikasi DNA *D. costulata* menggunakan empat primer acak diatas tidak selalu memperoleh pita dengan intensitas yang sama. Intensitas pita DNA hasil amplifikasi pada setiap primer dipengaruhi oleh kemurnian dan konsentrasi cetakan DNA. Cetakan DNA yang mengandung senyawa-senyawa seperti polisakarida dan senyawa fenolik, serta konsentrasi DNA cetakan yang terlalu kecil sering menghasilkan pita DNA amplifikasi yang redup atau tidak jelas (Weeden *et al.*, 1992). Selain itu, sebaran situs penempelan primer pada cetakan DNA dan adanya kompetisi tempat penempelan primer pada cetakan DNA dapat menyebabkan satu fragmen diamplifikasi dalam jumlah banyak dan fragmen lainnya sedikit. Proses amplifikasi mungkin saja diinisiasi pada beberapa tempat, tetapi hanya beberapa set yang dapat dideteksi sebagai pita sesudah diamplifikasi (Weeden *et al.*, 1992).

Pemilihan primer pada analisis RAPD berpengaruh terhadap polimorfisme pita yang dihasilkan, karena setiap primer memiliki situs penempelan tersendiri. Akibatnya, pita DNA polimorfik yang dihasilkan setiap primer menjadi berbeda, baik dalam ukuran banyaknya pasang basa maupun jumlah pita DNA.

### Analisis Kluster Antar Individu dan Antar Populasi

Analisis kluster kesamaan genetik pada 47 sampel *D. costulata* menunjukkan pemisahan sampel ke dalam kluster-kluster yang mengelompok berdasarkan populasinya, sebagian secara acak (Gambar 2). Dendrogram menunjukkan dua kluster utama (A; koefisien kesamaan 0,61), dan kluster B (koefisien kesamaan 0,50). Kluster A merupakan kelompok

yang berasal dari satu populasi (populasi 2). Kluster B terdiri dari kelompok C yang berasal dari satu populasi, dan D yang terdiri dari subkelompok yang sebagian besar dari populasi yang sama (E dan F), dan mengelompok secara acak (G). Fenomena yang menarik dari hasil analisis kluster ini adalah mengelompoknya individu dari populasi yang berlainan ke dalam satu kluster. Hal ini mengindikasikan adanya keragaman genetik pada *D. costulata*, yang disebabkan oleh adanya rekombinasi genetik. Hal ini menunjukkan adanya penyerbukan silang pada *D. costulata* yang cukup tinggi.

Nilai ketidaksamaan genetik untuk ke-47 sampel berkisar dari 0,06–0,71, yang tertinggi (0,71) terdapat antara sampel 4 (TN Berbak, Jambi) dan 23 (populasi Hutan Produksi PT DHL) dan paling rendah (0,06) antara sampel 37 dan 38 (keduanya termasuk dalam populasi Koleksi Pusat Penelitian Karet, Medan). Hal ini menunjukkan adanya keragaman genetik antarindividu dan antarpopulasi. Pendugaan pertama adalah lokus polimorfik yang digunakan dalam analisis ini sudah dipilih yang memiliki polimorfisme yang tinggi. Selain itu, telah terjadi rekombinasi genetik yang mungkin terjadi dan telah terjadi rekombinasi random dalam sampel akibat terjadinya *outcrossing* yang memang sangat umum terjadi pada jenis-jenis tumbuhan berbunga dengan penyerbukan silang sehingga menyebabkan tingginya keragaman antarindividu. Hal yang sama juga terdapat pada tumbuhan tropis yang memperlihatkan keragaman genetik yang tinggi, seperti *Terminalia amazona* (Pither *et al.*, 2003) dan *Eugenia dysenterica* (Telles *et al.*, 2003) dan kebanyakan terjadi dalam populasi (Pither *et al.*, 2003; Telles *et al.*, 2003). Hal ini menimbulkan dugaan bahwa tumbuhan ini menyerbuk silang. Kondisi yang ini sama juga ditunjukkan dengan

