



Website : <http://ejournal.forda-mof.org/ejournal-litbang/index.php/JPKS>

Jurnal Penelitian Kehutanan Sumatrana

Jurnal Penelitian Kehutanan Sumatrana. Vol. 1. No. 2. (2018) 27 - 38

eISSN 2581-270X pISSN 2598-0572



Keanekaragaman Genetik *Scorodocarpus borneensis* di Riau Berdasarkan Penanda Molekuler RAPD

(*Genetic Diversity of Scorodocarpus borneensis in Riau
Based on RAPD Molecular Markers*)

Dodi Frianto^{1*} Aslim Rasyad² dan Dewi Indriyani Roslim³

¹Balai Litbang Teknologi Serat Tanaman Hutan
Jl. Raya Bangkinang - Kuok Km. 9 PO BOX 4/BKN Bangkinang 28401

²Fatperta Universitas Riau
Kampus Bina Widya Km 12,5 Simpang Baru Pekan Baru 29293

³FMIPA Universitas Riau
Kampus Bina Widya Km 12,5 Simpang Baru Pekan Baru 29293

*Email: frianto_dodi@yahoo.co.uk

Article History:

Received 8 Juny 2018; Received in revised form 20 September 2018;
Accepted 28 December 2018; Available online since 31 December 2018

ABSTRAK

Kulim (*Scorodocarpus borneensis*) merupakan tumbuhan yang hidup di dataran rendah, termasuk dalam kelompok famili Olacaceae dan Ordo Santalale. Penelitian ini bertujuan untuk menentukan keanekaragaman genetik di dalam dan antar populasi kulim berdasarkan penanda RAPD di Provinsi Riau dengan menggunakan sampel yang berasal dari 3 populasi yaitu populasi Bengkalis, Kampar dan Indragiri Hulu. Ekstraksi kambium dilakukan dengan modifikasi metode Cetyl Trimethyl Ammonium Bromida (CTAB). Amplifikasi DNA dilakukan dengan metode Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD) pada mesin PCR System 9700 Applied Biosystems. Primer yang digunakan adalah 6 primer hasil optimasi keluaran Operon Technology yaitu OPC-6, OPY-6, OPY-13, OPY-14, OPO-6, dan OPW-4. Dari total 51 lokus yang terdeteksi, 47 (92,16%) merupakan lokus polimorfik. Persentase lokus polimorfik memiliki nilai rata-rata $76,50\% \pm 0,04$, dengan kisaran 71,79% - 79,49%. Rata-rata jumlah alel efektif per lokus adalah $1,359 \pm 0,08$. Keragaman genetik dalam populasi (H_e) tergolong tinggi dengan nilai $0,226 \pm 0,04$ dan indeks Shannon memiliki nilai $0,351 \pm 0,06$. Dari ketiga populasi yang dianalisis, populasi Kampar ($H_e = 0,265 \pm 0,18$) memperlihatkan tingkat variabilitas yang jauh lebih tinggi dibanding populasi lainnya. Diferensiasi genetik antar populasi (G_{st}) tergolong rendah dengan nilai 0,1191. Sedangkan besarnya jarak genetik Nei antar populasi berkisar dari 0,0112 – 0,0825 dengan nilai rata-rata 0,0481. Hubungan kekerabatan genetik antar populasi *S. borneensis* di Provinsi Riau membentuk dua kelompok. Kelompok pertama, terdiri atas populasi Duri dan Indragiri Hulu dan kelompok kedua yakni populasi Kampar.

Kata Kunci: kulim, Provinsi Riau, RAPD, keanekaragaman genetik

ABSTRACT

Kulim (Scorodocarpus borneensis) is a lowland plant, belongs to the Olacaceae and the Santalale order. This research aimed to determined the genetic biodiversity within and among kulim populations in Riau Province based on RAPD markers using samples from 3 population i.e. Bengkalis, Kampar and Indragiri Hulu. Cambium was extracted using CTAB modified method. DNA amplification performed by Random Amlified Polymorphic DNA (RAPD) markers in thermocycler machine (PCR System 9700 Applied Biosystems) using 6 primers i.e. OPO-6 OPY-6, OPY-13, OPY-14, OPO-6, and OPW-4. A total of 51 loci detected, 47 (92.16%) were polymorphic loci. The percentage of polymorphic loci has an average value

of $76.50\% \pm 0.04$, with a range of 71.79% - 79.49%. The average number of effective alleles per locus is $1,359 \pm 0.08$. Genetic diversity in population (H_e) is high with value 0.226 ± 0.04 and Shannon index has value 0.351 ± 0.06 . Of the three populations analyzed, Kampar population ($H_e = 0.265 \pm 0.18$) showed a much higher level of variability than other populations. Genetic differentiation between populations (G_{st}) is low with a value of 0.1191. While the value of the genetic distance Nei (d_o) between populations ranged from 0.0112 to 0.0825 with an average value of 0.0481. The genetic kinship relationship between population of *S. borneensis* in Riau Province divided in two groups. The first group consists of the population of Duri and Indragiri Hulu while Kampar population was separated in the second group.

Keywords: kulim, Riau Province, RAPD, genetic diversity

I. PENDAHULUAN

Kulim (*Scorodocarpus borneensis*) merupakan tumbuhan yang hidup di dataran rendah, termasuk dalam kelompok famili Olacaceae dan Ordo Santalale. Penyebaran kulim di Riau meliputi daerah Kabupaten Kampar (Ismail, 2000; Heriyanto & Garsetiasih, 2004; Ernawati, 2013; Rahmayanti, 2015), Kabupaten Bengkalis, Kabupaten Indragiri Hulu (Ismail 2000). Kulim dapat tumbuh di hutan dataran rendah dan bukit sampai ketinggian 300 m dpl, terutama pada tanah kering atau berpasir (Heyne, 1987), dengan topografi datar hingga bergelombang dan terdapat pada kemiringan 0-15% (Rahmawati, 1998). Kulim (*Scorodocarpus borneensis* Becc) merupakan jenis pohon yang memiliki nilai komersial yang tinggi dan sangat digemari masyarakat untuk bahan bangunan. Kayu kulim banyak digunakan untuk pembuatan kusen pintu rumah dan kapal kayu. Kebutuhan kayu kulim untuk kusen pintu rumah dan kapal kayu di Kabupaten Kampar sebesar 23.366 m³ per tahun (Heriyanto & Garsetiasih, 2004).

