



KERAGAMAN MORFOLOGI DAN GENETIK BIBIT JABON PUTIH DARI 4 POPULASI DI SUMATRA, NUSA KAMBANGAN, KALIMANTAN, DAN SULAWESI

(Morphology and Genetic Diversity of Jabon Putih Seedling from 4 Populations in Sumatra, Nusa Kambangan, Kalimantan, and Sulawesi)

Evayusvita Rustam* dan Dede J. Sudrajat

Balai Penelitian dan Pengembangan Teknologi Perbenihan Tanaman Hutan (BP2TPTH)
Jl. Pakuan Ciheuleut Po. Box. 105, 16001, Bogor, Jawa Barat, Indonesia

Article Info

Article History:
Received 24 April 2019; received in revised form 28 July 2019; accepted 29 July 2019.
Available online since 30 August 2019

Kata Kunci:

Bibit,
famili,
klaster,
molekular,
morfologi

ABSTRAK

Jabon putih (*Neolamarckia cadamba*) merupakan jenis potensial cepat tumbuh yang mempunyai sebaran tumbuh yang luas, diduga berhubungan dengan keragaman genetik yang luas. Tujuan penelitian ini adalah untuk mengkaji keragaman morfologi bibit dan keragaman genetik jabon putih berdasarkan penanda molekular AFLP. Rancangan acak blok dengan 4 ulangan digunakan untuk mengkaji keragaman morfologi bibit pada 31 famili dari 4 populasi (Kapuas, Kampar, Nusa Kambangan, Pomalaa) berdasarkan karakter tinggi, diameter, indek kekokohan, jumlah daun, panjang dan lebar daun jabon putih di persemaian. Analisis AFLP Analysis System I Kit dengan menggunakan sampel daun kering setiap famili digunakan dalam penelitian ini. Karakteristik morfologi bibit jabon putih mempunyai keragaman antar populasi dan famili di dalam populasi Keragaman genetik dalam populasi berdasarkan morfologi bibit memiliki kemiripan dengan hasil analisis AFLP yang menunjukkan populasi Kampar memiliki keragaman yang lebih rendah dibandingkan dengan 3 populasi lainnya. Keragaman genetik tertinggi ditunjukkan pada populasi Kapuas yang diikuti oleh populasi Pomalaa dan Nusa Kambangan. Keragaman antar populasi berdasarkan tingkat differensiasi baik berdasarkan morfologi bibit maupun analisis AFLP menunjukkan nilai yang cukup tinggi. Analisis klaster dan analisis kekerabatan berdasarkan metode UPGMA menunjukkan pola yang mirip dan menempatkan sebagian besar famili dari Kapuas dalam satu klaster yang terpisah dari famili-famili populasi lainnya. Berdasarkan analisis kedekatan genetik tersebut, 26 famili dapat dipertimbangkan sebagai famili-famili potensial untuk pembangunan populasi pemuliaan. Penelitian ini mempunyai implikasi penting untuk pengelolaan sumber daya genetik dan program pemuliaan jabon putih ke depan.

Keywords:

Seedling,
family,
cluster,
molecular,
morphology

ABSTRACT

Jabon putih (Neolamarckia cadamba) is a widely distributed potential fast-growing species and is thought to be associated with extensive genetic diversity. The aim of the research was to assess the morphological and genetic variation of jabon putih seedling based on AFLP markers. Randomized block design with 4 replications was used to assess seedling morphological variation on 31 families from 4 populations (Kapuas, Kampar, Nusa Kambangan, Pomalaa) based on traits of seedling height, diameter, sturdiness quotient, number of leaves, leaf length, and leaf width at nursery. AFLP Analysis System I Kit by using dry leaf samples from each family was used. Characteristics of jabon putih seedlings had variation among populations and families within population. Genetic variation within population based on morphological traits had the similar trend with result of AFLP analysis. The highest genetic variation was detected in Kapuas population, followed by Pomalaa, Nusa Kambangan, and Kampar populations. Cluster analysis and UPGMA method had 2 cluster and put down most of families from Kapuas in one cluster separated from other families. Based on the genetic similarity analysis, 26 families could be considered as potential families for the establishment of breeding populations. The study has important practical implications for genetic resources management and for future breeding programs of jabon putih.