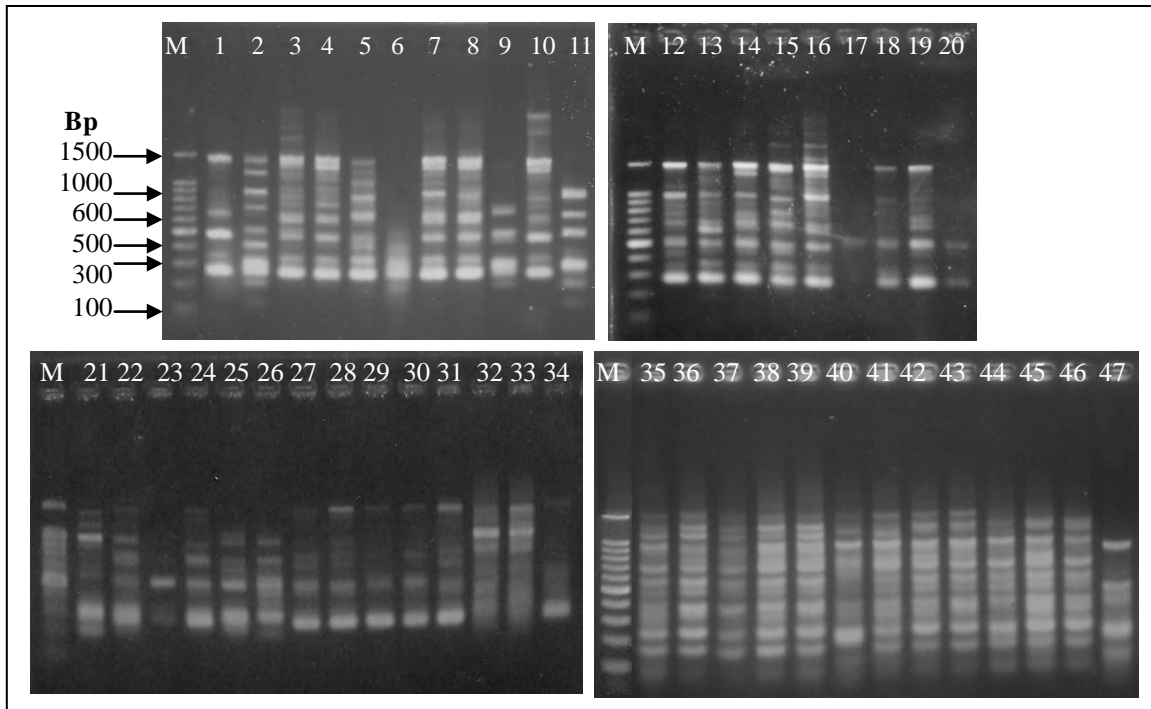
penampilan morfologi tumbuhan jelutung. Warna daun dan batang serta morfologi daun menunjukkan perbedaan. Daun ada yang berwarna kemerahan, hijau tua, dan hijau muda, sedangkan batang ada berwarna coklat gelap dan coklat kehijauan. Demikian juga dengan kanopi, ada yang mengerucut dan ada yang melebar.

Fenomena yang menarik adalah tiga individu (6, 9, 11) terpisah dari populasinya (1). Ketiga nomor ini memiliki karakter morfologi yang berbeda. Nomor 11 memiliki warna pucuk daun yang merah, sehingga disebut jelutung merah, yang secara genetik terpisah dari seluruh populasi 1, sedangkan kedua individu lainnya yaitu no 6 dan no 9, yang keduanya merupakan jelutung hitam, yang memiliki warna batang hijau tua sampai kehitaman terpisah dari populasi no 1.