Pemanfaatan sumberdaya yang dilakukan secara tidak terkontrol dan tidak terkelola merupakan faktor utama yang menyebabkan laju kepunahan suatu jenis tumbuhan semakin cepat. Hal ini dapat mengancam kelestarian suatu spesies. Sastrapradja, (1992) menyatakan bahwa penyusutan keanekaragaman hayati lebih banyak disebabkan oleh faktor manusia berupa eksploitasi hutan, sementara upaya reboisasi tidak seimbang dengan kegiatan eksploitasi.

Pohon kulim termasuk ke dalam 200 jenis tumbuhan langka Indonesia (Mogea et al.,

2001). Kelangkaan pohon kulim disebabkan oleh beberapa hal yakni eksplotasi kayu dan buah yang berlebihan dan faktor tanaman kulim yang lambat tumbuh (Ismail, 2000). Menurut Rahmawati, (1998) masalah penebangan liar merupakan gangguan terbesar bagi tegakan kayu dewasa maupun anakan sementara upaya budidayanya masih sangat kurang.

Ismail (2000) menyatakan bahwa berdasarkan kriteria keterancaman populasi biota International Union for Conservation of Nature (IUCN), jenis kulim sudah masuk dalam kategori kritis, bahkan sangat kritis di Riau. Menurut IUCN tanaman kulim termasuk belum dievaluasi (Ernawati, 2013).

Tingkat keanekaragaman dalam suatu populasi maupun antar populasi merupakan sebuah gambaran status keberadaan suatu jenis di alam. Rendahnya tingkat keanekaragaman suatu populasi merupakan indikasi menurunnya tingkat adaptasi dari populasi tersebut di tempat tumbuhnya. Tingkat keanekaragaman yang tinggi menunjukkan bahwa populasi tersebut memiliki kemampuan yang lebih baik dalam beradaptasi dengan lingkungannya (Widyastuti, 2007; Rachmat, 2008).

Penanda genetik molekuler dapat menilai keanekaragaman genetik tanpa dipengaruhi oleh lingkungan dan umur tanaman (Widyastuti, 2007). Penanda molekuler yang telah digunakan dalam penilaian keanekaragaman genetik suatu populasi tanaman hutan adalah isoenzim, RFLP (*Restriction Fragment Length Polymorphism*), SSR (*Simple Sequence Repeats*), AFLP (*Amplified Fragment Length Polymorphism*) dan RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*).

RAPD banyak digunakan untuk menganalisis keanekaragaman karena lebih cepat memberikan hasil, lebih mudah, memerlukan biaya yang lebih murah, dan menghasilkan polimorfisme pita DNA dalam jumlah banyak (Weising *et al.*, 1995), serta mudah memperoleh primer acak yang diperlukan untuk menganalisis genom semua organisme (Tingey *et al.*, 1992) jika dibandingkan RFLP dan AFLP. Penanda RAPD merupakan penanda molekuler yang dapat di gunakan untuk menganalisis

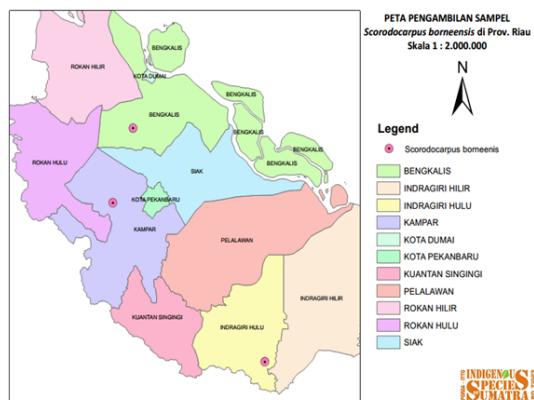
keanekaragaman dalam populasi, struktur populasi, diferensiasi dan dinamika genetik (Hilfiker *et al.*, 2004; Collins *et al.*, 2003).

Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui keanekaragaman genetik di dalam dan antar populasi kulim berdasarkan penanda RAPD di Provinsi Riau. Hasil dari penelitian ini di harapkan dapat memberikan informasi dasar mengenai keanekaragaman genetik kulim dan digunakan sebagai pertimbangan untuk penyusunan strategi konservasi kulim di Provinsi Riau.

Tabel 1. Populasi dan jumlah sampel *Scorodocarpus borneensis* Becc, yang digunakan dalam penelitian

*Table 1. Population and number of samples *Scorodocarpus borneensis* Becc, used in the study*

No	Populasi (Population)	Jumlah sampel (Number of Sample)	Propinsi (Province)	Ketinggian (Altitude) (m dpl)	Lintang (Latitude)	Garis Bujur (Longitude)
1.	Duri	12	Riau	61	1.196496	101.249062
2.	Kampar	12	Riau	41	0.548488	101.057132
3.	Indragiri Hulu (Inhu)	12	Riau	459	-0.843709	102.511509
Jumlah (amount)			36			



Gambar 1. Peta pengambilan sampel penelitian *Scorodocarpus borneensis* di Provinsi Riau
Picture 1. Scorodocarpus borneensis research sampling map in Riau Province

II. METODE PENELITIAN

A. Tempat dan Waktu

Penelitian ini dilaksanakan di Laboratorium Genetika Molekuler, Balai Besar Penelitian dan Pengembangan Bioteknologi dan Pemuliaan Tanaman Hutan, Purwobinangun, Sleman, Yogyakarta. Penelitian ini di lakukan selama 3 (tiga) bulan, dimulai pada bulan

Januari 2017 sampai dengan Maret 2017.

