

VARIASI GENETIK DALAM DAN ANTAR POPULASI MERBAU
(*Intsia bijuga* (Colebr) O. Kuntze) DENGAN ANALISIS ISOZIM

Oleh:

Rifki Masawa Aulia El Halim
Sapto Indrioko

Intisari

Merbau dikenal sebagai jenis yang mempunyai banyak kegunaan. Meskipun demikian ternyata jenis ini belum banyak dikembangkan. Oleh karena itu, perlu dilakukan penelitian lebih lanjut terutama yang berkaitan dengan pengembangannya dalam aspek silvikultur intensif, salah satunya melalui pemuliaan pohon. Kegiatan pemuliaan pohon pada umumnya diawali dengan penelitian tentang variasi genetik untuk menunjang perolehan genetik yang optimal. Penelitian ini bertujuan untuk mempelajari variasi genetik yang terdapat pada populasi alam Merbau.

Penelitian ini menggunakan daun semai Merbau yang dieksplorasi dari populasi alamnya yang terdapat di Papua dan NTT. Pada daerah-daerah tersebut berhasil dikumpulkan sampel dari 4 populasi yaitu populasi Kerom, Manokwari, Atedalo dan Kahale sebanyak 132 sampel untuk dianalisis. Analisis variasi genetik dilakukan dengan isozim menggunakan 12 sistem enzim yaitu: POD, 6-PG, SHD, EST, DIA, ADH, ACP, GDH, MDH, IDH, G2D, GOT.

Hasil penelitian menunjukkan bahwa dari 12 sistem enzim yang digunakan hanya 4 sistem enzim (POD, DIA, EST dan GOT) yang bisa diamati dengan 6 lokus polimorfik (*Pod-1*, *Pod-2*, *Dia-2*, *Est-2*, *Got-1*, *Got-2*). Variasi genetik yang terdapat pada 4 populasi yang diamati cukup tinggi, jumlah lokus polimorfiknya mencapai 100 %, dan rata-rata jumlah alel perlokusnya mencapai 2,883 dengan Heterozigositas Total ($H_T = 0,3950$) dan Heterozigositas Populasi ($H_S = 0,3652$). Data juga menunjukkan bahwa hubungan kekerabatan lebih dekat pada populasi yang terdapat pada satu pulau (Atedalo dengan Kahale, Manokwari dengan Kerom) jika dibandingkan dengan hubungan kekerabatan populasi yang berbeda pulau (Atedalo dengan Kerom, Atedalo dengan Manokwari, Kahale dengan Kerom dan Kahale dengan manokwari).

Kata kunci : Merbau, sistem enzim, variasi genetik, hubungan kekerabatan.

GENETIC VARIATION WITHIN AND AMONG POPULATIONS OF
MERBAU (*Intsia bijuga* (Colebr) O. Kuntze) USING ISOZYME ANALYSIS

By:

Rifki Masawa Aulia El Halim

Sapto Indrioko

Abstract

Merbau has been known as a multiple purposes species. However, this species is not well developed yet. Therefore, it is important to study about the intensive silviculture aspects of this species, including tree improvement. Primarily, tree improvement program is based on the information of genetic variation of the species in order to increase the genetic gain optimally. The purpose of this research was to investigate the genetic variation within and among populations of Merbau.

There was a total of 132 seedlings originated from four natural populations, i.e. Kerom and Manokwari (Papua), Atedalo and Kahale (East Nusa Tenggara). Genetic variation analysis was conducted with isozyme marker using 12 enzyme systems, i.e. POD, 6-PG, SHD, EST, DIA, ADH, ACP, GDH, MDH, IDH, G2D, and GOT.

Out of these 12 enzyme systems, only four enzyme systems could be analyzed, namely POD, DIA, EST, and GOT. There were six polymorphic loci, namely *Pod-1*, *Pod-2*, *Dia-2*, *Est-2*, *Got-1*, and *Got-2*. Genetic variation was relatively high, with 100% polymorphic loci and 2.883 alleles per locus. Total expected heterozygosity (H_T) was 0.3950, and population expected heterozygosity (H_E) was 0.3652. It also showed closer genetic distances of populations within islands (Atedalo–Kahale, and Manokwari–Kerom) in comparison with between islands (Atedalo–Kerom, Atedalo–Manokwari, Kahale–Kerom, and Kahale–Manokwari).

Keywords: Merbau, enzyme system, genetic variation, relationship.