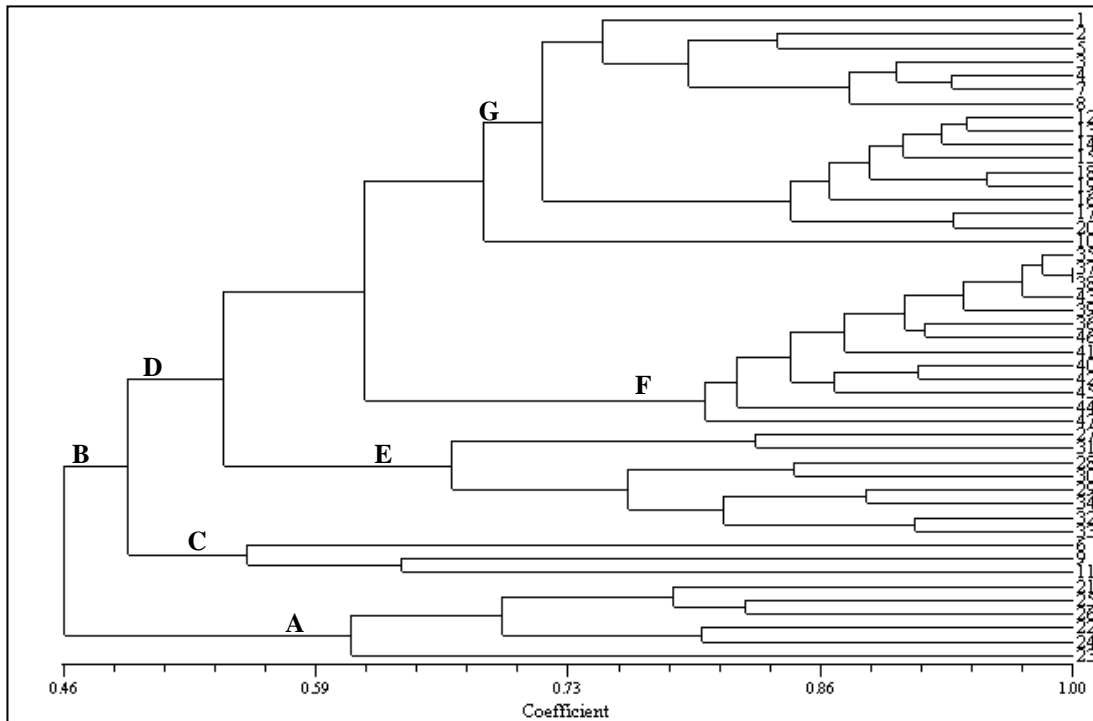
Keragaman genetik yang terjadi dalam populasi ini mengindikasikan bahwa ada perbedaan properti genetik dari setiap pohon induk jelutung, seperti pada penampilan fenotifiknya. Keragaman genetik antarindividu pada tiap populasi dapat dilihat pada Tabel 2. Populasi 1 (TN Berbak Jambi) memiliki nilai  $na$  ( $1,8333 \pm 0,3758$ ),  $ne$  ( $1,5969 \pm 0,3735$ ), dan  $He$  ( $0,3008 \pm 0,1867$ ) tertinggi dibandingkan dengan populasi lainnya. Populasi 2 (Koleksi Kehutanan asal Teluk Pulai, Palembang) menunjukkan nilai keragaman genetik yang paling rendah dengan nilai rata-rata  $na = 1,3500 \pm 0,4810$ ,  $ne = 1,1984 \pm 0,3352$ ,  $PLP = 35\%$  dan  $H_e = 0,1161 \pm 0,1814$ . Hal ini mengindikasikan bahwa daerah populasi 1 (TN Berbak, Jambi) merupakan salah satu pusat keragaman *D. costulata* di Jambi. Namun, analisis lebih mendalam diperlukan dengan menggunakan aksesori dari populasi lain dan primer yang lebih banyak untuk membuktikan hasil ini.

**Tabel 1.** Primer yang digunakan dan jumlah pita DNA hasil amplifikasi pada 47 sampel *Dyera costulata*.

Kode Primer	Urutan Basa 5'–3'	Jumlah Fragmen	Jumlah Fragmen Polimorfik
OPN-14	TCGTGCGGG	15	14 (93,33%)
OPN-19	GTCCGTA CT	16	16 (100%)
OPU-06	ACCTTTGCG	15	13 (86,67%)
OPU-07	CCTGCTCAT	14	13 (2,86%)
<b>Jumlah</b>		<b>60</b>	<b>56 (93,33%)</b>
<b>Rata-rata</b>		<b>15</b>	<b>14</b>



Gambar 1. Pola pita RAPD pada 47 sampel *Dyera costulata* dengan primer OPU-06.



