

## Keragaman Genetik, Struktur Populasi, dan Hubungan Kekerbatan *Bambusa* spp. di Pulau Sulawesi dan sekitarnya

Alin Liana

Program Studi Ilmu Biologi, Program Doktor  
Program Pascasarjana, Fakultas Biologi  
Universitas Gadjah Mada

### INTISARI

Bambu merupakan komponen penting bagi hutan dan ekosistem tropis di dunia. Meskipun keberadaan bambu penting secara ekologis dan ekonomis, namun pengetahuan dasar tentang genetika dan taksonomi bambu masih sangat terbatas karena siklus hidup vegetatif bambu yang panjang, yaitu berkisar antara 3-120 tahun. Penelitian ini bertujuan untuk mengkoleksi jenis *Bambusa*, mengidentifikasi keragaman genetik, struktur populasi, dan hubungan kekerabatannya berdasarkan karakter molekular, morfologis, dan anatomis.

Sampel *Bambusa* dikoleksi dari 13 stasiun sampling yang meliputi sembilan stasiun di pulau utama dan empat stasiun di pulau marginal. Hasil eksplorasi diperoleh 47 aksesori *Bambusa* dan lima aksesori yang direkomendasikan sebagai *Bambusa*. Aksesori *Bambusa* yang ditemukan termasuk dalam jenis *Bambusa blumeana*, *B. maculata*, *B. striata*, dan *B. vulgaris*. Aksesori yang direkomendasikan sebagai *Bambusa* merupakan jenis kalaeng ohose, talam batu, dan bulo batti. Kajian molekular dilakukan dengan analisis hasil sekuen daerah ITS rDNA terhadap 15 aksesori dan polimorfisme pita SSR terhadap 10 aksesori. Keragaman genetik yang berupa jumlah haplotipe, keragaman haplotipe, jumlah *site* yang polimorfik, dan keragaman nukleotida dianalisis dengan menggunakan program *DnaSP* 5.10.01. Jarak genetik (*genetic distance*) antar spesies dan populasi diamati dengan menggunakan model *Kimura 2 parameter*. Hubungan filogenetik antar spesies *Bambusa* dianalisis dengan metode *Neighbour Joining* (NJ) menggunakan perangkat lunak MEGA6. Data persentase pita SSR yang polimorfik, keragaman genetik ( $H_E$ ), dan *Shannon diversity index* (S) dianalisis menggunakan *software* POPGENE versi 1.32. Data morfologis rebung, buluh, pelepah buluh, percabangan, dan daun diperoleh melalui pengamatan dan pengukuran langsung di lapangan dan laboratorium. Analisis hubungan kekerabatan fenetik secara morfologis dilakukan terhadap 57 aksesori berdasarkan 36 karakter, sedangkan analisis hubungan kekerabatan fenetik secara anatomis dilakukan terhadap 10 aksesori berdasarkan 23 karakter pada epidermis daun dan buluh yang diamati menggunakan SEM dan LM. Pendekatan fenetik dilakukan

menggunakan analisis kluster dengan metode UPGMA dan PCA, masing-masing menggunakan perangkat lunak MVSP versi 3.1.

Hasil sekuen daerah ITS rDNA menghasilkan tujuh aksesori sekuen ITS Tipe I (fungsional) dan delapan aksesori ITS Tipe III (Pseudogen). Analisis keragaman haplotipe (Hd) dan nukleotida ( $\pi$ ) hasil sekuen ITS Tipe I diperoleh nilai keragaman haplotipe 1,000 dan keragaman nukleotida 0,198. Hasil tersebut menunjukkan tingginya keragaman genetik *Bambusa* yang diteliti. Namun demikian, analisis distribusi haplotipe memperlihatkan terjadi pembentukan haplotipe yang berbeda dan semua lokasi jaringan haplotipe menyebar, sehingga gagal menunjukkan pengelompokan antar lokasi geografis yang berbeda. Analisis polimorfisme SSR terhadap aksesori yang tergolong ITS Tipe I menunjukkan prosentase pita polimorfik 57,14%, keragaman genetik pada nilai 0,1993, dan *Shannon diversity index* sebesar 0,2954. Hasil ini sejalan dengan hasil analisis ITS yang menunjukkan tingginya keragaman genetik *Bambusa* Sulawesi.

