

KERAGAMAN GENETIK *Taxus Sumatrana* DARI POPULASI ALAM DI JAMBI MENGUNAKAN PENANDA RAPD

Genetic diversity of two populations of Taxus sumatrana in Jambi detected by RAPD marker

Prihatini, I¹, Dodi Frianto², Eka Novriyanti², ILG. Nurtjahjaningsih¹, dan AYPBC. Widyatmoko¹
^{1,2}Kontributor Utama, ¹Balai Besar Penelitian dan Pengembangan Bioteknologi dan Pemuliaan Tanaman Hutan
Jl. Palagan Tentara Pelajar Km 15 Purwobinangun, Pakem, Sleman, Yogyakarta, Indonesia
email penulis korespondensi: istiana.prihatini@biotifor.or.id
²Balai Penelitian Teknologi Serat Tanaman Hutan
Jl. Raya Bangkinang – Kuok km. 9 Po. Box 4/BKN Bangkinang, Riau, Indonesia

Tanggal diterima : 08 November 2021, Tanggal direvisi : 11 November 2021, Disetujui terbit : 10 Desember 2021

ABSTRACT

The natural population of *Taxus sumatrana* in several areas in southern Asia, including Indonesia, has decreased in number. In Sumatra, populations of less than 20 trees/ha were found in the Gunung Kerinci and Gunung Tujuh areas, in Kerinci District, Jambi. Conservation efforts to protect this species from extinction are being carried out, for example, exploring seeds from natural populations for ex-situ plantations. The genetic diversity information of *Taxus* is required to develop conservation strategies for this species. This research aimed to observe the genetic diversity of *Taxus* from Gunung Tujuh and Gunung Kerinci populations in Jambi. The level of genetic diversity of 44 individuals from those populations was analyzed using ten markers of RAPD. The application of those markers produced 104 loci used in data analysis using the GenAlex version 6.5 software. The result showed the heterozygosity value described the moderate level of genetic diversity of the two observed populations of $0,33\pm 0,14$ (Gunung Tujuh) and $0,35\pm 0,14$ (Gunung Kerinci). The genetic distance between the two populations (0,097) and genetic similarity (0,908) indicate that the two populations have a moderate variation in genetic structure. This study shows that the two populations have variations in genetic structure at medium level although geographically close. Genetic conservation efforts for *Taxus* species in the future should involve more individuals from both populations and separate them as two different populations.

Keywords: cambium DNA, population genetic, genetic conservation

ABSTRAK

Populasi alami *Taxus sumatrana* di beberapa wilayah di Asia bagian selatan termasuk Indonesia telah mengalami penurunan jumlahnya. Di Sumatera, populasi dengan jumlah kurang dari 20 pohon/ha ditemukan di wilayah Gunung Kerinci dan Gunung Tujuh Kabupaten Kerinci Jambi. Upaya konservasi untuk melindungi kepunahan jenis ini sedang dilakukan, salah satunya adalah dengan melakukan eksplorasi benih dari populasi alam untuk ditanam secara *ex situ*. Informasi keragaman genetik *Taxus* diperlukan untuk menentukan strategi konservasi jenis ini. Penelitian ini dilakukan untuk mendapatkan informasi keragaman genetik yang diperlukan tersebut. Sepuluh penanda RAPD digunakan untuk menganalisa keragaman genetik dari 44 individu yang berasal dari dua populasi alam yaitu Gunung Tujuh dan Gunung Kerinci. Penanda-penanda RAPD tersebut menghasilkan 104 *loci* yang digunakan dalam analisa data menggunakan program GenAlex ver.6.5. Hasil analisa menunjukkan bahwa nilai heterosigositas menggambarkan tingkat keragaman genetik yang moderat dari kedua populasi yang diamati yaitu $0,33\pm 0,14$ (Gunung Tujuh) dan $0,35\pm 0,14$ (Gunung Kerinci). Jarak genetik antara kedua populasi juga menunjukkan nilai sedang (0,097) dan nilai similaritis struktur genetik (0,908) menunjukkan ada variasi struktur genetiknya pada tingkat sedang. Hasil penelitian ini menunjukkan bahwa kedua populasi tersebut, meskipun secara geografi cukup dekat namun memiliki variasi struktur genetik pada tingkat sedang. Upaya konservasi genetik untuk jenis *Taxus* kedepan bisa menambahkan jumlah individu dari kedua lokasi dan memisahkannya sebagai dua populasi yang berbeda.

Kata kunci: DNA kambium, genetika populasi, konservasi genetik

I. PENDAHULUAN

Indonesia sebagai negara mega-biodiversitas memiliki banyak potensi jenis flora dan fauna yang memiliki banyak manfaat

terutama bagi kehidupan manusia. Sumber biofarmasi merupakan salah satu potensi dan manfaatnya yang paling banyak dibutuhkan. Dalam bidang biofarmasi *taxus* dikenal sebagai

tumbuhan yang mengandung *taxane diterpenoid* atau *paclitaxel (taxol)* yang bersifat anti kanker (Farr, 2008; Malik et al., 2011; Shen et al., 2002, 2005). Pengobatan seorang pasien kanker membutuhkan taxol sebanyak 2 – 2,5 gr kebutuhan tersebut setara dengan 6-8 pohon taxus (Malik et al., 2011).