* Corresponding author. Tel/Fax: +62 2518327768
E-mail address: eva_yr@yahoo.co.id (E. Rustam)

I. PENDAHULUAN

Jabon putih merupakan jenis tanaman hutan potensial yang banyak dibudidayakan di Indonesia, khususnya di Jawa, Sumatra, dan Kalimantan. Jenis ini mempunyai sebaran tumbuh yang luas dan diduga mempunyai plastisitas dan adaptasi tinggi terhadap lingkungan alamnya. Plastisitas memberi implikasi bahwa suatu kelompok gen yang terbagi di antara populasi mampu beraklimatisasi dan menghasilkan morfologi/fenotipe berbeda pada setiap lingkungannya (Lind & Johansson, 2011; Liu *et al.*, 2016). Karakterisasi pola perbedaan morfologi pada populasi di hutan alam tersebut merupakan informasi awal yang sangat penting untuk menyatakan hipotesis tentang kemungkinan pola keragaman genetik, karakter-karakter khusus yang secara nyata beradaptasi dan respon plastis terhadap lingkungannya (Ohsawa & Ide, 2008). Beberapa peneliti telah mengkaji keragaman antar populasi atau antar famili pada tingkat bibit seperti pada *Sclerocarya birrea* (Dlamini, 2010), *Pinus wallichiana* (Rawat & Bakshi, 2011), *Antocephalus cadamba* (Sudrajat, 2016), *Pongamia pinnata* (Gupta *et al.*, 2016; Rahangdale *et al.*, 2017), *Balanites aegyptiaca* (Freigoun *et al.*, 2017). Informasi tersebut sangat penting untuk mendapatkan karakteristik famili-famili unggul pada tingkat bibit dan kemungkinan melakukan seleksi lebih awal (Cuni Sanchez *et al.*, 2011; Weber *et al.*, 2018). Untuk memperkuat informasi data penanda morfologi tersebut, diperlukan juga dukungan penanda molekuler (Danquah *et al.*, 2011).

Kajian keragaman genetik yang didasarkan penanda molekuler DNA telah secara luas diterapkan pada jenis-jenis tanaman hutan (Porth & El-kassaby, 2014; Gudeta, 2018). Beberapa penelitian keragaman genetik untuk jenis jabon putih telah dilakukan pada beberapa populasi di Kalimantan dengan menggunakan beberapa teknik, seperti random amplified polymorphic DNA (Leng *et al.*, 2007), *inter-simple sequence repeats* (Ho *et al.*, 2010; Yiing *et al.*, 2014; Zakyzayed *et al.*, 2014), dan *single nucleotide polymorphisms* (Tiong *et al.*, 2014) pada populasi jabon putih di Serawak, Malaysia. Penelitian keragaman genetik juga telah dilakukan pada jenis jabon merah (*Neolamarckia macrophyllus*) yang merupakan tanaman satu genus dengan jabon putih dengan menggunakan teknik *microsatellite* (*simple sequence repeat*) (Larekeng *et al.*, 2018; Arif *et al.*, 2019). Salah satu teknik yang cukup potensial dan efektif untuk studi keragaman genetik adalah *Amplified Fragment Length Polymorphisms* (AFLP) (Paun & Schönswetter, 2012). Dibandingkan dengan teknik lainnya (RFLP, RAPD, SSR), AFLP memberikan indeks keragaman yang lebih tinggi, teknik ini mudah ditransfer pada

jenis berbeda dan tidak memerlukan informasi urutan basa nukleotida sebelumnya serta jumlah lokus yang lebih banyak dari setiap reaksinya (Zulfahmi, 2016; Pakhrou *et al.*, 2016) sehingga sangat efektif untuk membedakan genetik dari areal-areal yang terpisah secara geografis.

Tujuan penelitian ini adalah untuk mengkaji keragaman morfologi bibit dan keragaman genetik jabon putih berdasarkan penanda AFLP. Informasi status keragaman genetik ini sangat diperlukan untuk pengumpulan materi genetik secara efektif pada populasi terpilih dalam rangka konservasi dan pembangunan populasi pemuliaan.

II. METODE PENELITIAN

A. Bahan

Benih jabon putih dikumpulkan dari 31 pohon induk berfenotipe baik yang tumbuh secara alami di 4 populasi (Tabel 1). Pohon induk merupakan pohon dominan yang dipilih dengan kriteria tinggi total, diameter setinggi dada, bentuk tajuk, bebas hama dan penyakit, dan membandingkannya dengan pohon-pohon sejenis di sekitarnya. Untuk mencegah pengambilan benih dari pohon induk berkerabat dekat, jarak minimal rata-rata antar pohon induk adalah 100 m. Pengumpulan benih dilakukan pada bulan April hingga Juni, dan pembuatan bibit dilakukan pada bulan Mei – November 2017.

