**KERAGAMAN GENETIK MERANTI (*SHOREA LEPROSULA* MIQ.)
ASAL KALIMANTAN DENGAN ANALISIS ISOZIM**
Genetic Diversity of Shorea leprosula Miq. from Kalimantan by Isozyme Analysis

Tri Maria Hasnah

Balai Besar Penelitian Bioteknologi dan Pemuliaan Tanaman Hutan, DIY
Jl. Palagan Tentara Pelajar Km.15 Purwobinangun, Pakem, Sleman, DIY
e-mail : triemaria@yahoo.com

Diterima 11 Maret 2013, direvisi 09 Mei 2014, disetujui 13 Mei 2014

ABSTRACT

Shorea leprosula is a high valued timber species belonging to Dipterocarpaceae. Disturbances of natural forest populations caused by illegal logging and conversion of forest land have been reducing its genetic diversity and narrowing its genetic bases. As a molecular genetic marker, isozyme is very useful to estimate genetic diversity. Knowledge about genetic diversity has an important role for tree improvement program and genetic conservation of the species in Indonesia. Juvenile leaves of *S. leprosula* of Kalimantan populations were collected from five ex situ conservation plantations namely Carita (Banten), Semaras-Pulau Laut (South Kalimantan), Gunung Kencana (West Java), Batu Ampar (East Kalimantan), and East Kotawaringin (Central Kalimantan). The following populations were examined: Gunung Bunga (West Kalimantan), Kenangan (East Kalimantan), Melak (East Kalimantan), Bengalun (East Kalimantan), Labanan (East Kalimantan), Meraang (East Kalimantan), Sambarata (East Kalimantan) and Bukit Baka (Central Kalimantan). Each of the populations selected randomly was represented by 100 individuals. Polyacrylamide vertical slab gel electrophoresis was carried out using four enzyme system, namely 6PG, GOT, EST and SHD. The four enzyme system were encoded by five loci (6Pg, Got, Est-1, Est-2, and Shd) and 22 alleles. The level of genetic diversity of *S. leprosula* was high ($H_T=0,329$) with 61,2% of the total genetic diversity partitioned among populations. The positive value of fixation indices ($F_{is} = 0,312$) indicates an excess of homozygous individuals in almost all loci in all populations.

Keywords: isozyme, *Shorea leprosula*, genetic diversity

ABSTRAK

Shorea leprosula Miq. merupakan salah satu jenis kayu dari famili Dipterocarpaceae yang mempunyai nilai ekonomi yang tinggi. Kerusakan hutan alam karena *illegal logging* dan konversi lahan diduga telah mengurangi keragaman genetik dan mempersempit basis genetik jenis tersebut. Sebagai penanda genetik molekuler, isozim dapat digunakan untuk menduga tingkat keragaman genetik. Pengetahuan mengenai keragaman genetik akan memberikan peranan yang penting dalam program pemuliaan dan konservasi genetik jenis *S. leprosula* di Indonesia. Bahan yang digunakan dalam penelitian ini adalah daun *S. leprosula* yang masih juvenile dari populasi Kalimantan pada lima pertanaman konservasi *ex situ* yang terletak di Carita (Banten), Semaras - Pulau Laut (Kalimantan Selatan), Gunung Kencana (Jawa Barat), Batu Ampar (Kalimantan Timur), dan Kotawaringin Timur (Kalimantan Tengah). Populasi yang digunakan dalam penelitian ini adalah Gunung Bunga (Kalimantan Barat), Kenangan (Kalimantan Timur), Melak (Kalimantan Timur), Bengalun (Kalimantan Timur), Labanan (Kalimantan Timur), Meraang (Kalimantan Timur), Sambarata (Kalimantan Timur), dan Bukit Baka (Kalimantan Tengah). Empat sistem enzim tersebut dikendalikan oleh lima lokus (6Pg, Got, Est-1, Est-2, dan Shd) dengan 22 alel. Keragaman genetik *S. leprosula* di Kalimantan tergolong tinggi ($H_T=0,329$) dengan 61,2% keragaman genetik berasal dari keragaman antar populasi. Peningkatan proporsi individu homozigot dijumpai pada hampir semua lokus pada semua populasi *S. leprosula* di Kalimantan ditandai dengan indeks fiksasi yang bernilai positif ($F_{is} = 0,312$).

Kata kunci : isozim, *Shorea leprosula*, keragaman genetik populasi

I. PENDAHULUAN

Shorea leprosula Miq. merupakan salah satu jenis yang termasuk dalam keluarga Dipterocarpaceae dalam kelompok Meranti Merah. Jenis ini memiliki prospek masa depan yang cukup baik untuk dikembangkan karena memiliki nilai perdagangan yang tinggi, baik di pasaran regional maupun internasional. *S. leprosula* memiliki kayu yang ringan dengan kerapatan 0,3-0,55 gr/cm³ (Joker, 2002), termasuk kelas awet III – V dan kelas kuat II – IV, relatif mudah dikerjakan, tidak mudah pecah atau mengkerut dan dapat dipergunakan untuk berbagai macam keperluan. Kayu *S. leprosula* sangat baik untuk pembuatan perabot rumah tangga, vinir, kayu lapis, kertas, papan partikel, bangunan, lantai, papan dinding dan perahu. *S. leprosula* menghasilkan resin yang dikenal dengan nama damar daging yang dapat dipergunakan sebagai obat. Kulitnya dipakai untuk dinding rumah atau untuk produksi tanin (Anonim, 1992).