Kanker menjadi penyebab kematian ketiga terbanyak setelah jantung dan stroke di Indonesia (Kemkes RI, 2020), dengan penambahan kasus baru sebanyak 400 ribu dan jumlah kematian mencapai 230 ribu pada tahun 2020 (Anonim, 2021). Adapun di seluruh dunia jumlah penderita kanker pada tahun 2020 mencapai 19,3 juta kasus dan angka kematian hingga 10 juta orang (Syarif, 2021). Peningkatan jumlah penderita kanker menyebabkan kebutuhan obat yang terus meningkat. Untuk memenuhi kebutuhan taxol di pasar yang tinggi maka eksploitasi *Taxus* yang berlebihan membuat populasinya telah menurun secara drastis (Iqbal et al., 2020; Nimasow, 2015), termasuk jenis *Taxus sumatrana* yang ada di Indonesia (Sunandar et al., 2019). Penurunan populasi taxus di dunia menjadi salah satu alasan dimasukkannya genus ini dalam Appendix II Cites dan IUCN Redlist, dalam status *near threatened* (NT) untuk jenis *T. brevifolia* (Thomas, 2013a), *vulnerable* (VU) untuk jenis *T. mairei* (Yang et al., 2013), status *endangered* (EN) untuk *T. globosa* (Thomas, 2013c), *T. chinensis* (Thomas et al., 2013), *T. wallichiana* (Thomas & Farjon, 2011), dan *T. contorta* (Thomas, 2011) hingga pada status *critically endangered* (CR) untuk jenis *T. floridana* (Spector et al., 2011). Sedangkan jenis yang masuk dalam daftar *least concern* (LC) pada IUCN Redlist yaitu *T. baccata* (Farjon, 2013), *T. canadensis* (Thomas, 2013b) dan *T. cuspidata* (Katsuki & Luscombe, 2013). Adapun *T. sumatrana* dan *T. yunnanensis* dalam IUCN Redlist dimasukkan dalam kategori *endangered* sebagai sinonim dari jenis *T. wallichiana* (Thomas & Farjon, 2011), meskipun berdasarkan pengamatan karakter

morfologi (Spjut, 2007) maupun karakter molekuler (Liu et al., 2011) telah memisahkan *T. sumatrana* dari *T. wallichiana*. Untuk melindungi *T. sumatrana* dari kepunahan maka Negara Indonesia telah melakukan upaya melindungi jenis ini melalui peraturan Menteri Lingkungan Hidup dan Kehutanan nomor 06/MENLHK/SETJEN/KUM.1/12/2018 tentang jenis tumbuhan dan satwa yang dilindungi. Upaya melindungi *T. sumatrana* dari kepunahan juga telah dilakukan dengan penanaman atau membangun kebun konservasi *ex-situ* menggunakan beberapa materi yang dikumpulkan dari beberapa populasi alam di Sumatra (Novriyanti et al., 2020). Kegiatan konservasi tersebut telah dilakukan oleh beberapa instansi seperti Kebun Raya Cibodas (Puspitasari, 2021), Balai Penelitian dan Pengembangan Teknologi Serat Tanaman Hutan (BP2TSTH) Kuok (Frianto, 2021) dan Balai Penelitian dan Pengembangan Lingkungan Hidup dan Kehutanan (BP2LHK) Aek Nauli (Sunandar, 2019).

Taxus sumatrana merupakan tumbuhan yang memiliki pola penyebaran secara berkelompok. Pada penelitian sebelumnya, dua populasi *T. sumatrana* di Jambi, diketahui kerapatannya sebesar 10 pohon/ha di Gunung Tujuh (Frianto & Novriyanti, 2016) dan 19 pohon/ha di Gunung Kerinci (Frianto & Novriyanti, 2017). Populasi *T. sumatrana* di Gunung Kerinci pada tingkat pohon lebih mendominasi jika dibandingkan dengan populasi permudaannya (Frianto & Novriyanti, 2017). Pola penyebaran dan kerapatan merupakan gambaran kondisi tumbuhan secara alami di alam, dan status keberadaannya digambarkan dengan adanya tingkat keanekaragaman dalam suatu populasi maupun antar populasi. Keanekaragaman yang tinggi menunjukkan bahwa populasi tersebut memiliki kemampuan beradaptasi yang baik dengan lingkungannya (Rachmat, 2008). Oleh karena itu informasi keragaman genetik suatu jenis tumbuhan yang terancam punah diperlukan

dalam penanaman kembali baik ke habitat asli maupun habitat yang baru (Ellstrand & Elam, 1993; Schäfer et al., 2020).

Keragaman genetik suatu jenis tanaman dapat dipelajari dengan berbagai macam metode, salah satu penanda molekuler yang sering digunakan adalah *Random Amplified Polymorphism DNA* (RAPD). Penanda molekuler dengan RAPD sering digunakan dalam menganalisis keanekaragaman karena lebih cepat memberikan hasil, lebih mudah, biaya lebih murah, menghasilkan polimorfisme pita DNA dalam jumlah banyak dan tidak menunjukkan hasil yang jauh berbeda dibandingkan dengan penanda mikrosatelit dalam hal ketidakstabilan terhadap perubahan kondisi reaksi PCR (Weising et al., 1995). Penanda RAPD telah banyak digunakan untuk mempelajari keragaman genetik jenis-jenis tumbuhan langka atau terancam punah, misalnya pada jenis ulin (Nurtjahjaningsih et al., 2017), kayu kuku (Nurtjahjaningsih et al., 2019) dan cendana (Poerba et al., 2007; Rimbawanto et al., 2006). Informasi keragaman genetik yang dipelajari menggunakan berbagai macam penanda termasuk penanda RAPD dapat digunakan sebagai dasar bagi upaya penyusunan rencana penyelamatan jenis-jenis yang terancam punah misalnya untuk memilih individu atau populasi yang akan digunakan dalam konservasi khususnya *ex-situ* atau penanaman kembali (Ellstrand & Elam, 1993) dan juga untuk program pemuliaan nantinya seperti yang dilakukan pada cendana (Haryjanto, 2016).