B. Bahan dan Alat Penelitian

Bahan materi genetik kulim yang digunakan dalam penelitian ini adalah kambium yang diambil dari 3 populasi pohon kulim (*Scorodocarpus borneensis* Becc.) di Provinsi Riau, yaitu populasi dari wilayah Duri, Kampar dan Indragiri Hulu (Tabel 1 dan Gambar 1).

Bahan untuk ekskstraksi DNA meliputi buffer ekstraksi CTAB (*Cetyl trimethyl ammonium bromide*) yang terdiri dari 1 M Tris pH 9,0; 5 M NaCl; 0,5 M EDTA (*etilendiamin tetraasetat bromide*) yang terdiri dari 1 M Tris pH 9,0; 5 M NaCl; 0,5 M EDTA (*etilendiamin tetraasetat*) pH 8,0; 10% CTAB dan β -Mercaptoethanol. Selain itu ditambahkan juga psd (*purified sterile distilled*) H₂O; kloroform; sodium asetat (NaOAc); isopropanol; ethanol 70% dan 100% (dingin). Bahan untuk presipitasi DNA adalah sodium asetat (NaOAc), isopropanol, ethanol 70% dan 100% (dingin), psd H₂O.

Bahan untuk pembuatan gel agarose adalah psd H₂O, 20X TBE, agarose dan Ethidium Bromida. Bahan untuk PCR yang digunakan adalah DNA, psd H₂O, es batu, KAPA Taq Extra HotStart DNA Polymerase KK 3504, 5x KAPA Taq Extra Buffer, dNTPs (deoksiribo nukleotida triphosphate), MgCl₂, dan primer RAPD (Operon). Bahan untuk elektroforesis, 30% GL 3, VC 100 bp plus DNA ladder dan 1X TBE.

C. Tahapan Pelaksanaan/Rancangan Penelitian

Ekstraksi DNA dilakukan dengan metode CTAB (Murray and Thompson, 1980) yang dimodifikasi oleh Shiraishi dan Watanabe (1995) menggunakan alat *Mini beadbeater* -8. Selanjutnya dilakukan purifikasi DNA dengan re-presipitasi. DNA hasil purifikasi dihitung dengan menggunakan *NanoVue*, setelah itu DNA dilarutkan hingga konsentrasi mencapai 2,5 ng DNA/ μ l untuk melakukan reaksi PCR.

Tabel 2. Tahapan reaksi PCR

Table 2. Stages reaction of PCR

Tahapan reaksi PCR (Stages of PCR Reaction)	Suhu (Temperature)	Waktu (Time)	Keterangan (Remark)
Pemanasan awal (<i>Initial Denaturation</i>)	94°C	3 detik (<i>second</i>)	
Inkubasi (<i>Incubation</i>)	95°C	60 detik (<i>second</i>)	
Denaturasi (<i>Denaturation</i>)	94°C	30 detik (<i>second</i>)	{ 45 Siklus
Penempelan (<i>Annealing</i>)	37°C	30 detik (<i>second</i>)	
Pemanjangan (<i>Elongation</i>)	72°C	90 detik (<i>second</i>)	
Pemanjangan akhir (<i>Elongation final</i>)	72°C	5 Menit (<i>minute</i>)	
Penyimpanan (<i>Storage</i>)	4°C	-	

Reaksi PCR menggunakan mesin PCR system 9700 Applied Biosystem dengan Reaksi PCR menggunakan mesin PCR system 9700 Applied Biosystem dengan total 10 μ l sampel. Reaksi PCR memerlukan tiga siklus. Pertama, tahap denaturasi yaitu untuk mendenaturasi DNA cetakan; kedua, tahap penempelan primer (primer annealing), dan yang ketiga, pemanjangan (extension). Tahapan reaksi PCR dapat dilihat pada Tabel 2.

Hasil amplifikasi PCR dielektroforesis pada 1,25% gel agarose, 20X TBE buffer dan 0,5% Editium bromide selama 2,5 jam pada tegangan 120 V. Hasil elektroforesis dilakukan visualisasi UV dengan menggunakan alat Gel DocTM EQ Imaging System (BIORAD) dengan program komputer Quantity One (BIORAD).

D. Analisis Data

Profil pita RAPD diubah menjadi data biner, yaitu dengan memberikan skor nilai 1 bila ada amplifikasi dan 0 bila tidak ada amplifikasi. Setelah itu data tersebut dianalisis menggunakan POPGENE 1.32 untuk menentukan keanekaragaman genetik dalam suatu populasi berdasarkan *Nei's Gene Diversity* (Nei, 1973) dan *Nei's Original Measures of Genetic Distance* (Nei, 1973). Analisis pengelompokan (*clustering*) populasi dalam suatu konsep jarak genetik menggunakan metode Unweighted Pair-group Method with Arithmetic Averaging (UPGMA). Hasil analisis pengelompokan ditampilkan dalam bentuk dendrogram.

III. HASIL DAN PEMBAHASAN

A. Primer Terseleksi

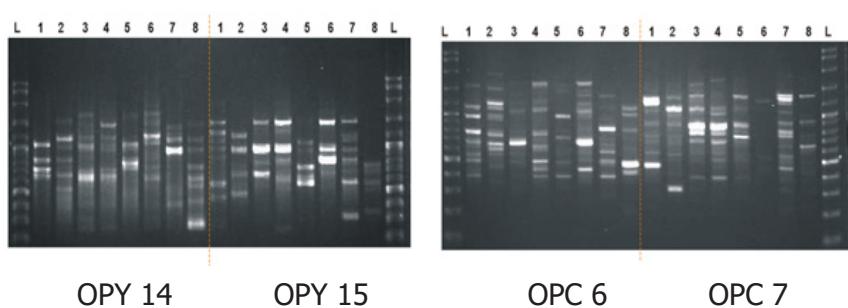
Penggunaan primer acak dalam analisis RAPD mengakibatkan perlunya tahapan seleksi primer untuk mendeteksi polimorfisme fragmen DNA hasil amplifikasi (Karsinah *et al.*, 2002). Seleksi dilakukan terhadap 18 primer pada 8 sampel DNA *S. borneensis*. Hasil penelitian menunjukkan bahwa dari 18 primer

yang dipilih tersebut, hanya 12 primer yang polimorfik (Tabel 3, Gambar 2), sedangkan 6 primer lainnya tidak menghasilkan pita sama sekali. Primer yang tidak menghasilkan pita mengindikasikan bahwa primer-primer tersebut tidak mempunyai homologi dengan DNA cetakan, karena terbentuknya fragmen pita DNA tergantung pada sekuen primer dan genotipe dari DNA