Umumnya *S. leprosula* tumbuh pada tipe iklim A dan B. Biasanya dijumpai di hutan Dipterocarpaceae dataran rendah di bawah 700 m dpl. Spesies ini menyebar mulai dari Semenanjung Thailand sampai ke Semenanjung Malaysia, Sumatera dan Kalimantan (Wood & Meijer, 1964). Tumbuh baik di tempat terbuka dan mempunyai kecepatan tumbuh yang tinggi. Kebanyakan tumbuh di atas tanah kering tipe tanah latosol, podzolik kuning pada berbagai tingkat kesuburan fisik dan kimia (Anonim, 1980).

Menurut Na'iem (2001a), aktivitas manusia seperti mengubah status kawasan hutan menjadi peruntukan lain dan penebangan yang tidak terkendali ditambah musibah kebakaran telah menyebabkan populasi *S. leprosula* semakin berkurang. Kerusakan hutan tersebut diduga telah mengurangi keragaman genetik dan mempersempit basis genetik, sementara keragaman genetik yang tinggi akan sangat berguna untuk program *breeding* dan pemuliaan genetik, untuk itulah konservasi genetik diperlukan. Untuk mengetahui tingkat keragaman genetik yang dimiliki oleh populasi

S. leprosula diperlukan adanya suatu penanda genetik yang dapat berupa penanda morfologi maupun molekuler baik DNA maupun biokimia.

Penanda morfologi didasarkan pada fenotipe sehingga memiliki beberapa kekurangan antara lain; fenotipe suatu jenis banyak dipengaruhi oleh kondisi lingkungan yang sangat kompleks dan biasanya dikendalikan oleh gen majemuk. Selain itu gen resesif heterozigot tidak terekspresikan sehingga untuk mencari hubungan antara genotipe dan fenotipe akan sulit. Penentuan pola pewarisan biasanya dilakukan melalui uji keturunan yang memerlukan waktu cukup lama.

Perkembangan teknologi yang semakin pesat memberikan peranan yang penting dalam menunjang studi keragaman genetik, misalnya dengan penggunaan penanda biokimia melalui analisis isozim. Penggunaan analisis isozim telah dilakukan secara luas, khususnya untuk studi keragaman genetik populasi yang akan bermanfaat untuk program pemuliaan dan konservasi genetik. Isozim tidak terpengaruh oleh lingkungan dan tidak terpengaruh oleh resesifitas suatu sifat seperti yang terjadi pada fenotipe tanaman. Dengan analisis isozim, dapat dilakukan pengujian banyak sampel dalam waktu yang relatif singkat. Karena itu adanya penanda genetik sebagai sarana untuk mempelajari variasi genetik sebagai dasar untuk melakukan program pemuliaan dan konservasi genetik betul-betul sangat diperlukan.

Suksesnya suatu program pemuliaan pohon untuk suatu jenis penting sekali apabila dimulai dari suatu basis genetik yang luas dan menggunakan strategi *breeding* dengan tetap memperhatikan upaya konservasi genetik terhadap sifat-sifat potensial yang tersedia. Dengan perkataan lain kemajuan program pemuliaan pohon akan sangat ditentukan oleh materi genetik yang tersedia, semakin luas basis genetik yang dilibatkan dalam program pemuliaan suatu spesies, akan semakin besar peluang untuk mendapatkan peningkatan perolehan genetik (*genetic gain*) dari sifat yang diinginkan (Na'iem, 2001b).

II. METODOLOGI PENELITIAN

Penelitian dilakukan di Laboratorium Isozim Fakultas Kehutanan Universitas Gadjah Mada Yogyakarta.

Materi yang digunakan dalam penelitian ini adalah juvenile daun *S.leprosula* yang berumur 2 tahun dari populasi Kalimantan pada pertanaman konservasi *ex situ* (Gambar 1 dan Tabel 1).

Jumlah sampel yang digunakan dalam penelitian ini adalah seratus sampel untuk tiap-tiap populasi. Menurut El-Kassaby & Sziklai (1983) dalam El-Kassaby (1991) jumlah individu yang dibutuhkan untuk sampel dari suatu populasi berkisar dari 40 hingga 60 individu untuk pendugaan frekuensi alel yang akurat. Penelitian ini menggunakan 4 macam sistem enzim (Tabel 2).

Sumber: diolah dari data primer

Gambar 1. Lokasi pertanaman konservasi *ex situ* dan populasi asal *S. leprosula*.

Figure 1. Location of *ex situ* conservation plantations and origin populations of *S. leprosula*.

Tabel 1. Pertanaman konservasi *ex situ* dan populasi asal *S. Leprosula*.

Table 1. *Ex situ* conservation plantation and origin populations of *S. leprosula*.

Populasi	Populasi Asal	Pertanaman Konservasi <i>Ex situ</i>	Lintang Selatan	Bujur Timur	Ketinggian (m dpl)
1.	Gunung Bunga, Kalbar	Carita, Banten	00°48'50"	111 ° 00'15"	50 – 200
2.	Kenangan, Kaltim	Pulau Laut, Kalsel	01°01'36"	116 ° 12'30"	0 – 200
3.	Gunung Bunga, Kaltim	Gunung Kencana, Jawa Barat	00 ° 48'50"	111 °00'15"	50 – 200
4.	Melak, Kaltim	Batu Ampar, Kaltim	01 ° 35'35"	115 ° 50'10"	50 – 100
5.	Bengalon, Kaltim	Batu Ampar, Kaltim	01 ° 05'40"	115 ° 50'30"	50 – 100
6.	Labanan, Kaltim	Batu Ampar, Kaltim	01 ° 30'20"	117 ° 20'40"	50 – 100
7.	Meraang, Kaltim	Batu Ampar, Kaltim	00 ° 50'30"	115 ° 50'20"	100 – 200
8.	Sambarata, Kaltim	Batu Ampar, Kaltim	02 ° 40'25"	117 ° 15'40"	50 – 100
9.	Gunung Bunga, Kalbar	Kotawaringin Timur (Kalteng)	00 ° 48'50"	111 ° 00'15"	50 -200
10.	Bukit Baka, Kalteng	Kotawaringin Timur (Kalteng)	00 ° 37'54"	112 ° 44'12"	150 - 2278