B. Persiapan Bibit

Benih jabon putih diekstrak secara terpisah per pohon induk dengan metode ekstraksi basah (Sudrajat *et al.*, 2014). Setiap benih dari tiap pohon induk diberi label sehingga tidak tercampur. Benih ditabur pada pot plastik berisi media campuran pasir, kompos dan arang sekam (5:3:1 v/v/v). Penaburan benih dilakukan per pohon induk dengan mencampurkan benih dengan pasir halus (1:10 v/v) sehingga benih merata pada permukaan media. Penyiraman dilakukan setiap pagi dan sore hari dengan menggunakan sprayer. Penyapihan dilakukan setelah semai berukuran tinggi semai 2 - 3 cm ke polibag berdiameter 10 cm dan tinggi 15 cm. Media saph yang digunakan adalah campuran top soil, kompos, dan arang sekam (2:1:1 v/v/v).

C. Rancangan Penelitian dan Pengukuran Karakter Morfologi Bibit

Rancangan acak blok dengan 4 ulangan/blok digunakan di persemaian pada tingkat bibit. Setiap famili diwakili oleh 100 bibit atau 25 bibit per blok. Pemupukan dilakukan pada umur bibit 1 bulan dengan melarutkan 5 g NPK ke dalam 1 liter air yang disiramkan secara merata (100 ml air/bibit). Pada umur bibit 4 bulan, untuk menghindari efek samping, 9 bibit yang terletak di bagian tengah blok diukur untuk 6 karakter morfologi, yaitu

Tabel 1. Deskripsi geografis populasi dan jumlah sampel yang diteliti

Table 1. Geographic description of the population and number of observed samples

Populasi (Population)	Pulau (Island)	Jumlah famili (Number of family)	Kode famili (Family code)	Lokasi geografis (Geographic position)				
				Lintang (Latitude)	Bujur (Longitude)			
Kapuas (KKT)	Kalimantan	6	KKT-2	01°15.458 S	114°33.295 T			
			KKT-3	01°15.078 S	114°33.312 T			
			KKT-4	01°14.103 S	114°34.169 T			
			KKT-6	01°13.150 S	114°34.252 T			
			KKT-14	01°12.368 S	114°34.275 T			
			KKT-24	01°12.352 S	114°34.261 T			
Kampar (SKR)	Sumatra	10	SKR-1	00°19.983 U	100°59.333 T			
			SKR-4	00°20.041 U	100°58.743 T			
			SKR-6	00°20.017 U	100°58.648 T			
			SKR-7	00°20.199 U	100°57.541 T			
			SKR-9	00°20.289 U	100°57.167 T			
			SKR-10	00°21.289 U	100°57.167 T			
			SKR-11	00°19.034 U	100°57.876 T			
			SKR-12	00°19.074 U	100°57.878 T			
			SKR-13	00°19.093 U	100°57.892 T			
			SKR-14	00°19.080 U	100°57.908 T			
			Nusa Kambangan (JNK)	Nusa Kambangan	10	JNK-2	07°45.054 S	108°59.781 T
						JNK-7	07°45.131 S	108°59.517 T
						JNK-11	07°43.740 S	108°55.221 T
						JNK-12	07°43.761 S	108°55.224 T
JNK-13	07°44.298 S	108°53.936 T						
JNK-15	07°44.336 S	108°53.902 T						
JNK-17	07°44.343 S	108°53.906 T						
JNK-22	07°45.236 S	108°59.552 T						
JNK-23	07°43.229 S	109°00.771 T						
JNK-24	07°43.656 S	108°55.474 T						
Pomalaa (CPK)	Sulawesi	5	CPK-6	04°13.559 S	121°39.272 T			
			CPK-7	04°13.565 S	121°39.287 T			
			CPK-8	04°07.529 S	121°39.347 T			
			CPK-10	04°08.136 S	121°39.064 T			
			CPK-21	03°57.617 S	121°44.743 T			

tinggi, diameter, indek kekokohan (perbandingan tinggi bibit dengan diameter bibit), jumlah daun, panjang daun, dan lebar daun.