Tabel 3. Primer RAPD yang diseleksi

Table 3. Primer selected RAPD

No	Primer (Primers)	Sekuen primer (5'-3') (Sequence primer)	Keterangan (Remark)
1	OPC-4	AAGGCTCAC	Polimorfik (<i>Polymorphic</i>)
2	OPC-6	GGTCGATCTG	Polimorfik (<i>Polymorphic</i>)
3	OPC-7	CCACGGGAAG	Polimorfik (<i>Polymorphic</i>)
4	OPO-5	CAGAACGGAA	Tidak menghasilkan pita (<i>absence</i>)
5	OPO-6	GAACGGACTC	Polimorfik (<i>Polymorphic</i>)
6	OPO-13	GGGTCTCGGT	Tidak menghasilkan pita (<i>absence</i>)
7	OPW-2	AAGGCTCAC	Tidak menghasilkan pita (<i>absence</i>)
8	OPW-3	AGGCAGAGCA	Tidak menghasilkan pita (<i>absence</i>)
9	OPW-4	AGCAGCGCAC	Polimorfik (<i>Polymorphic</i>)
10	OPY-3	AGTCGCCCTT	Tidak menghasilkan pita (<i>absence</i>)
11	OPY-4	CCGCATCTAC	Tidak menghasilkan pita (<i>absence</i>)
12	OPY-6	GTCGGACGA	Polimorfik (<i>Polymorphic</i>)
13	OPY-7	ACCCCGCCAA	Polimorfik (<i>Polymorphic</i>)
14	OPY-8	GTCCGGAGTG	Polimorfik (<i>Polymorphic</i>)
15	OPY-9	CCCAGTCACT	Polimorfik (<i>Polymorphic</i>)
16	OPY-13	GTCAGAGTCC	Polimorfik (<i>Polymorphic</i>)
17	OPY-14	GGGTCTCGGT	Polimorfik (<i>Polymorphic</i>)
18	OPY-15	GGCTGCAATG	Polimorfik (<i>Polymorphic</i>)



Gambar 2. Hasil visualisasi primer yang menghasilkan pita polimorfik pada *Scorodocarpus borneensis*.

Picture 2. Primary visualization results that produce polymorphic bands on *Scorodocarpus borneensis*

cetakan (Klein-Lankhorst *et al.*, 1991).

Hasil pengujian selanjutnya, dari 12 primer yang polimorfik hanya 6 primer yang dapat diamplifikasi pada ke-36 sampel DNA kulim, yakni primer OPY-6, OPY-13, OPY-14, OPC-6, OPO-6 dan OPW-4, karena pada saat amplifikasi pada seluruh sampel penelitian hanya 6 (enam) primer saja yang menunjukkan pita yang jelas.

Primer yang digunakan umumnya mempunyai sequence acak, terdiri dari sedikitnya 50-80% gugus G dan C (William *et al.*, 1990). Kriteria primer yang dapat digunakan untuk analisis RAPD adalah jumlah lokus polimorfik, kejelasan dari pita RAPD dan lokus dengan tingkat reproduktibilitas tinggi (Hartati *et al.*, 2007). Beberapa kriteria digunakan untuk menyeleksi primer RAPD polimorfik, yaitu jumlah lokus polimorfik, pita DNA yang jelas antara 200 – 800 bps dan reproduktibilitas dari lokus yang dipilih.

B. Profil Pita DNA

Amplifikasi 36 sampel Kulim menggunakan 6 primer terseleksi menghasilkan total

pita sebanyak 51 pita dengan rata-rata jumlah pita polimorfik sebesar 7.83 dan 92.15% diantaranya adalah polimorfik (Tabel 4). Persentase pita polimorfik kulim ini menunjukkan bahwa marka RAPD memiliki tingkat polimorfisme yang tinggi. Menurut Fajarudin & Poerba (2010) tingkat polimorfisme dikatakan tinggi apabila memiliki persentase polimorfisme lebih besar dari 50%.

Finkeldey (2005) menyatakan bahwa secara umum populasi tanaman hutan memiliki keanekaragaman yang tinggi, karena mempunyai kemampuan yang besar untuk bertahan hidup, tumbuh dan berkembang biak selama beberapa generasi pada kondisi dan lingkungan yang berbeda.

Pada penelitian ini dihasilkan pita polimorfisme yang tinggi dari OPC-6 dan OPO-6 yakni masing-masing sebesar 11 pita dan 10 pita. Jumlah pita polimorfik dari penelitian ini adalah 47 pita dengan rata-rata 7.83 pita per primer, sedangkan pita monomorfik sebanyak 4 pita dengan rata-rata 0.67 pita per primer. Tiga primer (OPY-14, OPO-6, dan OPC-6)

Tabel 4. Jumlah pita polimorfik dan monomorfik pada 6 primer RAPD

Table 4. Number of polymorphic and monomorphic bands on 6 RAPD primers

Primer (Primers)	Jumlah Pita polimorfik (Amount Polymorphic band)	Jumlah Pita monomorfik (Amount Monomorphic band)	Total Pita (Total band)
OPY-6	6	1	7
OPY-14	8	0	8
OPO-6	10	0	10
OPW-4	4	2	6
OPC-6	11	0	11
OPY-13	8	1	9
Jumlah (Amount)	47	4	51
Rata-rata (Average)	7.83	0.67	8.5
Persentase (%) (Percentage)	92.16	7.84	

menghasilkan 100% polimorfik, sedangkan 3 primer lainnya yaitu OPY-6, OPW-4, dan OPY-13 menghasilkan campuran pita polimorfik dan pita monomorfik. Banyaknya jumlah pita yang dihasilkan oleh setiap primer tergantung

pada sebaran situs yang homolog pada genom (Williams *et al.*, 1990).