Tabel 2. Daftar sistem enzim untuk analisis isozim jaringan daun *S. leprosula*.*Tabel 2. List of enzyme system for isozyme analysis for leaves tissue of S. leprosula.*

No.	Sistem Enzim	Singkatan	No. E.C.
1.	<i>6-Phosphogluconate dehydrogenase</i>	6PG	1.1.1.44.
2.	<i>Shikimate dehydrogenase</i>	SHD	1.1.1.25.
3.	<i>Esterase</i>	EST	3.1.1.
4.	<i>Glutamate oxaloacetate transaminase</i>	GOT	2.6.1.1.

Sumber (Seido, 1993)

Sebelum empat sistem enzim tersebut digunakan untuk analisis, sebelumnya telah dilakukan penelitian dengan menggunakan 24 macam sistem enzim namun hanya keempat sistem enzim tersebut (Tabel 2) yang dapat menghasilkan pola berkas yang jelas, sedangkan 20 sistem enzim lainnya yaitu POD, ME, GDH, DIA, G6P, ADH, MDH, LAP, PGI, G2D, PGM, SOD, ACD, GK, IDH, GR, MR, ACO, FM, dan TZO pola berkas tidak terlihat jelas.

Penelitian yang dilakukan oleh Lee *et al.* (2000b) pada 14 famili *half-sib S. leprosula* di Semenanjung Malaysia dengan menggunakan 24 sistem enzim menunjukkan hanya 6 sistem enzim (GPI, IDH, MDH, PGM, SDH, dan UGP) yang dapat dianalisis. Pola berkas pada sistem enzim GDH tidak stabil secara ontogenik, yaitu tidak terekspresikan pada kecambah, hanya dijumpai pada tingkat semai, tiang, dan dewasa. Pola berkas pada sistem enzim AAT hanya terlihat pada jaringan daun. Sistem enzim EST, ME dan TPI menghasilkan pola berkas yang kompleks sehingga sulit untuk diinterpretasi. Sebagian besar enzim yang digunakan (ACO, AK, ADH, ALD, DIA, MR, PEP, PER dan SOD) menunjukkan aktivitas yang lemah dan bahkan tidak memperlihatkan aktivitas sama sekali (FUM, G6PD, GLY, GLD, HK, LAP, MPI, 6PGD, dan SUDH).

Menurut Loomis dalam Lee *et al.* (2000b) tidak munculnya pola berkas dapat disebabkan karena aktivitas enzim dihambat oleh adanya *phenol*, *tanin*, *phenoloxidase*, dan komponen selular lain seperti *terpene*, *pektin*, *resin*, *coumarins*, dan *carotenoid* serta penurunan aktivitas enzim yang tidak dapat dihindarkan lagi selama proses penyimpanan atau

pendinginan, seperti misalnya pada jagung, proses pendinginan menyebabkan penurunan kualitas ekstrak yang dihasilkan dari lokus HK dan ACO. Disamping itu, tidak satupun ekstrak buffer yang secara efektif dapat mempertahankan aktivitas enzim pada jaringan tanaman. Beberapa bahan yang ditambahkan pada ekstrak buffer dapat menghambat aktivitas beberapa enzim, seperti diethyldiocarbonate (DIECA) yang menghambat *copper-zinc coenzyme* dari *superoxide dismutase*, dan *bisulfite* yang menghambat *dehydrogenase*.

Analisis isozim ini dilakukan dengan menggunakan elektroforesis vertikal gel poliakrilamid (*polyacrylamide vertical slab gel*). Menurut Na'iem (1992), gel poliakrilamid mempunyai beberapa kelebihan, yaitu hasilnya lebih seragam dan transparan, kompatibilitas lebih besar, waktu pengujian lebih cepat, gel yang digunakan sangat tipis dan tidak rapuh seperti gel pati. Selain beberapa keuntungan tersebut gel poliakrilamid juga mempunyai beberapa kelemahan, yaitu biaya lebih mahal, bersifat neurotoxin, dan satu gel hanya dapat digunakan untuk satu macam sistem enzim.

III. HASIL DAN PEMBAHASAN

A. Keragaman Genetik Populasi *S. leprosula*

Parameter yang biasa digunakan untuk menduga keragaman genetik populasi dengan analisis isozim ini antara lain rata-rata-rata jumlah alel tiap lokus (*Ap*), persentase lokus polimorfik (*Pp*), heterozigositas pengamatan (*Ho*) dan heterozigositas harapan (*He*) dengan hasil tertera pada Tabel 3.

Tabel 3. Nilai keragaman genetik *S. leprosula* populasi Kalimantan.

Table 3. Genetic diversity value of *S. leprosula* from Kalimantan populations.