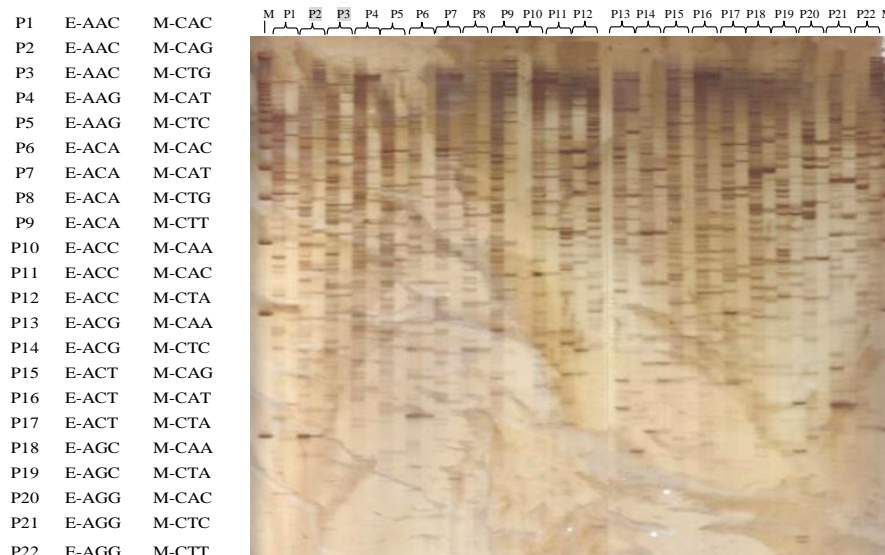
D. Analisis AFLP

1. Isolasi DNA

Analisis AFLP dilakukan di Laboratorium Bioteknologi dan Pemuliaan Tanaman, SEAMEO BIOTROP Bogor. DNA diisolasi dari 0,4 gram jaringan daun muda setiap famili (setiap famili diambil satu sampel) mengikuti protokol pabrikan Dneasy® Plant Mini (QIAGEN Cat. No. 69104). Famili yang digunakan sebagai sampel sama dengan famili yang digunakan dalam uji karakter morfologi bibit. Kuantifikasi DNA seluruh sampel daun dilakukan dengan menggunakan metode spectrophotometer UV. DNA (0,5 µl) dipisahkan secara elektroforesis pada agarose gel (0,8 %). Visualisasi DNA dilakukan dengan perwarnaan menggunakan ethidium bromide dan difoto dalam sinar UV untuk menganalisis kuantitas dan kualitas DNA-nya. DNA yang dengan pola pewarnaan yang jelas digunakan untuk analisis AFLP dan disimpan pada suhu -20° C.

2. Analisis AFLP

Analisis AFLP dilakukan mengikuti prosedur Vos *et al.* (1995) dengan menggunakan AFLP Analysis System I kit. Sebanyak 10 µl DNA dari setiap sampel dipotong secara simultan dengan menggunakan dua enzim restriksi EcoRI dan MseI pada suhu 37° C selama 2 jam. Enzim restriksi dan adapter ligasi dicampur. Reaksi amplifikasi terhadap hasil proses ligasi dilakukan dengan PCR dalam dua tahap, yaitu pre-amplifikasi dilakukan dengan 20 siklus PCR (suhu 94 °C selama 30 menit, 56 °C selama 60 menit, 72 °C selama 60 menit) dan amplifikasi selektif. Semua reaksi PCR dilakukan dalam GenAmp® PCR System 9700 (Perkin Elmer Corp., Norwalk, CT, USA). Sebanyak 22 pasang primer EcoRI dan MseI diuji untuk mendapatkan pita-pita polimorfis tinggi yang akan digunakan dalam amplifikasi DNA jabon putih (Gambar 1). Enam kombinasi primer (E-AAC/M-CTG, E-AAG/M-CTC, E-ACT/M-CAT, E-AGC/M-CAA, E-AGC/M-CTA, dan E-AGG/M-CTC) menghasilkan profil amplifikasi yang jelas dan dipilih untuk analisis amplifikasi selanjutnya. Hasil-hasil PCR dipisahkan dengan elektroforesis pada 6%



Gambar 1. Primer EcoRI dan MseI diuji untuk mendapatkan pita-pita polimorfis tinggi
Figure 1. Primer EcoRI and MseI which tested to get the high polymorphic bands

polyacrylamide gel. Gel hasil elektroforesis diwarnai dengan 0,1% silver nitrate.

E. Analisis Data

Analisis ragam digunakan untuk mengetahui keragaman dari morfologi bibit dengan model statistik sebagai berikut :

$$Y_{ijk} = \mu + R_i + P_j + F(P)_{k(j)} + E_{ijkl} \quad (1)$$

Keterangan:

Y_{ijk} = nilai fenotipe individu ke-l famili ke-k populasi ke-j dalam ulangan ke-i;

μ = nilai rata-rata umum;

R_i = pengaruh acak dari ulangan ke-i;

P_j = pengaruh acak dari populasi ke-j;

$F(P)_{k(j)}$ = pengaruh acak famili ke-k dalam populasi ke-j;

E_{ijkl} = pengaruh acak individu ke-l famili ke-k populasi ke-j dalam ulangan ke-i.