Gambar 2. Dendrogram 47 sampel *Dyera costulata*

Keterangan: 1-11 = TN Berbak, Jambi, Kelompok Sungai Batang hari, Kab. Muaro Jambi, 12-20 = Koleksi Kehutanan asal Teluk Pulai, Palembang, 21-34= Hutan Produksi PT DHL, dan 35-47 = Koleksi Pusat Penelitian Karet, Medan. Dendrogram dibuat berdasarkan UPGMA (*unweighted pair group with arithmetic average*) program NTSYS-pc (*numerical taxonomy system*) versi 2.0 (Rohlf, 1993). Nilai kesamaan genetika diambil dari *Simple Matching Coefficient* (Dunn dan Everitt, 1982; Rohlf, 1993).

Hasil penelitian ini juga mengindikasikan adanya penerbukan silang yang tinggi dalam jenis ini yang memelihara keragaman genetik melalui reproduksi seksual. Adapun Populasi 2 (Koleksi Kehutanan asal Teluk Pulai, Palembang) merupakan populasi yang memiliki keragaman genetik yang paling rendah. Selain itu, juga mengindikasikan bahwa populasi berasal dari induk yang terbatas atau sama, sama atau tidak banyak.

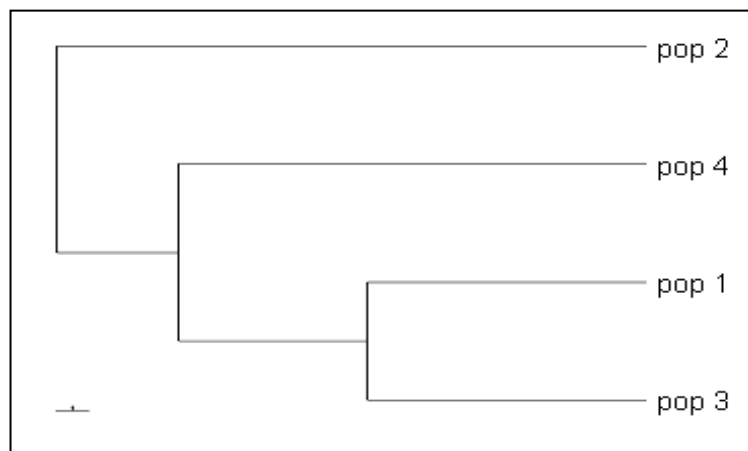
Selanjutnya untuk mengetahui sebaran fenotip RAPD antarpopulasi, dibuat cladogram pengelompokkan berdasarkan jarak genetik (Nei, 1978) (Gambar 3). Cladogram yang dibuat dengan metode UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic mean) menunjukkan hubungan kekerabatan genetik antara populasi yang dianalisis berdasarkan matrik *Nei's genetic distance* di antara populasi (Tabel 3). Secara umum, populasi *D. costulata* membentuk dua kelompok. Kelompok pertama, terdiri atas populasi 2, kelompok kedua terdiri atas populasi 1, 3 dan 4 yang mengelompok menjadi satu yang menunjukkan kesamaan properti genetik.

Nilai jarak genetik di antara populasi berkisar 0,1690–0,4187. Jarak genetik tertinggi (0,4187) terdapat antara populasi 2 (Koleksi

Kehutanan asal Teluk Pulai, Palembang) dan 3 (Hutan Produksi PT DHL), sedangkan jarak genetik terdekat (0,1690) terdapat antara antara populasi 1 (TN Berbak, Jambi ) dan 3 (Hutan Produksi PT DHL), yang menunjukkan bahwa populasi 2 (TN Berbak, Jambi) dan 3 (Hutan Produksi PT DHL), memiliki properti genetik yang mirip, kemungkinan kedua populasi berasal dari sumber yang sama.