Populasi	Persentase lokus polimorfik (Pp)	Jumlah alel per lokus (Ap)	Heterozigositas pengamatan (Ho)	Heterozigositas harapan (He)	Indeks Fiksasi (F _{ix})
1.	60	3,00	0,306	0,214	0,316
2.	80	2,80	0,305	0,251	0,192
3.	100	3,20	0,305	0,262	0,255
4.	80	3,40	0,350	0,297	0,253
5.	100	3,00	0,355	0,250	0,395
6.	100	2,80	0,332	0,191	0,387
7.	60	2,40	0,303	0,233	0,288
8.	100	2,60	0,384	0,341	0,228
9.	80	3,40	0,267	0,167	0,392
10.	100	3,60	0,382	0,264	0,312
Rata-rata	86	3,02	0,329	0,247	0,316

Jenis dengan persebaran luas dalam penelitian Hamrick *et al* (1991 b) mempunyai nilai *Pp* yang tinggi. *S. leprosula* merupakan salah satu jenis dengan persebaran luas, pada penelitian ini nilai *Pp* yang diperoleh (86%) jauh lebih tinggi dibandingkan dengan hasil penelitian yang dilakukan oleh Hamrick *et al* (1991 b) dengan nilai *Pp* 43% untuk jenis dengan persebaran yang luas. Menurut Ayala & Kiger (1984), polimorfisme merupakan salah satu ukuran yang dapat digunakan untuk menghitung keragaman, tetapi memiliki kelemahan, yaitu berubah-ubah, tergantung pada jumlah individu dan kriteria lokus polimorfik yang digunakan. Selain itu kurang akurat untuk mengukur keragaman karena lokus yang kurang polimorfik dapat dihitung sama dengan lokus yang sangat polimorfik.

Rata-rata nilai *Ap* dalam penelitian ini adalah 3,02, bervariasi antara 2,40 pada populasi asal Labanan (Kaltim) di Batu Ampar (Kaltim) dan 3,60 pada populasi asal Bukit Baka di kotawaringin Timur (Kalteng). Nilai tersebut lebih tinggi dibandingkan dengan penelitian yang dilakukan oleh Hamrick *et al* (1991b) dengan nilai *Ap* sebesar 2,67 untuk jenis dengan persebaran yang luas. Pada beberapa lokus dijumpai adanya *null allele*, yaitu alel yang tidak tampak pada suatu lokus karena aktivitas enzim yang lemah untuk mengkode polipeptida. Keberadaan *null allele*

dalam populasi alam dapat disebabkan karena sindrom resesif atau penyakit menurun yang disebabkan karena kekurangan suatu enzim (Weeden & Wendel, 1989) atau mutasi yang menyebabkan hilangnya fungsi suatu enzim (Glaubitz & Moran, 2000). Menurut Nei (1987) parameter jumlah alel per lokus yang diamati sangat bergantung pada ukuran sampel, sehingga untuk membandingkan parameter ini pada sampel yang berbeda menjadi kurang akurat apabila ukuran sampel yang diambil tidak sama. Ketergantungan pada ukuran sampel disebabkan karena pada populasi alam banyak sekali dijumpai alel dengan frekuensi yang rendah, jumlah alel yang diamati dapat bertambah dengan bertambahnya ukuran sampel.

Rata-rata nilai *Ho* yang diamati tergolong tinggi (0,247) bervariasi antara 0,167 pada populasi asal Gunung Bunga (Kalbar) di Kotawaringin Timur (Kalteng) dan 0,341 pada populasi asal Bengalun (Kaltim) di Batu Ampar (Kaltim), tidak jauh berbeda dengan hasil analisis yang dilakukan oleh Na'iem (2001a) pada tiga populasi *S.leprosula* di Dwimarta (Riau), Gunung Bunga (Kalbar), dan Kenangan (Kalsel) dengan nilai *Ho* 0,234. Menurut Ayala & Kiger (1984), rata-rata frekuensi individu heterozigot (*Ho*) lebih baik dalam menggambarkan keragaman genetik karena tidak berubah-ubah dan akurat, tidak seperti

polimorfisme. Namun demikian *Ho* tidak dapat mencerminkan dengan baik tingkat keragaman genetik pada suatu populasi dengan individu-individu yang biasanya melakukan perkawinan antar kerabat. Pada suatu populasi yang selalu bereproduksi dengan pembuahan sendiri (*self fertilization*), sebagian besar individu-individu penyusunnya akan homozigot meskipun individu-individu yang berbeda mempunyai alel yang berbeda. Kesulitan tersebut diatasi dengan perhitungan heterozigositas harapan (*He*) yang dihitung dari frekuensi alel dengan menganggap individu-individu penyusunnya melakukan perkawinan secara random. *He* ekuivalen dengan proporsi individu heterozigot dalam hukum Hardy Weinberg Equilibrium. Rata-rata nilai *He* *S. leprosula* tergolong sangat tinggi (0,329) bervariasi antara 0,267 pada populasi Gunung Bunga (Kalbar) di Kotawaringin Timmur (Kalteng) dan 0,382 pada populasi Bukit Baka (Kalteng) di Kotawaringin Timur (Kalteng). Nilai tersebut lebih tinggi dibandingkan dengan penelitian yang dilakukan oleh Hamrick & Loveles dalam Hamrick (1989) dengan nilai *He* sebesar 0,211 untuk spesies yang biasa dijumpai pada hutan tropis.

Namun demikian, rata-rata nilai *He* pada penelitian ini masih lebih rendah dibandingkan dengan penelitian yang dilakukan oleh Na'iem (2001a) pada tiga populasi *S. leprosula* di Dwimarta (Riau), Gunung Bunga (Kalbar), dan Kenangan (Kalsel) dengan menggunakan sistem enzim dan jumlah lokus yang sama, yaitu sebesar 0,369, demikian pula pada penelitian yang dilakukan oleh Lee *et al.* (2000b) dalam Naiem (2001a) pada sembilan populasi *S. leprosula* dengan menggunakan delapan lokus polimorfik diperoleh nilai *He* sebesar 0,406.