Pengujian dilakukan dengan *GLM procedure*. Komponen ragam genetik masing-masing variabel dihitung dengan *VARCOMP procedure*. *Duncan multiple range test* digunakan untuk membedakan nilai tengah karakter morfologi bibit jabon putih. Keragaman genetik aditif merupakan parameter dasar untuk menduga keragaman genetik di dalam populasi, yang dihitung dengan rumus:

$$\sigma^2_A = 4 \sigma^2_f, \quad (2)$$

Keterangan:

σ^2_A = ragam genetik aditif

σ^2_f = komponen ragam famili.

Koefisien keragaman genetik aditif dihitung dengan rumus :

$$CV_A = 100 \sqrt{\frac{\sigma^2_f}{x}} \quad (3)$$

Keterangan:

x adalah rata-rata variabel.

Heritabilitas dalam arti sempit (h^2) diduga dari komponen ragam (Rawat & Bakshi, 2011) dengan menggunakan rumus-rumus sebagai berikut:

$$h^2 = \frac{\sigma^2_A}{\sigma^2_p} = \frac{4\sigma^2_f}{\sigma^2_f + \sigma^2_r + \sigma^2_e} \quad (4)$$

Keterangan:

h^2 = heritabilitas,

σ^2_p = ragam fenotipe,

σ^2_r = komponen ragam blok,

σ^2_e = ragam error.

Perbedaan genetik antar populasi (Qst) diduga dengan rumus sebagai berikut (Pastorino *et al.*, 2010):

$$Qst = \frac{\sigma^2_{pop}}{\sigma^2_{pop} + 2(4\sigma^2_f)} \quad (5)$$

Keterangan:

σ^2_{pop} = ragam antar populasi.

Analisis kluster (*hierarchi cluster, average linkage between groups*) digunakan untuk menerangkan pola keragaman yang disajikan dalam bentuk dendrogram.

Analisis data hasil penanda molekuler AFLP dilakukan dengan memberi skor fragmen AFLP yang berkisar dari 50 hingga 400 *base pair* (bp) dengan kriteria ada pita (1) dan tidak ada pita (0) untuk setiap kombinasi primer-populasi. Data dimasukkan dalam bentuk data matrik *binary* sebagai variabel diskrit. Parameter genetik ditentukan dengan menggunakan POPGENE versi 1.31 dengan asumsi Hardy-Weinberg *equilibrium*, yang meliputi: persentase lokus-lokus polimorfis pada tingkat 99% ; rata-rata jumlah alel per lokus (N_a); jumlah alel efektif per lokus (N_e); keragaman gen (h = heterosigositas yang diharapkan H_e);

indeks Shannon (*Shannon's information index*) untuk mengindikasikan derajat polimorfis AFLP di dalam populasi dengan menggunakan rumus: $I = -\sum p_i \log_2 p_i$, keterangan p_i adalah frekwensi ada dan tidak ada band; total keragaman genetik (Ht); keragaman genetik di dalam populasi (Hs); keragaman genetik antar populasi (Dst); besaran relatif differensiasi genetik antar populasi $Gst = Dst/Ht$ (Nei, 1978); dan aliran gen (Nm , jumlah migran per generasi) diduga dengan menggunakan rumus $Nm = 0.25(1-Gst)/Gst$. Dendrogram *unweighted pair group method using arithmetic average* (UPGMA) dibangun dengan menggunakan program NTSYS-pc versi 2.0 berdasarkan jarak genetik Nei (1978).

III. HASIL DAN PEMBAHASAN

A. Hasil

1. Keragaman morfologi bibit

Bibit jabon putih umur 4 bulan dari 31 famili menunjukkan perbedaan pertumbuhan antar

populasi dan antar famili dalam populasi pada semua karakter. Famili Pomalaa-6 memiliki pertumbuhan tinggi (43,9 cm) dan diameter bibit (6,00 mm) terbaik, sedangkan famili Kapuas-6 memiliki pertumbuhan tinggi terendah (10,8 cm) dan famili Kapuas-14 memiliki diameter bibit terendah (2,96 mm). Indeks kekokohan tertinggi ditunjukkan oleh famili Pomalaa-21 (10,63), sedangkan indeks kekokohan terendah ditunjukkan oleh famili Kapuas-4 (3,35). Jumlah daun terbanyak ditunjukkan oleh famili Pomalaa-7 (8,9 lembar), sedangkan jumlah daun paling sedikit ditunjukkan famili Kapuas-2 (6,0 lembar). Daun terpanjang dihasilkan famili Pomalaa-8 (17,4 cm) dan daun terpendek dihasilkan oleh famili Kapuas-2 (9,0 cm), sedangkan daun terlebar ditunjukkan oleh famili Kampar-6 (9,9 cm) dan daun tersempit ditunjukkan oleh famili Kapuas-6 (4,4 cm) (Tabel 2).