Profil pita yang diamplifikasi dengan primer OPC-6 yang menghasilkan 100% pita polimorfik. Semakin banyak pita polimorfik

maka tingkat keanekaragaman antara individu semakin tinggi. Perbedaan jumlah dan ukuran pita DNA yang dihasilkan menggambarkan kekompleksan genom tanaman yang diamati (Grattapaglia & Sederoff, 1994). Karena pita DNA merupakan hasil berpasangan nukleotida primer dengan nukleotida genom tanaman, maka semakin banyak primer akan semakin terwakili bagian-bagian genom, sehingga semakin tergambar keadaan genom tanaman yang sesungguhnya. Sebaran situs penempelan primer pada DNA genom, jumlah fragmen yang diamplifikasi, serta kemandirian

dan konsentrasi DNA genom dalam reaksi mempengaruhi intensitas pita DNA hasil amplifikasi (Grattapaglia & Sederoff, 1994).

Tingginya pita polimorfisme pada penelitian ini menunjukkan tingginya keanekaragaman genetik pada tumbuhan *S. borneensis* yang diamati. Menurut Wulandari (2008) semakin tinggi tingkat polimorfisme maka tingkat keragaman genetik di antara individu-individu plasma nutfah juga akan semakin tinggi.

C. Analisis kluster antar individu dan antar populasi

Keanekaragaman genetik pada tiap

Tabel 5. Keanekaragaman genetik tiga populasi *Scorodocarpus borneensis*

Table 5. The genetic diversity of the three populations of *Scorodocarpus borneensis*

No	Populasi (Population)	Ukuran Sampel (Sampel Size)	Na	Ne	JLP	PLP	He	I
1	Duri	12	1.718±0,45	1.270±0,27	56	71,79%	0,179±0,15	0,289
2	Inhu	12	1.795±0,40	1.363±0,29	62	79,49%	0,233±0,15	0,365
3	Kampar	12	1.782±0,41	1.447±0,35	61	78,21%	0,265±0,18	0,400
Rata-rata (average)		1.765±0,04	1.359±0,08	59,67±3,21	76,50%±0,04	0,226±0,04	0,351±0,06	

Keterangan:

Na : Jumlah alel yang diamati (*Observed number of alleles*)

Ne : Jumlah alel efektif (*Effective number of alleles*)

JLP : Jumlah lokus polimorfik (*The number of polymorphic loci*)

PLP : Persentasi lokus polimorfik (*The percentage of polymorphic loci*)

He : Heterosigositas (Keragaman genetik) (*gene diversity*)

I : Indeks Shannon (*Shannon's Information index*)

populasi bervariasi (Tabel 5). Populasi Kampar memiliki nilai heterozigositas (He) terbesar dibandingkan dengan populasi lainnya yaitu He= 0,2652±0,183. Populasi Duri memiliki nilai He yang paling rendah dengan nilai rata-rata He = 0,179±0,1574.

Analisis keanekaragaman menunjukkan tingkat keanekaragaman genetik populasi kulim berkisar dari 0,179±0,157 sampai dengan 0,265±0,183. Rata-rata nilai keragaman genetik antar populasi kulim adalah 0,2256. Menurut Hamrick & Godt (1989) nilai rerata He (0,2256) pada kulim sedikit lebih rendah berdasarkan distribusi wilayah tropis (0,235) dan taksonomi tanaman angiospermae (0,249). Nilai rata-

rata keanekaragaman genetik lebih besar dari pada jenis lain seperti *inus attenuate* (0.011), *P. radiate* (0.08), *P. sylvestris* (0,022) jabon putih (0.204), jabon merah (0.200) nyamplung (0.186) (Nurtjahjaningsih et al., 2014), kayu afrika (0.1366) (Wulandari 2008). Keanekaragaman genetik yang besar pada kulim dibandingkan dengan jenis lain, diduga karena penyebaran tanaman kulim yang cukup luas dan proses penyerbukan tanaman yang dibantu oleh serangga. Kulim memiliki bunga monocius, perkawinan dapat melalui perantara angin dan serangga. Terjadinya perkawinan silang melalui proses penyerbukan, khususnya penyerbukan terbuka dan penyerbukan silang. Serangga

atau pollinator memanfaatkan pollen yang ada sebagai pembawa serbuk sari dari satu bunga ke bunga lainnya dalam satu pohon maupun antar pohon. Kunjungan pollinator ke bunga dipengaruhi oleh warna, bau dan bentuk bunga. Adanya penyerbukan menyebabkan terjadinya pola variasi genetik di alam yang dapat terekspresi secara morfologi. Berdasarkan perhitungan analisis diversitas genetik (Tabel 6), nilai total terdistribusi pada setiap populasi yang diamati sebesar 25,61% (Duri, Indragiri Hulu dan Kampar). Sebanyak 74,39% variasi genetik terdapat diantara populasi Duri, Indragiri Hulu Tingginya nilai HS (0.2256) dibandingkan nilai HT (0.2561) dengan nilai acuan besarnya nilai DST (0.0305) menunjukkan bahwa keanekaragaman genetik *S. borneensis* dalam populasi lebih tinggi jika dibandingkan dengan antar populasi. Menurut Hammrick et. al., (1992). Berdasarkan distribusi wilayah pada daerah tropis (0,275) dan taksonomi angiospermae (0,287) nilai HT (0.2561) pada tanaman kulim termasuk rendah. Perbedaan hal tersebut merupakan keanekaragaman

genetik dan pembatas antar dan dalam populasi dari spesies tanaman, ditentukan oleh sejumlah faktor, di antaranya sistem reproduksi biologi penyerbukan (Hamrick & Godt 1989).