Menurut Loveless (1992) tingginya keragaman genetik dapat disebabkan oleh beberapa faktor, antara lain persebaran geografis yang luas, kemampuan regenerasi yang tinggi, penyerbukan silang (*outcrossing*), siklus hidup yang panjang dan kejadian-kejadian selama tahapan suksesi. Namun karena keragaman genetik *S. leprosula* yang diperoleh relatif lebih tinggi dibandingkan dengan spesies

tropis lain dengan ciri-ciri sejarah hidup yang sama, sejarah evolusi spesies, yaitu bahwa nenek moyang *S. leprosula* mempunyai keragaman genetik yang sangat tinggi selama proses evolusi tersebut juga dianggap sebagai penyebab lain tingginya nilai keragaman genetik pada spesies tersebut. Hamrick *et al.* dalam Hamrick (1989) juga menyebutkan bahwa tingginya jumlah kromosom dan jenis yang biasa dijumpai pada akhir tahapan suksesi mempunyai tingkat keragaman genetik yang tinggi. Penyerbukan silang dan penyebaran serbuk sari oleh serangga serta luasnya distribusi spesies *S. leprosula* dianggap sebagai penyebab lain tingginya keragaman genetik spesies tersebut (Rimbawanto & Isoda, 2001).

Rata-rata nilai *Ho* tidak sama dengan *He*. Nilai *Ho* selalu lebih kecil dibandingkan dengan *He* pada semua populasi yang diamati. Hal ini menandakan adanya penyimpangan proporsi frekuensi genotipe dari hukum Hardy Weinberg Equilibrium pada populasi *S. leprosula* (Yeh, 2000). Hukum Hardy Weinberg Equilibrium menyatakan bahwa dalam populasi yang besar dimana tidak terjadi seleksi, migrasi, mutasi, dan perkawinan antar individu penyusunnya berlangsung secara random, maka frekuensi alel akan tetap sama dari generasi ke generasi (Yeh, 2000). Penyimpangan proporsi frekuensi alel dan genotipe dari hukum Hardy Weinberg Equilibrium dapat terjadi karena mutasi, rekombinasi, seleksi, isolasi, migrasi, dan penghanyutan genetik (*genetic drift*).

Nilai *He* lebih besar daripada *Ho* sehingga *F_{ix}* (indeks fiksasi) bernilai positif, yang menandakan terjadinya peningkatan proporsi individu homozigot dan sebaliknya bila *F_{ix}* bernilai negatif menunjukkan terjadinya peningkatan proporsi individu heterozigot. Peningkatan proporsi individu homozigot pada populasi *S. leprosula* yang diamati dapat disebabkan oleh *inbreeding*. Pada populasi alam *S. leprosula* banyak dijumpai tumbuh berkelompok, *inbreeding* dapat terjadi karena adanya perkawinan kerabat dalam kelompok tersebut. Individu yang berkerabat akan memiliki banyak kesamaan secara genetik, sebagai akibatnya lokus-lokus genotipe yang

homozigot akan meningkat dan sebaliknya persen heterozigot akan mengalami penurunan meskipun frekuensi alel tidak berubah. Salah satu jenis *inbreeding* yang paling ekstrem adalah perkawinan sendiri (*selfing*) yang merupakan salah satu bentuk reproduksi yang biasa dijumpai pada beberapa jenis tanaman. Menurut William & Savolainen dalam Boshier (2000), *inbreeding* terutama *selfing* dapat menyebabkan *inbreeding depression* yaitu menurunnya fertilitas, rendahnya kemampuan survival dan lambatnya pertumbuhan pada keturunan. Hal ini disebabkan karena gen

resesif yang bersifat merugikan (*deleterious recessive genes*) yang menjadi homozigot karena *inbreeding*.

B. Keragaman Genetik Intra dan Inter Populasi *S. leprosula*

Parameter yang digunakan untuk mengetahui proporsi keragaman genetik di dalam dan antar populasi *S. leprosula* yang diamati adalah nilai koefisien diferensiasi gen (G_{ST}).

Tabel 4. Keragaman genetik intra dan inter populasi *S. leprosula* asal Kalimantan.

Table 4. Genetic diversity within and among population of *S. leprosula* from Kalimantan.

No	H_T	H_S	D_{ST}	G_{ST}
1.	0,306	0,105	0,201	0,627
2.	0,305	0,130	0,176	0,593
3.	0,305	0,111	0,194	0,639
4.	0,350	0,138	0,211	0,600
5.	0,350	0,127	0,228	0,627
6.	0,332	0,126	0,206	0,617
7.	0,303	0,117	0,186	0,460
8.	0,384	0,156	0,228	0,583
9.	0,267	0,077	0,190	0,667
10.	0,382	0,101	0,280	0,710
Rata-rata	0,329	0,119	0,210	0,612

Keterangan (*Remarks*):

H_T : Total keragaman gen;

H_S : Keragaman gen dalam populasi;

D_{ST} : Keragaman gen antar populasi;

G_{ST} : Koefisien diferensiasi keragaman gen.

Rata-rata nilai G_{ST} pada populasi *S. leprosula* yang diteliti tergolong sangat tinggi, yaitu sebesar 0,612, yang menandakan bahwa 61,2% dari total keragaman gen disebabkan karena keragaman antar populasi dan hanya 38,8% rata-rata keragaman genetik berasal dari keragaman intra populasi. Menurut Hamrick (1989), distribusi variasi alozim antar populasi merupakan hasil interaksi antara beberapa faktor evolusi, terutama seleksi, ukuran efektif populasi (*effective population size*) dan kemampuan spesies untuk menyebarkan polen dan biji. Tumbuhan dapat menyebarkan gen melalui penyebaran polen dan biji. Populasi yang berukuran kecil dan *inbreeding* terutama

selfing, dapat mengurangi keragaman genetik intra populasi melalui *genetic drift* yang akhirnya menyebabkan keragaman genetik antar populasi yang berkembang menjadi berbeda. Sebaliknya, *gene flow* antar populasi menyebabkan tingkat keragaman antar populasi rendah.