Penelitian ini bertujuan untuk mendapatkan informasi keragaman genetik di dalam dan antar populasi *T. sumatrana* di Kabupaten Kerinci, Provinsi Jambi. Hasil penelitian ini diharapkan dapat menjadi informasi dasar bagi kegiatan penelitian mengenai potensi genetik *T. sumatrana* di Indonesia yang akan bermanfaat dalam program konservasi maupun pengembangan jenis ini sebagai bahan obat kanker.

II. BAHAN DAN METODE

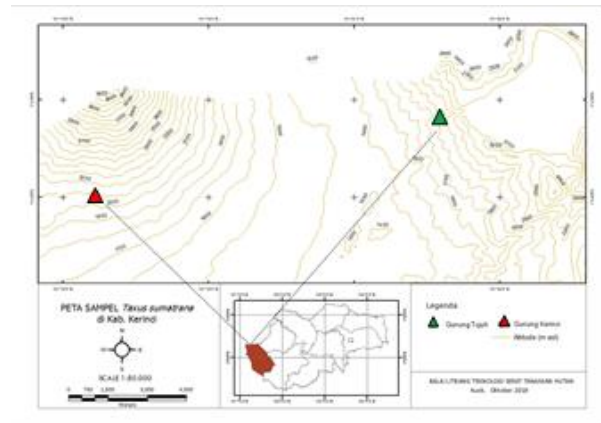
A. Tempat dan waktu

Penelitian ini dilaksanakan di Laboratorium Genetika Molekuler, Balai Besar Penelitian dan Pengembangan Bioteknologi dan Pemuliaan Tanaman Hutan, Yogyakarta.

B. Bahan dan alat penelitian

Sampel materi genetik yang digunakan dalam penelitian ini berasal dari kambium sebanyak 44 sampel yang berasal dari populasi Gunung Kerinci dan Gunung Tujuh Kabupaten Kerinci, Provinsi Jambi (Gambar 1).

Bahan untuk melakukan ekstraksi DNA terdiri dari buffer ekstraksi *Cetyl trimethyl ammonium bromide* (CTAB) dan *purified sterile distilled* (psd) H₂O; kloroform; sodium asetat (NaOAc); isopropanol; etanol 70% dan 100% (dingin). Bahan untuk presipitasi DNA terdiri dari isopropanol, etanol 70% dan 100% (dingin), psd H₂O, sodium asetat (NaOAc).



Gambar 1. Peta lokasi pengambilan sampel *Taxus sumatrana* di Gunung Tujuh (segitiga hijau) dan di Gunung Kerinci (segitiga merah) di Kabupaten Kerinci.

Bahan untuk pembuatan gel agarose adalah psd H₂O, 20X TBE, agarose dan etidium bromida. Bahan untuk PCR yang digunakan adalah DNA, psd H₂O, es batu, KAPA Taq *Extra HotStart DNA Polymerase* (KK 3504), 5x KAPA Taq *HotStart Buffer* (KK 1508), dNTPs, MgCl₂, dan 12 primer RAPD (Operon RAPD 10-mer Kit) yang digunakan pada proses seleksi penanda RAPD menggunakan 8 sampel yang mewakili dua populasi yang akan diamati.

Primer yang memberikan amplifikasi DNA terbaik, digunakan dalam proses PCR RAPD selanjutnya, menggunakan semua sampel (44) dari dua populasi yang dipelajari.

C. Ekstraksi dan amplifikasi DNA

Proses ekstraksi DNA dilakukan dengan metode CTAB (Murray & Thompson, 1980) yang dimodifikasi oleh Shiraishi dan Watanabe (Shiraishi & Watanabe, 1995), menggunakan alat *Mini beadbeater-8*. Setelah proses ekstraksi selesai maka dilanjutkan purifikasi DNA dengan re-presipitasi. Selanjutnya dilakukan penghitungan DNA hasil purifikasi dengan menggunakan *NanoVue* (GE Healthcare). Proses reaksi PCR DNA diawali dengan melarutkan DNA hingga konsentrasi mencapai 2,5 ng DNA/ μ l untuk digunakan sebagai *template* DNA pada proses amplifikasi.

Mesin PCR system 9700 (Applied Biosystem) digunakan untuk proses PCR dengan volume total 10 μ l/sampel. Reaksi PCR terdiri dari tiga tahap. Pertama, tahap denaturasi DNA cetakan; kedua, tahap penempelan primer (*primer annealing*), dan yang ketiga, pemanjangan (*extension*). Tahapan reaksi PCR dapat dilihat pada Tabel 1.

Tabel 1. Tahapan reaksi PCR untuk analisis RAPD *Taxus sumatrana*.

Tahapan reaksi PCR	Suhu	Waktu (detik)	Keterangan
Pemanasan awal	94°C	3	
Inkubasi	95°C	60	} 45 Siklus
Denaturasi	94°C	30	
Penempelan	37°C	30	
Pemanjangan	72°C	90	
Pemanjangan akhir	72°C	300	
Penyimpanan	4°C	-	

Hasil amplifikasi PCR dielektroforesis pada 1,25% gel agarose, 20X TBE buffer dan 0,5% Etidium bromida 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

Hasil foto pita RAPD diubah menjadi data biner, yaitu dengan memberikan skor dengan nilai 1 (satu) bila terdapat pita DNA dan 0 bila tidak terdapat pita pada lokus yang sama dari setiap individu yang dibandingkan. Data biner yang dihasilkan dari *scoring* pita hasil amplifikasi DNA digunakan dalam analisis POPGENE 1.32 (Yeh et al., 1999) untuk menghitung parameter keragaman genetik dalam populasi maupun antar populasi. Parameter keragaman genetik yang digunakan adalah: Persentase Lokus Polimorfik (%P), keragaman genetic Nei-s/Heterogozitas harapan, nilai GST serta alel privat dan ukuran alel privat. Analisis AMOVA (*analysis molecular varians*), dilakukan untuk mengetahui perbedaan antar individu maupun antar populasi. Analisis PCoA (*Principal Coordinate Analysis*) untuk menggambarkan distribusi individu/ populasi berdasarkan matrik jarak genetik (DA). Analisis AMOVA dan PCoA dihitung menggunakan program GeneA1Ex 6.5 (Peakall and Smouse, 2012).