Hasil penelitian ini menunjukkan bahwa nilai ketidaksamaan genetik antarindividu (0,06–0,71) pada jelutung lebih tinggi daripada nilai jarak genetik antarpopulasi (0,17–0,42). Hal yang sama juga terdapat pada tumbuhan tropis lain yang memperlihatkan keragaman genetik yang tinggi, dan kebanyakan terjadi dalam populasi (Islam *et al.*, 2005; Pither *et al.*, 2003; Telles *et al.*, 2003), khususnya dalam cendana (Shashidhara *et al.*, 2003; Rimbawanto *et al.*, 2006).

Upaya konservasi pembudidayaan dan pemuliaan *D. costulata* hendaknya didasarkan atas kondisi properti genetika setiap populasi dan individu dalam setiap populasi, khususnya populasi 1 yang memiliki keragaman genetik tertinggi di Jambi perlu mendapat perhatian dalam pelestariannya.



**Gambar 3.** Dendrogram enam populasi *Dyera costulata* Miq.

Keterangan: Populasi 1 = TN Berbak, Jambi, Kelompok Sungai Batang hari, Kab. Muaro Jambi, Populasi 2 = Koleksi Kehutanan asal Teluk Pulai, Palembang, Populasi 3= Hutan Produksi PT DHL, dan Populasi 4= Koleksi Pusat Penelitian Karet, Medan. Dendrogram dibuat berdasarkan Nei's (1972) Genetic distance: Method = UPGMA (Modifikasi dari NEIGHBOR procedure of PHYLIP Version 3.50) (dari Yeh *et al.*, 1999).

**Tabel 2.** Keragaman genetik antarindividu pada tiap populasi.

Populasi	Ukuran Sampel	Na	Ne	Jmlh Lokus Polimorfik	Persen Lokus Polimorfik	He	I
1	11	1,8333±0,3758	1,5969±0,3735	50	83,33 %	0,3008±0,1867	0,4457±0,2540
2	9	1,3500±0,4810	1,1984±0,3352	21	35,00 %	0,1161±0,1814	0,1754±0,2620
3	14	1,5833±0,4972	1,3535±0,3729	35	58,33 %	0,2076±0,2007	0,3103±0,2879
4	13	1,4333±0,4997	1,2344±0,3297	26	43,33 %	0,1418±0,1649	0,2158±0,2698
<b>Total</b>	<b>47</b>						

\* na = Observed number of alleles

\* ne = Effective number of alleles (Kimura dan Crow , 1964)

\* h = Nei's (1973) gene diversity

\* I = Shannon's Information index (Lewontin, 1972)

**Tabel 3.** Nilai *genetic distance* (Nei, 1978) pada empat populasi *Dyera costulata* (Miq) Hook.f.

Populasi	1	2	3	4
1	***			
2	0,2711	***		
3	0,1690	0,4187	***	
4	0,3066	0,3789	0,2583	***

## Kesimpulan dan Saran

### Kesimpulan

Keragaman genetik 47 koleksi *Dyera costulata* dapat dideteksi dengan menggunakan marka RAPD. Dari empat primer RAPD diperoleh 60 pita DNA, 93,33% di antaranya merupakan pita polimorfik. Dendrogram hasil analisis kluster menunjukkan terdapat dua kluster, yang besar mengelompok berdasarkan populasinya. Nilai ketidaksamaan genetik antar individu jelutung berkisar antara 0,06–0,71, dengan yang tertinggi (0,71) terdapat antara sampel 4 dan 23 dan paling rendah (0,06) antara sampel 37 dan 38. Nilai jarak genetik antar populasi pada jelutung jauh lebih rendah yaitu 0,17 s.d. 0,42. Penelitian ini menunjukkan bahwa nilai ketidaksamaan genetik antarindividu pada jelutung lebih tinggi daripada nilai ketidaksamaan genetik antarpopulasi.