Menurut Hamrick & Godt (1989) dalam Hamrick *et al.* (1991b) spesies yang melakukan penyerbukan sendiri (*selfing*) mempunyai nilai keragaman genetik antar populasi yang tinggi dan spesies yang melakukan penyerbukan silang (*outcrossing*) dengan perantara angin mempunyai nilai keragaman genetik antar populasi yang rendah. Spesies yang melakukan

penyerbukan sendiri mempunyai nilai G_{ST} lebih dari lima kali lipat daripada nilai G_{ST} pada spesies yang melakukan penyerbukan silang. Tingginya nilai G_{ST} yang melebihi 50% dapat disebabkan karena penyerbukan sendiri (*selfing*) seperti penelitian yang dilakukan oleh Loveless dan Hamrick (1984) dalam Hamrick (1989) dimana jenis-jenis yang mengadakan penyerbukan sendiri mempunyai nilai G_{ST} di atas 50% sedangkan penyerbukan silang (*outcrossing*) dengan perantara angin, seperti konifer, nilai G_{ST} kurang dari 10%.

Menurut penelitian yang dilakukan oleh Loveless & Hamrick (1984) dalam Hamrick (1989), spesies yang melakukan penyerbukan dengan perantara serangga mempunyai nilai G_{ST} yang juga rendah sebesar 0,167. Seperti diketahui bahwa penyerbukan *S. leprosula* dibantu oleh serangga, namun ternyata dalam penelitian ini dihasilkan nilai G_{ST} yang sangat tinggi (0,612). Hal ini disebabkan karena serangga cenderung untuk mendatangi bunga yang letaknya berdekatan pada pohon yang sama atau pohon yang berdekatan, sehingga frekuensi penyerbukan sendiri (*self pollination*) menjadi tinggi. Hal ini dapat pula disebabkan karena jarak antar populasi yang terpisah cukup jauh menjadi penghalang bagi serangga untuk menyebarkan polen. Powell & Powell dalam Young & Boyle (2000) menemukan bahwa pembersihan lahan sekurang-kurangnya 100m dapat menjadi penghalang yang efektif bagi polinator (*Euglossa* sp.) antar hutan tropis di Amazon. Terpisahannya jarak yang cukup jauh antar populasi menghalangi terjadinya *gene flow* antar populasi sehingga keragaman genetik antar populasi menjadi tinggi.

Hamrick dalam Hamrick *et al.* (1991 b) menduga bahwa spesies yang melakukan penyerbukan sendiri sekitar 56% dari alel-alelnya diperoleh dalam satu populasi sedangkan spesies yang melakukan penyerbukan silang dengan perantara angin sekitar 74% alel-alelnya berasal dari masing-masing populasi. Spesies dengan nilai G_{ST} yang tinggi akan mempertahankan rendahnya proporsi alel dalam populasi sedangkan spesies dengan nilai G_{ST} yang rendah sebagian besar

alel-alelnya akan berbagi antar populasi. Hasil ini menandakan bahwa spesies dengan potensi *gene flow* yang terbatas mempunyai tingkat keragaman genetik antar populasi yang lebih tinggi dibandingkan dengan spesies yang mempunyai potensi *gene flow* yang tinggi. Potensi *gene flow* berhubungan dengan penyerbukan dan mekanisme penyebaran biji. Menurut Chan dalam Lee *et al.* (2000b), biji *S. leprosula* menyebar dalam radius 30 m dari pohon induknya. Tingginya nilai G_{ST} dapat pula disebabkan karena banyak biji yang berjatuh tidak jauh dari pohon induknya sedangkan penyebaran biji oleh angin, air, dan atau binatang lain hanya sebagian kecil saja. Hal ini dapat terjadi pada *S. leprosula* yang tumbuh mengelompok dan cukup rapat di habitat asalnya. Penelitian yang dilakukan Loveless & Hamrick (1984) dalam Hamrick (1989) menyebutkan bahwa spesies dengan persebaran biji karena faktor gravitasi mempunyai nilai G_{ST} yang sangat tinggi (0,446).

Diferensiasi keragaman genetik antar populasi berhubungan erat dengan perbedaan kisaran geografik spesies. Namun demikian, menurut Lee *et al.* (2000a), faktor ekologi (garis lintang, garis bujur, dan curah hujan) tidak berpengaruh secara signifikan terhadap nilai heterozigositas. Hal ini mengindikasikan bahwa keragaman genetik antar populasi tidak dipengaruhi oleh faktor-faktor tersebut. Dalam penelitian Hamrick *et al.* (1991 a) spesies endemik mempunyai rata-rata keragaman genetik antar populasi lebih besar empat kali lipat dibandingkan spesies dengan persebaran yang luas. Meskipun *S. leprosula* merupakan jenis dengan persebaran geografis yang luas tetapi ternyata dalam penelitian ini tingkat diferensiasi keragaman genetik antar populasi jenis ini tergolong sangat tinggi. Gen dapat bermigrasi dari satu populasi ke populasi lain melalui polen atau biji. Namun demikian, jarak persebaran polen yang pendek, tingkat migrasi per generasi yang rendah dan adanya jarak antar populasi dapat menjadi faktor penghambat (Wright, 1976). Pada populasi yang terpisah, transfer genetik antar populasi menjadi terbatas. Sebagai akibatnya, kondisi semacam ini akan

menciptakan kesempatan adanya variasi genetik antar populasi yang cukup besar. Populasi alami *S. leprosula* yang terpisah secara geografis menyebabkan kecenderungan pengelompokan gen yang berbeda karena adanya proses genetik seperti mutasi, rekombinasi, isolasi, seleksi dan *genetic drift*. Kombinasi semua faktor genetik tersebut akan mengakibatkan model keragaman genetik yang dihasilkan menjadi berbeda antar populasi (Yeh & O'Malley) dalam Naiem (2001a).