III. HASIL DAN PEMBAHASAN

A. Seleksi primer RAPD

Sebanyak 12 primer RAPD dipergunakan dalam tahapan seleksi namun hanya 9 primer stabil dan memberikan alel polimorfik yang digunakan dalam analisis keragaman genetik populasi (Tabel 2). Jumlah alel polimorfik dari 9 primer RAPD yang didapatkan pada penelitian ini cukup besar yaitu sebanyak 104 alel polimorfik. Setiap primer RAPD menghasilkan 10-13 alel polimorfik, dengan rata-rata 11,5 alel (Gambar 1). Jumlah alel polimorfik pada *T. sumatrana* yang dihasilkan pada penelitian ini lebih besar dibandingkan pada penelitian yang telah dilakukan sebelumnya yang mendapatkan rata-rata alel polimorfik dengan penggunaan 6 primer RAPD yang menghasilkan 48 alel atau rata-rata 8 alel (Rachmat, 2008). Jumlah alel polimorfik yang melimpah yang teramati pada penelitian ini juga

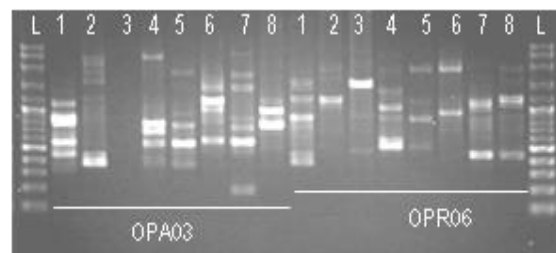
teramati pada jenis *Taxus* lain, misalnya pada *T. fuana* (sinonim *T. contorta*) yang menghasilkan rata-rata 10,3 alel polimorfik dari 16 primer (Shah et al., 2008), pada *T. baccata* menghasilkan rata-rata 15,8 alel polimorfik yang didapatkan dari 9 primer (Zarek, 2009) dan bahkan mencapai rata-rata 20 alel polimorfik per primer dari 10 primer RAPD yang digunakan pada tiga jenis *Taxus* yang berbeda (Collins et al., 2003). Jumlah alel polimorfik yang lebih rendah dihasilkan dapat juga dihasilkan oleh penanda RAPD yang diaplikasikan pada beberapa jenis *Taxus* yang lain misalnya *T. cuspidata* yang mendapatkan rata-rata 7,3 alel polimorfik dari 6 primer yang digunakan (Park et al., 2012), dan bahkan hanya 3,2 alel polimorfik dari 6 primer yang digunakan pada *T. wallichiana* (Mohapatra et al., 2009).

Tabel 2. Daftar primer RAPD dan jumlah alel polimorfik (JAP) yang dihasilkan oleh setiap primer

Primer	JAP	Ukuran alel polimorfik (bp)
OPA01	11	1350, 1300, 1200, 1150, 1100, 1050, 1000, 950, 900, 700, 600
OPA03	12	1400, 1370, 1300, 1200, 1150, 1100, 1050, 1000, 900, 800, 750, 700
OPA08	12	1300, 1270, 1250, 1200, 1170, 1100, 1000, 900, 800, 700, 600, 500
OPA15	12	1200, 1100, 1050, 1000, 900, 850, 750, 700, 650, 600, 550, 500
OPA19	10	1200, 1000, 900, 850, 800, 750, 700, 650, 600, 590
OPR01	13	1300, 1200, 1100, 1000, 900, 800, 750, 700, 600, 550, 520, 500, 400
OPR03	11	1300, 1200, 1100, 1000, 900, 800, 700, 550, 500, 450, 400
OPR04	11	1400, 1250, 1200, 1100, 1000, 950, 900, 850, 800, 650, 620
OPR06	12	1400, 1300, 1200, 1100, 1000, 900, 840, 750, 700, 600, 540, 500

Variasi jumlah alel polimorfik yang dihasilkan oleh primer RAPD juga teramati pada jenis konifer yang lain. Penggunaan 23 primer RAPD pada *Araucaria cunninghamii* mendapatkan rata-rata 3 alel polimorfik (Widyatmoko et al., 2010), dengan rata-rata 9 alel polimorfik yang dihasilkan oleh 7 primer pada *Pinus nigra* (Cengel, 2005), hingga rata-

rata 22 alel polimorfik pada *Pinus merkusii* menggunakan 10 primer RAPD (Gusmiaty et al., 2016).



Gambar 2. Pola pita yang dihasilkan dari amplifikasi oleh primer OPA03 dan OPR06 pada 8 individu *Taxus* pada proses seleksi primer RAPD.

Variasi jumlah alel polimorfik yang dihasilkan oleh setiap jenis tumbuhan lebih banyak dipengaruhi oleh jenis primer RAPD yang digunakan dalam pengamatan keragaman genetik. Hal ini sesuai dengan penelitian yang telah dilakukan oleh Williams et al. (1990), bahwa perubahan susunan nukleotida pada primer RAPD pada sampel yang sama akan mempengaruhi pola amplifikasi DNA sehingga akan mempengaruhi alel polimorfik yang teramati. Demikian juga penanda RAPD yang sama akan memberikan pola amplifikasi DNA yang berbeda pada jenis atau individu yang berbeda.