Nilai keragaman genetik aditif dan koefisien keragamannya menunjukkan nilai yang rendah pada populasi Kampar yang terjadi hampir pada

Tabel 2. Karakteristik morfologi bibit jabon putih umur 4 bulan
Table 2. Morphological characteristics of jabon putih seedling at 4 months

Famili (Family)	Tinggi bibit (Seedling height) (cm)	Diameter bibit (Diameter) (mm)	Indeks kekokohan (Sturdiness quotient)	Jumlah daun (Number of leaves)	Panjang daun (Leaf length) (cm)	Lebar daun (Leaf width) (cm)
Kapuas-2 (KKT2)	13,4 op	3,02 m	4,51 jkl	6,01	9,0 m	4,6 n
Kapuas-3 (KKT3)	12,8 p	3,12 m	4,18 j-m	6,1 l	9,2 m	4,7 mn
Kapuas-4 (KKT4)	13,1 p	4,13 jk	3,35 m	6,1 kl	11,5 l	6,4 jkl
Kapuas-6 (KKT6)	10,8 q	3,02 m	3,75 lm	6,1 l	9,2 m	4,4 n
Kapuas-14 (KKT14)	14,3 nop	2,96 m	4,92 hij	7,0 g-j	12,3 kl	5,5 lm
Kapuas-24 (KKT24)	16,0 n	3,99 jk	4,06 klm	7,6 efg	11,9 l	6,4 jkl
Kampar-1 (SKR1)	35,9 cd	4,89 e-h	7,45 bcd	6,2 kl	13,6 h-k	7,8 hi
Kampar-4 (SKR4)	40,0 b	4,99 d-g	8,20 b	6,2 kl	15,9 b-e	8,8 b-f
Kampar-6 (SKR6)	31,3 fg	5,22 c-f	6,17 fg	6,1 kl	16,9 ab	9,9 a
Kampar-7 (SKR7)	32,7 ef	4,66 ghi	7,21 de	7,1 g-j	16,1 a-d	9,1 abc
Kampar-9 (SKR9)	27,3 ij	4,55 hi	6,12 fg	6,2 kl	13,2 jk	7,4 ijk
Kampar-10 (SKR10)	27,0 ij	4,91 e-h	5,63 gh	6,4 jkl	16,9 ab	9,0 a-d
Kampar-11 (SKR11)	32,1 ef	5,26 cde	6,18 fg	7,0 g-j	16,6 ab	9,3 ab
Kampar-12 (SKR12)	29,9 gh	4,97 d-g	6,07 fg	7,3 fgh	16,1 a-d	9,4 ab
Kampar-13 (SKR13)	28,1 hi	4,82 fgh	5,88 fg	6,8 hij	14,3 g-j	8,0 e-i
Kampar-14 (SKR14)	34,0 de	5,27 cde	6,62 def	7,4 fgh	16,5 a-c	9,3 ab
Nusa Kambangan-2 (JNK2)	20,3 m	5,38 bcd	3,82 klm	8,4 abc	16,8 ab	8,5 b-g
Nusa Kambangan-7 (JNK7)	15,4 no	4,26 ij	3,68 lm	8,1 b-e	13,4 ijk	7,2 jk
Nusa Kambangan-11 (JNK11)	25,9 jk	4,04 jk	6,55 ef	6,5 i-l	12,3 kl	6,4 jkl
Nusa Kambangan-12 (JNK12)	28,6 hi	4,84 e-h	6,15 fg	6,1 kl	14,8 d-h	8,9 b-f
Nusa Kambangan-13 (JNK13)	22,9 l	4,37 ij	5,32 ghi	7,1 ghi	14,7 e-i	8,0 d-i
Nusa Kambangan-15 (JNK15)	25,7 jk	5,68 ab	4,59 ijk	7,9 c-f	16,4 a-c	8,0 ghi
Nusa Kambangan-17 (JNK17)	24,7 kl	4,54 hi	5,52 gh	7,6 d-g	14,6 f-i	8,2 c-h
Nusa Kambangan-22 (JNK22)	31,2 fg	5,49 bc	6,56 ef	6,4 jkl	16,6 ab	9,1 abc
Nusa Kambangan-23 (JNK23)	23,8 kl	3,72 kl	6,56 ef	7,4 fgh	11,9 l	6,1 kl
Nusa Kambangan-24 (JNK24)	24,7 kl	4,54 hi	5,52 gh	7,6 d-g	14,6 f-i	8,2 c-h
Pomalaa-6 (CPK6)	43,9 a	6,00 a	7,44 bcd	8,3 a-d	16,1 a-d	8,9 a-e
Pomalaa-7 (CPK7)	41,9 ab	5,25 cde	8,14 bc	8,9 a	15,8 b-f	8,5 b-g
Pomalaa-8 (CPK8)	36,1 c	5,48 bc	6,74 def	7,3 fgh	17,4 a	8,7 b-g
Pomalaa-10 (CPK10)	36,5 c	5,08 c-f	7,36 cde	8,7 ab	15,2 d-g	9,3 ab
Pomalaa-21 (CPK21)	36,2 c	3,49 l	10,63 a	8,2 a-e	10,0 m	5,2 mn
Rata-rata (mean)	26,9	4,57	5,96	7,1	14,2	7,7
F hitung (F-test): Blok (block)	2,87ns	2,04ns	4,93ns	0,93ns	4,05ns	2,17ns
Populasi (population)	1467,18**	233,86**	231,06**	84,82**	211,11**	185,80**
Famili (Populasi)	29,70**	21,43**	14,49**	8,93**	19,43**	13,30**