Menurut Yeh (2000), nilai G_{ST} yang sangat tinggi dapat disebabkan karena kerusakan habitat yang sangat parah. Telah diketahui bahwa populasi alami *S. leprosula* telah banyak mengalami gangguan seperti *illegal logging* dan konversi lahan, sehingga menyebabkan hutan menjadi terfragmentasi. Populasi yang berukuran besar dapat berkurang karena gangguan tersebut. Fragmentasi hutan dapat menyebabkan penurunan jumlah individu, penurunan ukuran populasi dan isolasi spasial yang mempengaruhi proses genetik seperti perkawinan, *gene flow* dan seleksi (Young & Boyle, 2000). Pada populasi kecil homozigositas meningkat karena *inbreeding* yang akan membawa akibat yang merugikan (*inbreeding depression*). Tingkat *inbreeding* secara genetik tergantung pada ukuran populasi. Pada populasi yang terbatas frekuensi alel berfluktuasi dan tidak dapat diprediksi karena *random genetic drift*. Diferensiasi keragaman genetik pada populasi yang berukuran besar akan lebih besar daripada populasi yang berukuran kecil, hal ini disebabkan karena populasi yang berukuran kecil mempunyai varian yang lebih lebar pada fluktuasi perubahan frekuensi alel daripada populasi yang berukuran besar.

C. Implikasi untuk Konservasi dan Pemuliaan

S. leprosula dikenal sebagai jenis pohon tropis dengan persebaran alami yang sangat luas dan karena jenis ini sangat toleran pada berbagai kondisi tapak dan lingkungan menyebabkan keragaman genetik spesies ini

cukup tinggi, ditandai dengan tingginya nilai H_T sebesar 0,329 dengan 61,2% dari total keragaman genetik disebabkan karena keragaman antar populasi. Hal ini mengindikasikan bahwa keberadaan *S. leprosula* semakin berkurang disebabkan karena banyaknya gangguan populasi alam yang disebabkan oleh *illegal logging* dan konversi lahan. Menurut Ratnam & Boyle (2000), setelah penebangan, penurunann keragaman genetik jenis kayu komersial yang keberadaannya tidak melimpah seperti *S. leprosula* lebih tinggi, yaitu sebesar 9,4% heterozigositas dan 25% alel hilang, dibandingkan jenis lain yang keberadaannya melimpah. Hal tersebut akan menambah tingkat *inbreeding* pada populasi *S. leprosula*.

Tingginya tingkat *inbreeding* pada populasi *S. leprosula* diketahui dari rata-rata nilai F_{is} yang bernilai positif yang menandakan peningkatan proporsi individu homozigot pada semua populasi. Apabila kerusakan hutan tersebut terus berlangsung, akan menyebabkan isolasi semakin efektif dan jumlah *gene flow* antar populasi semakin sedikit dan apabila populasi telah mencapai keseimbangan sehingga terisolasi antara satu populasi dengan populasi yang lain oleh jarak yang panjang, migrasi menjadi semakin sedikit dan diferensiasi antar populasi semakin besar karena *genetic drift*. Hal ini menyebabkan beberapa gen bisa hilang dan akibatnya beberapa populasi akan terancam punah dan menyebabkan menurunnya keragaman genetik. Konservai *ex situ* *S. leprosula* menjadi sangat penting untuk menjaga tingginya keragaman genetik *S. leprosula* terutama untuk melindungi vigoritas, kualitas pertumbuhan dan adaptasinya terhadap lingkungan. Keragaman genetik *S. leprosula* yang tinggi merupakan materi dasar pada pada program pemuliaan pohon. Tingginya keragaman genetik *S. leprosula* akan memberikan peluang yang sangat baik untuk kegiatan seleksi sifat-sifat tertentu dan akan mendukung kegiatan pemuliaan pohon untuk masa depan.

IV. KESIMPULAN DAN SARAN

Berdasarkan uraian tersebut di atas, dapat disimpulkan bahwa keberadaan *S.leprosula* asal kalimantan semakin berkurang ditandai dengan tingginya nilai koefisien diferensiasi gen ($G_{ST} = 0,612$) dan keberadaannya semakin terancam ditandai dengan F_{-ix} yang bernilai positif ($F_{-ix} = 0,312$). Meskipun demikian, keragaman jenis ini masih tergolong tinggi ($H_T=0,329$), untuk menjaga keragaman jenisnya maka perlu dilakukan upaya konservasi genetik karena keragaman genetik yang tinggi sangat diperlukan untuk program pemuliaan jenis ini di masa depan.