B. Keragaman genetik *Taxus*

Berdasarkan data alel frekuensi, ditemukan 7 dan 2 alel privat masing-masing untuk populasi Gunung Tujuh dan Gunung Kerinci. Alel privat merupakan alel yang mencirikan suatu populasi dan merupakan sumber alel untuk menjaga keragaman genetik suatu populasi (Stojnic et al., 2019).

Keragaman genetik *Taxus* dilihat dari heterosigositas (HE) menunjukkan nilai yang hampir sama (Tabel 3) antara keragaman genetik rata-rata seluruh individu sebesar $0,37 \pm 0,11$, maupun keragaman genetik rata-rata per populasi, yaitu sebesar $0,33 \pm 0,14$ (Gunung Tujuh) dan $0,35 \pm 0,14$ (Gunung Kerinci). Keragaman genetik *Taxus* di Gunung Kerinci sedikit lebih tinggi dibandingkan Gunung Tujuh, hal ini mungkin disebabkan oleh jumlah

pohon dalam populasi alami lebih banyak yaitu dengan kerapatan pohon sebesar 19,10 pohon/ha di Gunung Kerinci yang didominasi oleh pohon-pohon besar (Frianto & Novriyanti, 2017), sedangkan kerapatan pohon di Gunung Tujuh sebesar 10 pohon / ha yang didominasi oleh pohon berukuran kecil dan anakan (Frianto & Novriyanti, 2016). Kedua populasi memiliki tipe vegetasi yang berkelompok sehingga keduanya merupakan tipe vegetasi yang terfragmentasi.

Tabel 3. Parameter keragaman genetik yang dihasilkan dari dua populasi Taxus

Populasi	N	Alel privat	Lokus / ukuran alel privat (bp)	HE	%P
Gunung Tujuh	23	7	OPA01/700; OPA15/1100; OPA15/850; OPA15/650; OPR04/950; OPR06/600; OPR06/540	0,33 ± 0,14	98,08
Gunung Kerinci	21	2	OPR01/520; OPR03/400	0,35 ± 0,14	93,27
Total	44			0,37 ± 0,11	100

Keragaman genetik Taxus yang teramati pada penelitian ini menunjukkan nilai yang lebih tinggi jika dibandingkan dengan pengamatan sebelumnya pada populasi yang berbeda yang mendapatkan nilai heterosigositas rata-rata per populasi sebesar 0,24 dan nilai heterosigositas rata-rata seluruh individu sebesar 0,33 (Rachmat, 2008). Jika dibandingkan dengan jenis Taxus yang lain keragaman genetik *T. sumatrana* lebih tinggi daripada *T. cuspidata* (H= 0,18) dari 6 populasi di Korea Selatan (Park et al., 2012), *T. wallichiana* (H=0,31) dari 9 populasi di daerah pegunungan Himalaya (Mohapatra et al., 2009), *T. fuana* (H= 0,28) dari 10 populasi di Pakistan (Shah et al., 2008).

Analisa AMOVA (Tabel 4), menunjukkan bahwa 90% variasi genetik berasal dari perbedaan individu didalam populasi dan 10% variasi genetik berasal dari perbedaan populasi dan nilainya nyata (*P-value*

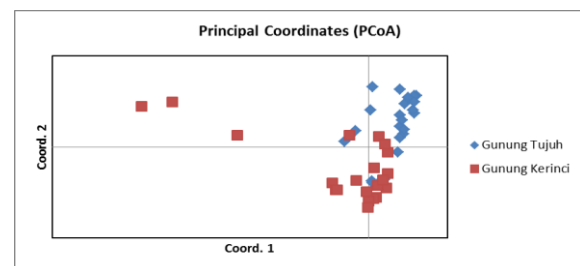
< 0,01). Jarak genetik antara kedua populasi adalah sebesar 0,097 menunjukkan nilai jarak genetik yang sedang dan nilai similaritas sebesar 0.908 menunjukkan adanya variasi genetik antara kedua populasi tersebut dalam tingkatan sedang. Analisa PCoA menunjukkan bahwa individu-individu *T. sumatrana* terbagi dalam dua kelompok, yaitu kelompok populasi Gunung Tujuh dan kelompok populasi Gunung Kerinci, meskipun terdapat beberapa individu dari populasi Gunung Kerinci yang berada di luar kelompok tersebut. Beberapa individu dari kedua populasi tersebut juga memiliki kedekatan genetik dengan individu dari kelompok lain, sehingga diduga terdapat aliran genetik/*geneflow* dari kedua populasi Taxus tersebut.

Tabel 4. Amova keragaman genetik dua populasi *T. sumatrana* menggunakan GenAIEx.

Sumber variasi	db	SS	MS	Variasi (%)	p-value
Antar populasi	1	75,12	75,12	10 **	0,01
Antar individu	42	938,94	22,36	90 **	0,01
Total	43	1014,07		100	

Keterangan: db: derajat bebas; SS: jumlah kuadrat; MS: rerata kuadrat; ** signifikan.

Aliran genetik diduga terjadi karena kedua populasi terletak pada jarak geografi yang tidak terlalu jauh, dengan jarak antar puncak sejauh 13,5 km (Gambar 1). Sistem penyerbukan yang dibantu oleh angin serta tipe buah yang banyak disukai burung atau binatang lain (Rachmat, 2008; Susilo, 2015) dapat membantu terjadinya aliran gen antar populasi.



Gambar 3. PCoA terhadap 44 individu *T. sumatrana* dari 2 populasi yang ada di Jambi.