Hasil analisis kluster pada data morfologis membentuk dua kluster utama, yang memisahkan *Neololeba atra* dari kelompok *Bambusa*. Analisis PCA berdasarkan data morfologis menemukan dua karakter morfologis yaitu duri pada buluh dan bentuk percabangan, yang berperan dalam memisahkan *Bambusa blumeana* dari *Bambusa* yang lain. Berdasarkan karakter morfologis direkomendasikan tiga spesies sebagai anggota genus *Bambusa*, yaitu kalaeng ohose, talam batu, dan bulo batti. Hasil analisis kluster terhadap data anatomis juga membentuk dua kluster utama, kluster pertama terdiri atas *Dendrocalamus asper* dan *Gigantochloa atter*, sedangkan seluruh spesies *Bambusa* berada pada kluster kedua. Analisis PCA berdasarkan data anatomis memperlihatkan pemisahan *Bambusa blumeana* dari *Bambusa* yang lain karena ditemukan trikoma *peltate hair* dan absennya sel silika pada epidermis atas daun. Penemuan trikoma *peltate hair* ini sekaligus menjadi penemuan pertama jenis trikoma tersebut pada *Bambusa*.

**Kata kunci:** *Bambusa* spp., keragaman genetik, struktur populasi, hubungan kekerabatan, Pulau Sulawesi

## Genetic Variability, Population Structure, and Phylogenetic Relationship of *Bambusa* spp. in Celebes Island and surrounding areas

Alin Liana

Departement of Biological Science, Doctoral Program  
Postgraduate Program, Faculty of Biology  
Universitas Gadjah Mada

### ABSTRACT

Bamboo are vital plant of tropical forests and other ecosystems around the world. Although ecologically and economically of bamboos are important, but basic knowledge of genetics and taxonomy of bamboo are limited because of the vegetative growth phase of bamboo varies from 3 years to 120 years. The objectives of this research were to collect a variety of *Bambusa*, identifying genetic diversity, population structure, and genetic relationships based on the molecular, morphological, and anatomical characters.

*Bambusa* samples were collected from 13 sampling stations covering nine stations on the mainland and four stations on the marginal land. Exploration results obtained 47 accessions of *Bambusa* and five accessions recommended as *Bambusa*. *Bambusa* accessions that have been found are *Bambusa blumeana*, *B. maculata*, *B. striata*, and *B. vulgaris*. The accessions recommended as *Bambusa* are kalaeng ohose, talam batu, and bulo batti. Phenetic affinity based on morphological data was conducted on 57 accessions using 36 characters. Molecular studies performed on 15 accessions using ITS rDNA sequences and 10 accessions using SSR. Genetic variation analysis namely the number of haplotypes, haplotype diversity, the number of polymorphic sites, and nucleotide diversity were analyzed by using DnaSP program 5:10:01. The genetic distance between species and populations was observed using Kimura 2 parameter models. The phylogenetic relationships between species *Bambusa* was analyzed by Neighbour Joining (NJ) using MEGA6 software. Data percentage of polymorphic band, genetic diversity (HE), and Shannon diversity index (S) of SSR were analyzed using POPGENE software version 1:32. Phenetic affinity based on anatomical data was conducted on 10 accessions using 23 characters in the leaf epidermis and culms were observed using SEM and LM. Morphological and anatomical data were subjected to cluster analysis and principal component analysis.

The result of the sequence of ITS rDNA regions resulted in seven accessions of ITS Type I (functional) and eight accessions of ITS Type III

(Pseudogen). Haplotype diversity ( $H_d$ ) and nucleotide ( $\pi$ ) analysis of ITS Type I sequence results obtained by 1.000 haplotype diversity and 0.198 nucleotide diversity. These results indicate the high genetic diversity of *Bambusa* under study. However, the haplotype distribution analysis showed the occurrence of different haplotypes and all haplotype network locations spreading, thus failing to showed clustering between different geographic locations. The SSR polymorphism analysis of accession belonging to ITS Type I showed the percentage of polymorphic band 57,14%, genetic diversity at value 0.1993, and Shannon diversity index 0.2954. These results are in line with the ITS results indicating the high genetic diversity of *Bambusa* Sulawesi.

Cluster analysis of morphological data clearly showed two major clusters that separated *Neololeba atra* from *Bambusa*. PCA of morphological analysis found two morphological characters that is a thorn in the culm and branches, which plays a role in separating *Bambusa blumeana* from other *Bambusa* species. Based on morphological characters this research recommended three species as a member of *Bambusa*, namely kalaeng ohose, talam batu, and bulo batti. Cluster analysis of anatomical data also showed two major clusters, the first cluster consists of *Dendrocalamus asper* and *Gigantochloa atter*, while all species of *Bambusa* located on another cluster. PCA analysis showed the anatomical separation of *Bambusa blumeana* from the others *Bambusa* species because it found peltate hair trichomes and absence of silica cells in the upper epidermis of leaves. The peltate hair trichomes also become the first discovery on *Bambusa*.

**Keywords:** *Bambusa* spp., genetic variability, population structure, genetic relationship, Celebes Island