Keterangan: nilai yang diikuti dengan huruf yang sama pada kolom yang sama menunjukkan berbeda nyata pada $p < 0,05$, ** = berpengaruh sangat nyata pada $p = 0,01$, * = berpengaruh nyata pada $p = 0,05$, ns = tidak berbeda nyata
Remarks: Different letters within a column indicate significant differences at $P < 0,05$. ** = significant at 1%, * = significant at 5%, ns = non significant

semua karakter. Populasi Pomalaa dan Nusa Kambangan relatif lebih beragam dibandingkan kedua populasi lainnya. Dari keseluruhan populasi, nilai ragam genetik aditif (σ^2_A) tertinggi ditunjukkan oleh karakter tinggi bibit (54,54), sedangkan nilai koefisien genetik aditif (CV_A) tertinggi ditunjukkan oleh karakter indeks kekokohan (32,39). Jumlah daun memiliki nilai koefisien ragam genetik aditif terendah (16,62). Nilai heritabilitas dalam arti sempit (h_2) yang diukur dari 31 famili menunjukkan bahwa diameter bibit dan panjang daun memiliki nilai heritabilitas tertinggi (h_2 diameter bibit = 0,954 dan h_2 panjang daun = 0,923) memberi indikasi kontrol genetik yang tinggi. Differensiasi genetik (Qst) rata-rata yang dihitung dari 6 karakter adalah 0,216. Nilai differensiasi tertinggi ditunjukkan oleh tinggi bibit ($Qst = 0,458$) (Tabel 3).

2. Keragaman genetik berdasarkan penanda AFLP

Parameter keragaman genetik di dalam populasi menunjukkan bahwa jumlah lokus polimorfis berkisar antara 135 (populasi Kampar) hingga 242 (populasi Kapuas) dengan persentase lokus polimorfis 46,71% (populasi Kampar) hingga 83,74% (populasi Kapuas) (Tabel 4). Contoh cetakan AFLP 31 famili jabon putih dengan menggunakan primer 21 disajikan pada Gambar 2. Nilai heterozigositas (He) berkisar antara 0,1489 (populasi Kampar) hingga 0,3339 (populasi Kapuas). Indeks Shannon terendah dihasilkan oleh populasi Kampar (0,2278), dan terbesar dari populasi Kapuas (0,4894). Secara keseluruhan, rata-rata nilai heterozigositas dan indeks Shannon masing-masing adalah 0,2788 dan 0,4347, sedangkan jumlah alel per lokus dan jumlah alel efektif per lokus adalah 1,9723 dan 1,4475.

3. Kekekabatan antar famili

Tabel 3. Ragam genetik aditif, koefisien keragaman aditif, heritabilitas, dan differensiasi genetik karakteritik bibit jabon putih umur 4 bulan di persemaian

Table 3. Additive genetic variance, additive genetic coefficient, heritability, and genetic differentiation of jabon putih seedling characteristics at 4 months in nursery