Kegiatan konservasi *T. sumatrana* telah dimulai dengan baik dengan penanaman pada beberapa wilayah di Sumatra serta dengan pembangunan konsevasi *ex-situ* menggunakan materi genetik yang masih dapat ditemukan pada populasi alami di beberapa wilayah Sumatra, termasuk materi genetik yang digunakan dalam penelitian ini. Kendala yang dihadapi dalam regenerasi alami *T. sumatrana* disebabkan oleh tipe bunga berumah dua (*dioecious*) (Kalima & Susilo, 2019) dimana bunga jantan dan betina dimiliki oleh dua individu yang berbeda, terbatasnya jumlah individu berbunga betina dan biji yang sulit berkecambah, menyebabkan sedikitnya jumlah anakan pada populasi alaminya (Susilo, 2015). Oleh karena itu pembiakan vegetatif terhadap individu-individu pohon *Taxus* yang masih ada pada populasi alaminya untuk penanaman kembali atau untuk konservasi *ex-situ* perlu dilakukan. Beberapa penelitian telah dilakukan untuk menemukan metode yang tepat dalam pembiakan vegetatif *Taxus* (Rachmat et al., 2010; Susilowati et al., 2019), dan mendapatkan tingkat keberhasilan pertumbuhan akar yang bervariasi antara 30% (Susilowati et al., 2019), hingga 67% (Rachmat et al., 2010). Penelitian ini masih perlu ditingkatkan untuk mendapatkan tingkat keberhasilan yang lebih tinggi.

Habitat alami jenis ini adalah pegunungan dengan ketinggian diatas 800 m, berkelompok pada lereng-lereng dengan kemiringan hingga 58°. Pada beberapa kegiatan eksplorasi yang dimulai dari tahun 2012-2014, *T. sumatrana* ditemukan di atas ketinggian 1300-2800 m diatas permukaan laut (dpl) pada beberapa lokasi dalam jumlah yang sangat sedikit (7-19 pohon) (Susilo, 2015). Adapun penyebaran jenis *Taxus* pada populasi alami ditemukan secara berkelompok pada punggung bukit, lereng terjal dengan kemiringan hingga 58° dan di tepi jurang (Frianto & Novriyanti, 2016, 2017; Susilo, 2015). Kondisi habitat alami *Taxus* tersebut dapat menjadi acuan bagi pemilihan lokasi bagi upaya penanaman kembali di luar

populasi alaminya, untuk mendapatkan tingkat hidup yang lebih tinggi.

Berdasarkan hasil penelitian ini, upaya konservasi genetik untuk *T. sumatrana* kedepan dapat dilakukan dengan melibatkan lebih banyak individu-individu yang masih terdapat pada kedua populasi tersebut. Ditemukannya alel spesifik pada populasi Gunung Tujuh dan Gunung Kerinci, dapat menjadi pertimbangan agar keduanya tetap dipisahkan atau diperlakukan sebagai dua populasi yang berbeda. Adapun upaya eksplorasi materi genetik dari wilayah lain (wilayah Sumatera bagian Utara dan Selatan) masih perlu dilakukan.

IV. KESIMPULAN

Keragaman genetik *T. sumatrana* di Jambi masih dalam kategori sedang. Struktur genetik berdasarkan penanda RAPD dari dua populasi yaitu Gunung Tujuh dan Gunung Kerinci menunjukkan adanya kemiripan namun ditemukan alel-alel spesifik dari kedua populasi tersebut, sehingga kedua populasi tersebut perlu dibedakan.

UCAPAN TERIMAKASIH

Kegiatan penelitian ini merupakan bagian dari kegiatan penelitian bersama yang dibiayai oleh proyek International Tropical Timber Organization (ITTO) PD. 710/13.Rev.1 (F). Kegiatan pengambilan sampel di lapangan dilakukan oleh tim eksplorasi dari BPTSTH Kuok Riau. Terimakasih kepada tim peneliti dan teknisi di Laboratorium Genetika Molekular BBPPBPTH Purwobinangun Sleman yang telah memberikan bantuan teknis di laboratorium.

DAFTAR PUSTAKA

- Anonim. (2021). Data WHO: Kanker Sebabkan 230 Ribu Kematian di Indonesia. *Www.Gatra.Com*.
- Cengel, B. (2005). *Genetic characterization of Pinus nigra subspecies pallasiana varieties, natural populations (seed stands), seed orchards and plantations* (Issue 1). Middle East Technical University.