Berdasarkan analisis diversitas genetik secara keseluruhan diperoleh nilai GST yang rendah yaitu sebesar 0,1191. Nilai GST merupakan nilai koefisien diferensiasi genetik antar populasi. Rendahnya nilai GST berartidiferensiasi genetik *S. borneensis* yang rendah antar populasi Duri, Indragiri Hulu dan Kampar. Hal ini berkorelasi dg jarak genetik, meskipun dalam dendrogram terpisah dalam 2 cluster, namun jarak genetik antara populasi dalam kisaran <0.1 dan variasi genetik antar pop < 1%. Rendahnya nilai GST di antara populasi juga mengindikasikan tingkat aliran gen yang tinggi. (Frankham et al., 2002). Dibuktikan dengan nilai aliran gen yang juga rendah pada populasi *Scorodocarpus borneensis* yaitu 3.6967 (NM>1).

Hubungan kekerabatan antar populasi dianalisis dengan jarak genetik Nei (1978) dengan metode UPGMA (Gambar 3). Secara

Tabel 6. Hasil analisis diversitas genetik 36 sampel *Scorodocarpus borneensis* dan nilai aliran gen.

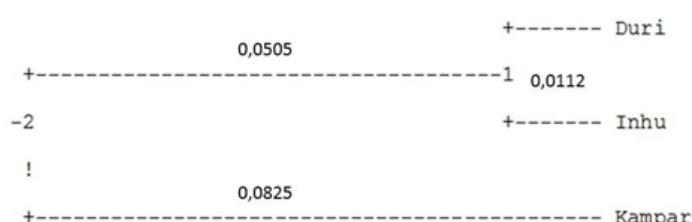
Table 6. Results of genetic diversity analysis 36 samples *Scorodocarpus borneensis* and gene flow values

Jumlah Sampel (Sample size)	HT	HS	DST	GST	NM
36	0.2561	0.2256	0.0305	0.1191	3.6967

Keterangan:

HT : Nilai heterozigositas total populasi (*Total gene diversity*) (HS+DST);

HS : Nilai heterozigositas dalam populasi populasi (*Diversity within population*); DST : Nilai heterozigositas antar populasi (*Diversity between population*); GST : Genetik diferensiasi antar populasi (*Coefficient of gene differentiation*); NM : Aliran gen (*Gen flow*)



Gambar 3. Dendrogram tiga populasi *Scorodocarpus borneensis* Blume berdasarkan jarak genetik Nei (1978).

Picture 3. Dendrogram three population *Scorodocarpus borneensis* Blume based on genetic distance Nei (1978).

umum, populasi *S. borneensis* membentuk dua kelompok. Kelompok pertama, terdiri atas populasi Duri dan Indragiri Hulu dan kelompok kedua yakni populasi Kampar.

Hubungan kekerabatan antar populasi dianalisis dengan jarak genetik (Nei, 1978) dengan metode UPGMA (Gambar 3). Secara umum, populasi *S. borneensis* membentuk dua kelompok. Kelompok pertama, terdiri atas populasi Duri dan Indragiri Hulu dan kelompok kedua yakni populasi Kampar.

Gambar 3 menunjukkan bahwa populasi yang ada di Duri dan di Indragiri Hulu memiliki kedekatan secara genetik (0,0112) walaupun terpisah oleh jarak yang jauh (± 265 km). Proses hubungan kekerabatan biasanya sering dikaitkan dengan jarak geografis populasi seperti pada *I. bijuga* (Widyatmoko, 2015), namun berbeda dengan hasil penelitian ini. Adanya hubungan kedekatan secara genetik antara populasi Duri dan Indragiri Hulu kemungkinan diakibatkan oleh adanya peran manusia dalam pencampuran gen antar populasi, seperti yang terjadi pada jenis jabon putih (Nurtjahjaningsih et al., 2014). Banyak penelitian yang melaporkan bahwa manusia banyak berperan dalam membentuk struktur genetik suatu populasi, domestikasi maupun mencampur asal-usul (Mccusker et al., 2014; Lusini et al., 2014).

Jarak genetik terbesar terdapat antara populasi Duri dengan populasi Kampar (0,0825), dan yang terkecil terdapat antara populasi Duri dan Indragiri Hulu (0,0112), sedangkan untuk populasi Kampar dan

Indragiri Hulu sebesar 0,0505, hal ini menunjukkan bahwa populasi Indragiri Hulu dan Duri memiliki kedekatan secara genetik jika dibandingkan dengan Kampar (Tabel 7). Jarak genetik populasi Indragiri Hulu dan Duri hanya 0,01, sedangkan jarak genetik antara Indragiri Hulu dan Kampar hanya berjarak 0,05, namun Kampar dengan Duri berjarak sebesar 0,082. Hal ini menunjukkan bahwa populasi Indragiri Hulu memiliki variasi genetik dekat dengan Duri namun juga cukup dekat dengan populasi Kampar. Hal ini sesuai dengan kondisi geografis Kampar yang berada ditengah antara populasi Duri dan Indragiri Hulu. Hasil analisis pengelompokan pada dendrogram jarak genetik antar populasi menunjukkan bahwa populasi 1 (Duri) dan 2 (Indragiri Hulu) memiliki kedekatan secara genetik.