### Saran

Dari hasil penelitian ini menunjukkan bahwa perlu dilakukan penelitian lanjutan untuk memperoleh gambaran yang lebih menyeluruh mengenai kondisi keragaman genetika jelutung di berbagai populasi yang ada di Jambi dan daerah konservasi lainnya dengan menggunakan lebih banyak primer RAPD dan/atau dengan menggunakan marka molekuler selain RAPD untuk mendeteksi keragaman genetika.

## Ucapan Terima Kasih

Penelitian ini terselenggara atas bantuan dana dari Program Kompetitif Sub Program Domestikasi Flora dan Fauna Tahun 2005 dan 2006. Terima kasih juga kepada Sdr. Agustina, Arief Hidayat dan Hamzah yang telah membantu penelitian ini.

## Daftar Pustaka

- Anonimous. 2006. Kalteng Pos Online. <http://www.kaltengpos.com>. 07/24/2006.
- Boer, R. dan Ella, A.B. 2000. *Plant Producing Exudates*. Plant Resources of South-East Asia (PROSEA) 18. Backhuys Publishers, Leiden.
- Delaporta, S.L., Wood, J. dan Hicks, J.B. 1983. A Plant DNA Minipreparation. Version II. *Plant Molecular Biology Reporter*, 4: 19–21.
- Dunn, G. dan Everitt, B.S. 1982. *An Introduction to Mathematical Taxonomy*. Cambridge University Press. Cambridge.
- Islam, M.A., Kloppstech, K. dan Esch, E. 2005. Population Genetic Diversity of *Curcuma zedoaria* (Christm.) Roscoe—a Conservation Prioritized Medicinal Plant in Bangladesh. *Conservation Genetics*, 6: 1027–1033.
- Hardiyanto, E.B. dan Na'iem, M. 2001. Present Status of Conservation, Utilization, and Management of Forest Genetic Resources in Indonesia. In: *Proceedings of the South East Asian Moving Workshop on Conservation, Management of Forest Genetic Resources*. FAO Corporate Document Repository.