- Collins, D., Mill, R. R., & Moller, M. (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), 175–182.
- Ellstrand, N. C., & Elam, D. R. (1993). Population genetic consequences of small population size: Implications for plant conservation. *Annual Review of Ecology and Systematics*, 24, 217–242.
<https://doi.org/10.1146/annurev.es.24.110193.001245>
- Farjon. (2013). *Taxus baccata*, Common Yew. In *The IUCN Red List of Threatened Species*.
- Farr, K. (2008). *Genus-level approach to taxus species*. 1–21.
- Frianto, D. (2021). Visi besar dari langkah awal Kampung Taxus. *Kabaralam.Com*.
- Frianto, D., & Novriyanti, E. (2016). *Pola penyebaran dan potensi kerapatan Taxus sumatrana di Gunung Tujuh, Kabupaten Kerinci, Jambi*. 2, 12–15.
<https://doi.org/10.13057/psnmbi/m020103>
- Frianto, D., & Novriyanti, E. (2017). Eksplorasi potensi *Taxus sumatrana* di Gunung Kerinci, Sumatera. *Seminar Nasional Masyarakat Biodiversitas Indonesia*, 3, 471–475.
<https://doi.org/10.13057/psnmbi/m030329>
- Gusmiaty, Restu, M., Asrianny, & Larekeng, S. (2016). Polimorfisme penanda RAPD untuk analisis keragaman genetik *Pinus merkusii* di Hutan Pendidikan Unhas. *Jurnal Natur Indonesia*, 16(2), 47–53.
<https://doi.org/10.31258/jnat.16.2.47-53>
- Haryjanto, L. (2016). Dukungan konservasi sumberdaya genetik Cendana (*Santalum album* Linn) pada program pemuliaan genetik. *Seminar Nasional Pendidikan Biologi Dan Sainstek II*, 258–263.
- Iqbal, J., Meilan, R., & Khan, B. (2020). Assessment of risk, extinction, and threats to Himalayan yew in Pakistan. *Saudi Journal of Biological Sciences*, 27(2), 762–767.
<https://doi.org/10.1016/j.sjbs.2019.12.033>
- Kalima, T., & Susilo, A. (2019). Habitat Characteristic of *Taxus sumatrana* (Miquel) de Laub in The Kerinci Seblat National Park. *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science*, 391(1).
<https://doi.org/10.1088/1755-1315/391/1/012068>
- Katsuki, T., & Luscombe, D. (2013). *Taxus cuspidata*, Japanese Yew. *The IUCN Red List of Threatened Species*, 1–10.
- Kemkes RI. (2020). *Jenis Kanker ini Rentan Menyerang Manusia*.
- Liu, J., Möller, M., Gao, L. M., Zhang, D. Q., & Li, D. Z. (2011). DNA barcoding for the discrimination of Eurasian yews (*Taxus* L., Taxaceae) and the discovery of cryptic species. *Molecular Ecology Resources*, 11(1), :89-100.
<https://doi.org/10.1111/j.1755-0998.2010.02907.x>
- Malik, S., Cusido, R., & Mirjalili, M. (2011). Review: Production of the anticancer drug taxol in *Taxus baccata* suspension cultures. *Process Biochem*, 46, 23–34.
- Mohapatra, K. P., Sehgal, R. N., Sharma, R. K., & Mohapatra, T. (2009). Genetic analysis and conservation of endangered medicinal tree species *Taxus wallichiana* in the Himalayan region. *New Forests*, 37(2), 109–121.
<https://doi.org/10.1007/s11056-008-9112-9>
- Murray, M. G., & Thompson, W. F. (1980). Rapid isolation of high molecular weight plant DNA. *Nucleic Acids Research*, 8(19), 4321–4325.
- Nimasow, G. (2015). Vanishing *Taxus baccata* L. due to unsustainable exploitation and climate change in West Kameng and Tawang Districts of Arunachal Pradesh. *Earth Sciences*, 4(3), 11.
<https://doi.org/10.11648/j.earth.s.2015040301.12>
- Novriyanti, E., Wahyudi, A., & Frianto, D. (2020). Hindari Kelangkaan, Perlu Pemanfaatan Lestari Cemara Sumatra. *Www.Menlhk.Go.Id*.
- Nurtjahjaningsih, I., Sukartiningsih, Saranti, A., Sulistyawati, P., & Rimbawanto, A. (2017). Kekerabatan genetik anakan alam ulin (*Eusideroxylon zwageri* TEIJSM. & BINN.) menggunakan penanda Random Amplified Polymorphism DNA. *Jurnal Pemuliaan Tanaman Hutan*, 11(1), 25–31.
- Nurtjahjaningsih, I., Widyatmoko, A. Y. P. B. C., & Rimbawanto, A. (2019). Keragaman genetik populasi kayu kuku (*Pericopsis mooniana* (Thwaites) Thwaites) di hutan Lamedai berdasarkan penanda RAPD. *Jurnal Pemuliaan Tanaman Hutan*, 13(1), 25–32.
- Park, S., An, J., Park, J., Choo, G., Ngondya, I., Ibrahim, R., & Shim, S. (2012). Genetic diversity in six natural populations of *Taxus cuspidata* from Baekdu trail and Jeju Island in South Korea analyzed by RAPD-DNA markers. *Forest Science and Technology*, 8(4), 210–214.