Jarak genetik terbesar terdapat antara populasi Duri dengan populasi Kampar (0,0825), dan yang terkecil terdapat antara populasi Duri dan Indragiri Hulu (0,0112), sedangkan untuk populasi Kampar dan Indragiri Hulu sebesar 0,0505; hal ini menunjukkan bahwa populasi Indragiri Hulu dan Duri memiliki kedekatan secara genetik jika dibandingkan dengan Kampar (Tabel 7). Jarak genetik populasi Indragiri Hulu dan Duri hanya 0,01, sedangkan jarak genetik antara Indragiri Hulu dan Kampar hanya berjarak 0,05; namun Kampar dengan Duri berjarak sebesar 0,082. Hal ini menunjukkan bahwa populasi Indragiri Hulu memiliki variasi genetik dekat dengan Duri namun juga cukup

Tabel 7. Nilai keragaman genetik dalam populasi (diagonal) *Scorodocarpus borneensis* berdasarkan Nei's Gene Diversity (1973) dan Nei's Original Measures of Genetic Distance (1972) (bawah diagonal) pada tiga populasi *Scorodocarpus borneensis*

Table 7. The value of genetic diversity in population (diagonal) *Scorodocarpus borneensis* based on Nei's Gene Diversity (1973) and Nei's Original Measures of Genetic Distance (1972) (below diagonal) in three populations *Scorodocarpus borneensis*

Populasi (Population)	Duri	Indragiri Hulu	Kampar
Duri	0,1790		
Inhu	0,0112	0,2326	
Kampar	0,0825	0,0505	0,2652
Rerata	0,0481	0,2256	

dekat dengan populasi Kampar. Hal ini sesuai dengan kondisi geografis Kampar yang berada ditengah antara populasi Duri dan Indragiri Hulu. Hasil analisis pengelompokan pada dendrogram jarak genetik antar populasi menunjukkan bahwa populasi 1 (Duri) dan 2 (Indragiri Hulu) memiliki kedekatan secara genetik.

Tabel 7 menunjukkan bahwa populasi asal Duri memiliki keragaman genetik yang paling rendah (0,1790), karena jumlah (16 pohon) populasi kulim di Duri lebih sedikit jika dibandingkan daerah lainnya. Hal ini mengindikasikan bahwa populasi berasal dari induk yang terbatas atau sama (Poerba & Martanti 2008). Nilai keragaman genetik ditentukan oleh ukuran populasi suatu jenis. Ukuran populasi yang lebih kecil di suatu wilayah dapat menjadi salah satu faktor penyebab rendahnya nilai keragaman genetik populasi di wilayah tersebut (Nurtjahjaningsih, 2014).

Rendahnya keragaman genetik pada populasi Duri dimungkinkan karena banyaknya gangguan yang terjadi pada populasi tersebut baik oleh alam maupun pengaruh manusia selain itu rendahnya keragaman genetik pada populasi Duri disebabkan potensi pohon yang sangat sedikit hanya 0,53 pohon per ha atau 16 pohon dalam 30 ha. Berdasarkan hasil penelitian ini perlu tindak lanjut berupa penyusunan strategi konservasi kulim di Riau yakni dengan menetapkan populasi Kampar sebagai Kebun Benih Kulim sebagai sumber benih teridentifikasi, perlu melakukan pengayaan secara eks-situ dan in-situ di Kampar dan perlu menjaga kelestarian pohon kulim.

KESIMPULAN

Rata-rata nilai keragaman genetik antar populasi Kulim adalah 0,2256 tergolong rendah berdasarkan distribusi wilayah tropis dan taksonomi tanaman angiospermae. Populasi *S. borneensis* di Provinsi Riau memiliki diferensiasi genetik antar populasi yang rendah ($GST = 0,1191$). Hubungan kekerabatan genetik antar populasi *S. borneensis*

di Provinsi Riau membentuk dua kelompok. Kelompok pertama, terdiri atas populasi Duri dan Indragiri Hulu dan kelompok kedua yakni populasi Kampar.

UCAPAN TERIMA KASIH

Penulis mengucapkan terima kasih kepada Dr. AYPBC Widyatmoko, Dr. Istiana Prihatining sebagai pembimbing lapangan pada Laboratorium Genetika Molekuler, Balai Besar Penelitian dan Pengembangan Bioteknologi dan Pemuliaan Tanaman Hutan Yogyakarta, ITTO PD.710/13 Rev. 1 (F) dan Eka Novriyanti, S.Hut, M.Si, Ph.D selaku peneliti BP2TSTH di Kuok serta seluruh tim yang sudah membantu penelitian ini.

DAFTAR PUSTAKA

- Collins, Dennis, Robert R Mill, and M. Moller. 2003. "Species Separation of *Taxus Baccata*, *T. Canadensis*, and *T. Cuspidata* (Taxaceae) and Origins of Their Reputed Hybrids Inferred from RAPD and CpDNA Data." *American Journal of Botany* 90(2): 175–82.
- Ernawati, Elia. 2013. "Kajian Konservasi Kulim (*Scorodocarpus Borneensis* Becc.) Di Hutan Adat Desa Aur Kuning, Provinsi Riau." Institut Pertanian Bogor.
- Fajarudin, Ahmad, and Yuyu S Poerba. 2010. "Penampilan Random Amplified Polymorphic DNA Pada *Azadirachta Indica* A . Juss Dari Taman Nasional Baluran." *J. Tek. Ling* 11(1): 61–69.
- Finkeldey, Reiner. 2005. *Pengantar Genetika Hutan*. Penerjemah; Edje D, Iskandar ZS, Ufah JS, Arti WK. Terjemahan Dari: An Introduction of Forest Genetics. Bogor: Fahutan IPB.
- Frankham, R.J.D. Ballou, and D.A. Briscoe. 2002. *Introduction to Conservation Genetics*. UK: Cambridge University Press.
- Grattapaglia, Dario, and Ronald Sederoff. 1994. "Genetic Linkage Maps of *Eucalyptus Grandis* and *Eucalyptus Urophylla* Using a Pseudo-Testcross : Mapping Strategy and RAPD Markers." *Genetic* 137 137: 1121–37.
- Hamrick, JL, and MJW Godt. 1989. "Allozyme Diversity in Plant Species. In: Brown AHD, Clegg MT, Kahler AL, Weir BS (Eds). *Plant population genetics, Breeding and Genetic*