DAFTAR PUSTAKA

- Anonim. 1980. *Pedoman Pembuatan Tanaman*. Jakarta: Dirjen Kehutanan Direktorat Reboisasi dan Rehabilitasi No. 55.
- Anonim. 1992. *Vademikum Hasil-Hasil Penelitian HTI*. Jakarta : Badan Penelitian dan Pengembangan Kehutanan Departemen Kehutanan.
- Ayala, F. J. dan J. A. Kiger. 1984. *Modern Genetics*. Californnia : The Benjamin/Cummings Publishing Company Inc.
- Boshier, D. H. 2000. Mating systems. Dalam Young, A., Boshier, D. & Boyle, T. (eds.). *Forest Conservation Genetics: Principle and Practice*. Csiro Publishing. Australia.
- El-Kassaby, Y. A. 1991. Genetic variation within and among conifer populations: review and evaluation of methods. Dalam Fineschi, S., Malvolti, M.E., Cannata, F., dan Hattemer, H. H. *Biochemical Markers In The Population Genetics of Forest Trees. Proceeding of The Joint Meeting of Working Parties S2.04-01 Population Genetics and Ecological Genetics Dan S2.04-05 Biochemical Genetics of The International Union Of Forest Research Organisation (IUFRO)*, Porano, Italy, Oktober 1988. SPB Academic Publishing. The Hague-The Netherlands.
- Glaubitz, J.C., & G. F. Moran. 2000. Genetic tools: the use of biochemical and molecular markers. Dalam Young, A., Boshier, D., & Boyle, T. (eds). *Forest Conservation Genetics: Principle and Practice*. Csiro Publishing. Australia.
- Hamrick, J. L. 1989. Isozymes and the analysis of genetic structure in plant populations. Dalam Soltis, D. E. & Soltis, P. S. (eds.). *Isozyme in Plant Biology*. *Advances in Plant Sciences Series*. Vol. 4. Portland-Oregon: Dioscoride Press.
- Hamrick, J. L., J. W. Godt & S.L. Sherman-Broyles. 1991a. Factors influencing levels of genetic diversity in woody plant species. Dalam Adams, W. T., A. H. Strauss, D. L. Copes & A. R. Griffin (eds). *Population Genetics Of Forest Trees: Proceeding of The International Symposium on Population Genetics of Forest Trees*, Corvallis, Oregon, USA, July 31 –August 2, 1990. Kluwer Academic Publisher. London
- Hamrick, J. L., J. W. Godt, D. A. Murawski, & M. D. Loveless. 1991b. Correlation between species traits and allozyme diversity: implications for conservation biology. Dalam Falk, D. A. & K. E. Holsinger (eds.). *Genetics and Conservation of Rare Plants*. Oxford University Press. USA.
- Joker, D. 2002. Informasi Singkat Benih Shorea leprosula Miq., (Online), (www.dfsc.dk/pdf/Seedleaflets/Shorea_64_int.pdf, diakses 6 Juni 2004).
- Lee, S. L., R. Wickenswari, M. C. Mahani & A. H. Zakri. 2000a. Genetic diversity of a tropical tree species, Shorea leprosula Miq. (Dipterocarpaceae), in Malaysia: implications for conservation of genetic resources and tree improvement. *Biotropica*. Vol.32 No.2. Hal.213–224. 2000b. Inheritance of allozyme in Shorea leprosula (Dipterocarpaceae). *Journal of Tropical Forest Science*. Vol.12. No.1. Hal.124–138.
- Loveless, M. D. 1992. Isozyme variation in tropical trees: pattern of genetic organisation. Dalam Adams, W. T., A. H. Strauss, D. L. Copes & A. R. Griffin (eds). *Population Genetics of Forest Trees: Proceeding of The International Symposium on Population Genetics of Forest Trees*, Corvallis, Oregon, USA, July 31 – August 2, 1990. Kluwer Academic Publisher. London.
- Na'iem. 1992. *Analisis Isozim dan Pemanfaatannya di Bidang Kehutanan*. Yogyakarta: Fakultas Kehutanan Universitas Gadjah Mada. 2001a. Genetic variation of shorea leprosula miq. In three populations in indonesia: implication far ex situ conservation. *Buletin Kehutanan* nomor 49/2001. Department of Silviculture Faculty of Forestry Gadjah Mada University, Yogyakarta, Indonesia. 2001b. Konservasi sumberdaya genetik untuk pemuliaan pohon. Dalam Seminar Sehari Peletakan Dasar-dasar dan Strategi Dasar Pemuliaan Pohon Hutan di Indonesia dalam rangka 70 tahun Prof. Dr. Oemi Hani'in Suseno, Fakultas Kehutanan Universitas Gadjah Mada, Yogyakarta, 27 Januari 2001.

- Nei, M. 1987. *Molecular Evolutionary Genetics*. New York: Columbia University Press.
- Ratnam, W., & T.J. Boyle. 2000. Effect of logging and other form of harvesting genetic diversity in humid tropical forests. Dalam Young, A., D. Boshier & T. Boyle (eds.). *Forest Conservation Genetics: Principles and Practice*. Australia: Csiro Publishing.
- Rimbawanto, A. & K. Isoda. 2001. Genetic structure Of *Shorea Leprosula* in a single population revealed by microsatellite markers. Dalam Thielges, B.A., S.D. Sastrapradja, A. Rimbawanto (eds.): In Situ and Ex Situ Conservationn Tropical Trees. *Proceeding International Seminar*. Faculty of Forestry, Gadjah Mada University. Yogyakarta, Hal.333-340.
- Seido, K. 1993. *Manual of Isozyme Analysis*. Japan Corporation Agency (JICA) and Directorate General of Reforestation and Land Rehabilitation Ministry of Forestry in Indonesia.
- Weeden, N. F. & J. F. Wendel. 1989. Genetics of plant isozyme. Dalam: Soltis, D. E., & P. S. Soltis (eds.). *Isozyme in Plant Biology. Advances in Plant Sciences Series*. Vol.4. Portland-Oregon: Dioscorides Press.
- Wright, J. W. 1976. *Introduction to Forest Genetics*. San Diego – California – USA: Academic Press.
- Yeh, F. C. 2000. Population genetics. Dalam Young, A., D. Boshier & T. Boyle (eds.). *Forest Conservation Genetics: Principles and Practice*. Csiro Publishing. Australia.
- Young, A. G. & T. J. Boyle. 2000. Forest Fragmentation. Dalam Young, A., D. Boshier & T. Boyle (eds.). *Forest Conservation Genetics: Principles and Practice*. Csiro Publishing. Australia.