- <https://doi.org/10.1080/21580103.2012.750795>
- Poerba, Y. S., Wawo, A. H., & Yulita, K. S. (2007). Keragaman fenotipe RAPD *Santalum album* L. di pulau Timor bagian Timur. *Berita Biologi*, 8(6), 537–546.
- Puspitasari, D. N. (2021). Upaya konservasi tumbuhan anti kanker yang terancam punah. <https://Krcibodas.Lipi.Go.Id/>.
- Rachmat, H. H. (2008). *Variasi genetik dan teknik perbanyakan vegetatif Cemara Sumatra (Taxus sumatrana)*. Institut Pertanian Bogor.
- Rachmat, H. H., Subiakto, A., Siregar, I. Z., & Supriyanto, S. (2010). Uji pertumbuhan stek cemara sumatra *Taxus sumatrana* (Miquel) de Laub. *Jurnal Penelitian Hutan Dan Konservasi Alam*, 7(3), 289–298. <https://doi.org/10.20886/jphka.2010.7.3.289-298>
- Rimbawanto, A., Widyatmoko, A. Y. P. B. C., & Sulistyawati, P. (2006). Distribusi keragaman genetik populasi *Santalum album* berdasarkan penanda RAPD. *Jurnal Penelitian Hutan Tanaman*, 3(3), 175–181.
- Schäfer, D., Vincent, H., Fischer, M., & Kempel, A. (2020). The importance of genetic diversity for the translocation of eight threatened plant species into the wild. *Global Ecology and Conservation*, 24. <https://doi.org/10.1016/j.gecco.2020.e01240>
- Shah, A., Li, D. Z., Gao, L. M., Li, H. T., & Möller, M. (2008). Genetic diversity within and among populations of the endangered species *Taxus fuana* (Taxaceae) from Pakistan and implications for its conservation. *Biochemical Systematics and Ecology*, 36(3), 183–193. <https://doi.org/10.1016/j.bse.2007.09.012>
- Shen, Y. C., Hsu, S. M., Lin, Y. S., Cheng, K. C., Chien, C. T., Chou, C. H., & Cheng, Y. B. (2005). Three new taxane diterpenoids from *Taxus sumatrana*. *Chemical and Pharmaceutical Bulletin*, 53(7), 808–810. <https://doi.org/10.1248/cpb.53.808>
- Shen, Y. C., Wang, S. S., Pan, Y. L., Lo, K. L., Chakraborty, R., Chien, C. T., Kuo, Y. H., & Lin, Y. C. (2002). New taxane diterpenoids from the leaves and twigs of *Taxus sumatrana*. *Journal of Natural Products*, 65(12), 1848–1852. <https://doi.org/10.1021/np0202273>
- Shiraishi, S., & Watanabe, A. (1995). Identifikasi of chloroplast genome between *Pinus densiflora* Sieb et Zucc and *P. thumbergii* Parl based on the polymorphism in rbct gene. *Journal of Japanese Forestry Society*, 77, 429–436.
- Spector, T., Thomas, P., & Determann, R. (2011). *Taxus floridana*, Florida Yew. In *The IUCN Red List of Threatened Species*.
- Spjut, R. W. (2007). Taxonomy and nomenclature of Taxus (Taxaceae). *Journal of the Botanical Research Institute of Texas*, 1(1), 203–289.
- Stojnic, S., Avramidou, E. V., Fussi, B., Westergren, M., Orlovic, S., Matovic, B., Trudic, B., Kraigher, H., Aravanopoulos, F. A., & Konnert, M. (2019). Assessment of Genetic Diversity and Population Genetic Structure of Norway Spruce (*Picea abies* (L.) Karsten) at Its Southern Lineage in Europe. Implications for Conservation of Forest Genetic Resources. *Forest*, 10(3), 258. <https://doi.org/10.3390/f10030258>
- Sunandar, A. (2019). Menyelamatkan yang tersisa: *Taxus sumatrana*, pohon obat yang terancam punah. <http://Aeknauli.Org/>.
- Sunandar, A., Barus, S. P., Kuswanda, W., & Saputra, M. (2019). Vegetation diversity and conservation implications on habitat of *Taxus sumatrana* Miq. de Laub in Northern Sumatra. *International Conference on Natural Resources and Technology (ICONART2019)*, 365–371. <https://doi.org/10.5220/0008554603650371>
- Susilo, A. (2015). *Taxus sumatrana*: Sebaran, potensi dan strategi konservasi. *Penguatan Apresiasi Dan Kesadaran Konservasi Jenis Kayu Lokal Sumatra Bernilai Tinggi*, 30–40.
- Susilowati, A., Rachmat, H. H., Kholibrina, C. R., Hartini, K. S., & Rambe, H. A. (2019). Propagation for conserving endangered taxol producing tree *Taxus sumatrana* through shoot cuttings technique. *Journal of Physics: Conference Series*, 1282(1). <https://doi.org/10.1088/1742-6596/1282/1/012110>
- Syarief, I. S. (2021). 19,3 Juta Orang di Dunia Menderita Kanker, Paling Banyak Kanker Payudara. www.Suarasurabaya.Net.
- Thomas, P. (2011). *Taxus contorta*, West Himalayan Yew. In *The IUCN Red List of Threatened Species*.
- Thomas, P. (2013a). *Taxus brevifolia*, Pacific Yew. In *The IUCN Red List of Threatened Species*.
- Thomas, P. (2013b). *Taxus canadensis*, Canadian Yew. In *The IUCN Red List of Threatened Species*.
- Thomas, P. (2013c). *Taxus globosa*, Mesoamerican Yew. In *The IUCN Red List of Threatened Species*.

- Thomas, P., & Farjon, A. (2011). *Taxus wallichiana*, East Himalayan Yew. In The IUCN Red List of Threatened Species.
- Thomas, P., Li, N., & Christian, T. (2013). *Taxus chinensis*, Chinese Yew. In The IUCN Red List of Threatened Species.
- Weising, K., Atkinson, R. G., & Gardner, R. C. (1995). Genomic fingerprinting by microsatellite primed PCR: A critical evaluation. *PCR Methods and Applications*, 4(5), 249–255. <https://doi.org/10.1101/gr.4.5.249>
- Widyatmoko, A., Lejo, E., Prasetyaningsih, A., & Rimbawanto, A. (2010). Keragaman genetik populasi *Araucaria cunninghamii* menggunakan penanda RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA). *Jurnal Pemuliaan Tanaman Hutan*, 4(2), 63–77.
- Williams, J. G. K., Kubelik, A. R., Livak, K. J., Rafalski, J. A., & Tingey, S. V. (1990). DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. *Nucleic Acids Res*, 18, 6531–6535. <https://doi.org/10.1093/nar/18.22.6531>
- Yang, Y., Christian, T., & Li, N. (2013). *Taxus mairei*, Maire's Yew. In The IUCN Red List of Threatened Species.
- Yeh, F., Rong-cai, Y., Boyle, T., Freeware, M. W., Arunkumar, K. P., Sahu, A. K., Mohanty, A. R., Awasthi, A. K., Pradeep, A. R., Urs, S. R., Nagaraju, J., Rousset, F., Narain, R. B., Lalithambika, S., Kamble, S. T., Qin, Y.-J., Buahom, N., Krosch, M. N., Du, Y., ... Shatters, R. G. (1999). Quick User Guide : POPGENE Version 1.31 Microsoft Window-based Freeware for Population Genetic Analysis. *BMC Microbiology*, 12(1), 39. <https://doi.org/10.1186/1471-2180-12-39>
- Zarek, M. (2009). RAPD analysis of genetic structure in four natural populations of *Taxus baccata* from Southern Poland. *Acta Biologica Cracoviensia Series Botanica*, 51, 67–75.