- resources, Sinouer Association: 43–63.
- Hamrick, JL, MJW Godt, and SL Sherman-Broyles. 1992. "Factor Influencing Level of Genetic Diversity in Woody Plant Species." *New For* 6: 95–124.
- Hartati, Dwi et al. 2007. "Estimation Of Genetic Diversity Within And Among Pulai (Alstonia Scholaris (L.) R. Br.) Provenance Revealed By Rapd Marker." *Jurnal Pemuliaan Tanaman Hutan* 1(2): 89–98.
- Heriyanto, N.M., and R. Garsetiasih. 2004. "Potensi Pohon Kulim (*Scorodocarpus Borneensis* Becc.) Di Kelompok Hutan Gelawan Kampar, Riau." *Buletin Plasma Nutfah* 10(1): 37–42.
- Heyne, K. 1987. *Tumbuhan Berguna Indonesia Jilid II (Terjemahan)*. Jakarta: Yayasan Wanajaya.
- Hilfiker, Karin, Rolf Holderegger, Peter Rotach, and Felix Gugerli. 2004. "Dynamic of Genetic Variation in *Taxus Baccata*. Local versus Regional Perspective." *Canadian Journal of Botany* 82(2): 219–27.
- Ismail. 2000. Kajian Potensi Dan Ancaman Kepunahan Kulim (*Scorodocarpus Borneensis* Becc.) Pada Hutan Alam Di Provinsi Riau. Skripsi Fahutan IPB.
- Karsinah, Sudarsono, Lilik Setyobudi, and Hajrial Aswidinnoor. 2002. "Keragaman Genetik Plasma Nutfah Jeruk Berdasarkan Analisis Penanda RAPD." *J. Bioteknologi Pertanian* 7(1): 8–16.
- Klein-Lankhorst, R M et al. 1991. "Isolation of Molecular Markers for Tomato (L. Esculentum) Using Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD)." *TAG. Theoretical and applied genetics. Theoretische und angewandte Genetik* 83(1): 108–14.
- Lusini, I et al. 2014. "Estimating the Genetic Diversity and Spatial Structure of Bulgarian Castanea Sativa Populations by SSRs: Implications for Conservation." *Conserv Genet* 15: 283–93.
- Mccusker, Megan R, Nicholas Mandrak, Bashir Egeh, and Nathan R Lovejoy. 2014. "Population Structure and Conservation Genetic Assessment of the Endangered Pugnose Shiner, *Notropis Anogenus*." *Conservation Genetics* 15(2): 343–53.
- Mogea, JPM et al. 2001. Pusat Penelitian dan Pengembangan Biologi LIPI *Tumbuhan Langka Indonesia*. Bogor: Puslit Biologi LIPI.
- Murray, M.G, and W.F Thompson. 1980. *Rapid Isolation of High Molecular Weight Plant DNA*. Carnegie Institution of Washington. Stanford: Departement of Plant Biology.
- Nei, M. 1973. "Analysis of Gene Diversity in Subdivided Populations." *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 70(12): 3321–23.
- Nei, Masatoshi. 1978. "Nei, Ney, Masatoshi Ney - 1978 - The Theory of Genetic Distance and Evolution of Human Races. Pdf." *Jap. J. Human Genet* 23: 341–69.
- Nurtjahjaningsih, ILG et al. 2014. "Karakterisasi Keragaman Genetik Populasi Jabon Putih Menggunakan Penanda Random Amplified Polymorphism DNA." *Jurnal Pemuliaan Tanaman Hutan* Vol. 8 No.: 81–92.
- Poerba, Yuyu Suryasari, and Diyah Martanti. 2008. "Keragaman Genetik Berdasarkan Marka Random Amplified Polymorphic DNA Pada *Amorphophallus Muelleri* Blume Di Jawa." *Biodiversitas* 9 No. 4: 245–49.
- Rachmat, Henti Hendalastuti. 2008. *Variasi Genetik Dan Teknik Perbanyak Vegetatif Cemara Sumatra (Taxus Sumatrana)*. Institut Pertanian Bogor.
- Rahmawati, I. 1998. Studi Lingkungan Fisik Kulim (*Scorodocarpus Borneensis* Becc) Di Areal HPH PT. Rokan Permai Timber Provinsi Riau. Bogor: Skripsi Fahutan IPB.
- Rahmayanti, Syofia. 2015. "Pengalaman Observasi Kulim Di Kabupaten Kampar, Ria." In "Improving Appreciation and Awareness on Conservation Oh High Value Indigenous Wood Species of Sumatera," Kuok: Balai Penelitian Teknologi Serat Tanaman Hutan, 137–45.
- Sastrapradja, SD. 1992. *Ekonomi Keanekaragaman Hayati*. Jakarta: Yayasan Obor.
- Shiraishi, Susumu, and A Watanabe. 1995. "Identification of Chloroplast Genome between *Pinus Densiflora* SIEB. et ZUCC. and *P. Thunbergii* PARL. Based on the Polymorphism in *RbcL* Gene." *Nihon Ringakkai Shi/Journal of the Japanese Forestry Society* 77(5): 429–36.
- Tingey, SV, J.A Rafalski, and Williams J.G.K. 1992. *Genetic Analysis with RAPD Markers*. In: *Application of RAPD Technology to Plant Breeding*. Minneapolis: Joint Plant Breeding Symposia Series CSSA/ASHS/AGA.
- Weising, K, H Nybom, K Wolff, and W Meyer. *DNA Fingerprinting in Plants and Fungi*. Boca Rato: CRC Press.

- Widyastuti, DE. 2007. Keragaman Genetik dengan Penanda RAPD, Fenotipa Pertumbuhan Dan Pendugaan Heritabilitas Pada Sengon (*Paraserianthes Falcataria* (L) Nielsen). Bogor: *Tesis Sekolah Pasca Sarjana IPB*.
- Widyatmoko, AYPBC. 2015. "Strategi Konservasi Merbau Sumatera." In *Improving Appreciation and Awareness on Conservation of High Value Indigenous Wood Species of Sumatra*, Kuok: Balai Penelitian Teknologi Serat Tanaman Hutan, 20–29.
- Williams, John G K et al. 1990. "DNA Polymorphisms Amplified by Arbitrary Primers Useful as Genetic Markers Are." 18(22): 6531–35.
- Wulandari, Yulistia. 2008. Analisis Keragaman Genetik Kayu Afrika (*Maesopsis Eminii* Engl.) Berdasarkan Penanda Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD). Bogor: *Skripsi Fahutan IPB*.