- Jones, C.J., Edwards, K.J., Castagiolo, S., Winfield, M.O., Sala, F., Van del Wiel, C., Bredemeijer, G., Vosman, B., Matthes, M., Daly, A., Brettshneider, R., Bettini, P., Buiatti, M., Maestri, E., Malcevski, A., Marmioli, N., Aert, R., Volckaert, G., Rueda, J., Linacero, R., Vasquez, A. dan Karp, A. 1997. A Reproducibility Testing of RAPD, AFLP and SSR Markers in Plants by a Network of European Laboratories. *Molecular Breeding*, 3 (5): 382–390.
- Mori, E.S., Kageyama, P.Y., de A Veiga, R.F., Zimback, L. dan Mello Junior, J.R.S. 2004. Genetic Structure of *Trichilia pallida* Swartz (Meliaceae) Populations by RAPD Markers. *Scientia Forestalis*, 65: 114–119.
- Nei, M. 1972. Genetic Distance Between Populations. *American Naturalist*, 106: 283–292.
- Nei, M. 1973. Analysis of Gene Diversity in Subdivided Populations. *Proceedings of National Academy of Science USA*, 70: 3321–3323.
- Nei, M. 1978. Estimation of Average Heterozygosity and Genetic Distance from a Small Number of Individuals. *Genetics*, 89: 583–590.
- Norwati, M. 2002. Jelutung. In: Krishnapillay, B. (Eds.). *A Manual for Forest Plantation Establishment in Malaysia*. *Malayan Forest Record* No. 45: 165–171.
- Page, R.D.M. 1998. TreeView (Win 32). Available at: <http://www.taxonomy.zoology.gla.ac.uk/rod/rod.html>. 21/07/2008.
- Pither, R., Shore, J.S. dan Kellman, M. 2003. Genetic Diversity of the Tropical Tree *Terminalia amazonia* (Combretaceae) in Naturally Fragmented Populations. *Heredity*, 91 (3): 3017–313.
- Rath, P., Rajaseger, G., Goh, C.J. dan Kumar, P. 1998. Phylogenetic Analysis of Dipterocarps using Random Amplified Polymorphic DNA Markers. *Annals of Botany*, 82: 61–65.
- Rimbawanto, A., Widyatmoko, A.Y.P.B.C. dan Harkingto. 2006. Keragaman Populasi *Eusideroxylon zwageri* Kalimantan Timur Berdasarkan Penanda RAPD. *J. Penelitian Hutan Tanaman*, 3 (3): 201–208.
- Rohlf, F.J. 1993. NTSYS-pc Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis. Version 1.80. Applied Biostatistics Inc.
- Runo, M.S., Muluvi, G.M. dan Odee, D.W. 2004. Analysis of Genetic Structure in *Melia volkensii* (Gurke.) Populations using Random Amplified Polymorphic DNA. *African J. of Biotechnology*, 3 (8): 421–425.
- Shashidhara, G., Hema, M.V., Koshy, B. dan Farooqi, A.A. 2003. Assessment of Genetic Diversity and Identification of Core Collection in Sandalwood Germplasm using RAPDs. *J. of Horticultural Science & Biotechnology*, 78 (4): 528–536.
- Siregar, U.J., Sudarmonowati, E. dan Hartati, N.S. 1998. Development of RAPD Protocol for *Shorea laevis*. *Annales Bogorienses*, 5 (2): 85–92.
- Singh, D.R.P., Singh, R., Malik, K. dan Randhawa, G.J. 2005. Assessment of Genetic Diversity and Genetic Relationship among 29 Populations of *Azadirachta indica* A. Juss. Using RAPD marker. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 52 (3): 285–292.
- Soerianegara, I. dan Lemmes, R.H.M.J. 1993. *Timber Trees: Major Commercial Timbers*. Plant Resources of South-East Asia (PROSEA) 5 (1): 19.
- Telles, M.P.C., Coelho, A.S.G., Chaves, L.J., Diniz-Filho, J.A.F. dan D'Ayala Valva, F. 2003. Genetic Diversity and Population Structure of *Eugenia dysenterica* DC. (Myrtaceae) in Central Brazil: Spatial Analysis and Implications for Conservation and Management. *Conservation Genetics* 4: 685–695.
- Tingey, S.V., Rafalski, J.A. dan Hanafey, M.K. 1994. Genetic Analysis with RAPD Markers: In: Coruzzi, C. and Puidormenech, P. (Eds.). *Plant Molecular Biology*, 491–498.
- Widjaya, E.A. dan Poerba, Y.S. 2004. Pengumpulan Data Plasma Nutfah dan Genetika. In: Rugayah, E.A., Widjaya dan Praptiwi (Eds). *Pedoman Pengumpulan Data Keanekaragaman Flora*. Pusat Penelitian Biologi-LIPI.
- Williams, J.G., Kubelik, A.R., Livak, K.J., Rafalsky, J.A. dan Tingey, S.V. 1990. DNA Polymorphism Amplified by Arbitrary Primers are Useful as Genetic Markers. *Nucleic Acid Research* 18 (22): 6531–6535.
- Wiriadinata, H. 2001. Tumbuhan. In: Noerdjito, M. and Maryanto, I. (Eds). *Jenis-jenis Hayati yang Dilindungi Perundang-undangan Indonesia*. *Balitbang Zoologi* (Museum Zoologicum Bogoriense) Puslitbang Biologi-LIPI & The Nature Conservancy.
- Weeden, N.F., Timmerman, G.M., Hemmat, M., Kneen, B.E. dan Lodhi, M.A. 1992. Inheritance and Reliability of RAPD Markers. Application of RAPD Technology to Plant Breeding. Joint Plant Breeding Symposia Series CSSA/ASHS/AGA. Minneapolis, 1 November 1992.
- Yeh, F.C., Yang, R.C. dan Boyle, T. 1999. Popgene Version 1.31. Microsoft Windows-based freeware for Population Genetic Analysis. Available at: <http://www.ualberta.ca/~fyeh/download.htm>. 07/14/2008.