Parameter genetik (Genetic parameters)	Populasi (Population)	Karakteristik bibit (Seedling characteristics)					
		TB	DB	IK	JD	PD	LD
Ragam genetik aditif (additive genetic variance) (σ^2_A)	Kampar	65,05	0,19	2,49	0,84	6,81	2,24
	Nusa Kambangan	71,86	1,64	4,25	2,13	11,24	3,58
	Kapuas	10,38	1,07	1,09	1,58	8,84	3,06
	Pomalaa	73,14	3,49	9,00	1,30	31,83	10,83
	Semua populasi	54,54	1,30	3,72	1,39	12,26	4,13
Koefisien keragaman aditif (additive genetic coefficient (CV_A) (%)	Kampar	25,35	8,75	24,07	13,77	16,74	17,01
	Nusa Kambangan	34,86	27,33	38,01	19,99	22,96	24,13
	Kapuas	24,08	30,74	25,31	19,47	28,29	32,78
	Pomalaa	21,97	36,92	37,21	13,77	37,92	40,58
	Semua populasi	27,45	25,02	32,39	16,62	24,66	26,39
Heritabilitas (heritability) (h^2)		0,442	0,954	0,681	0,563	0,923	0,697
Differensiasi genetik (genetic differentiation) (Qst)		0,458	0,149	0,213	0,142	0,148	0,188

Keterangan: TB = tinggi bibit, DB = diameter bibit, IK = indek kekokohan, JD = jumlah daun, PD = panjang daun, LD = lebar daun
Remarks: TB = seedling height, DB = seedling diameter, IK = sturdiness quotient, JD = number of leaves, PD = leaf lenght, LD = leaf width

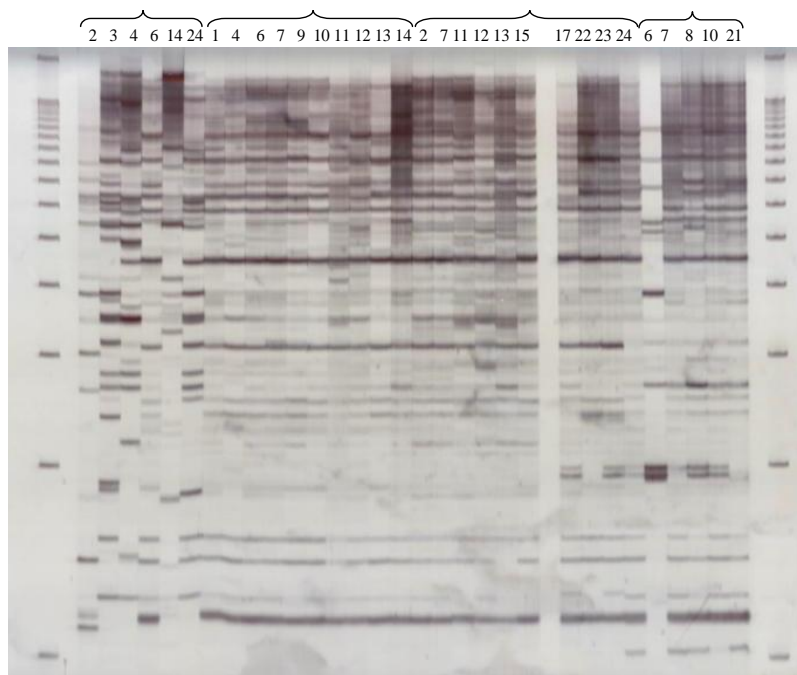
Analisis kluster terhadap karakteristik morfologi bibit dari 31 famili menghasilkan nilai koefisien aglomerasi dengan selisih terbesar pada tahap 29 ke 30 sehingga dari analisis tersebut, diperkirakan sebanyak 2 kluster atau kelompok populasi. Berdasarkan analisis tersebut, sebagian besar anggota famili populasi Kapuas terpisah dengan famili-famili dari 3 populasi lainnya (Gambar 3).

Tingkat keragaman genetik antar populasi menunjukkan nilai yang cukup tinggi ($Gst = 0,2707$). Total keragaman genetik (Ht) dan keragaman gen di dalam populasi (Hs) masing-masing adalah 0,3098 dan 0,2260. Laju aliran gen secara keseluruhan antar populasi (Nm) adalah 1,3473. Berdasarkan diagram kekerabatan genetik antar famili menggunakan *unweighted pair group method using arithmetic average* (UPGMA), beberapa famili mempunyai kemiripan lebih dekat secara genetik seperti Kampar-14, Kampar-4 dan Kampar-7, Nusa Kambangan-17 dan Nusa Kambangan-11, Nusa Kambangan-12 dan Nusa Kambangan-23, Pomalaa-6, dan Pomalaa-8 (Gambar 3).

B. Pembahasan

1. Keragaman di dalam populasi

Koefisien keragaman genetik aditif populasi Pomalaa menunjukkan nilai tertinggi pada karakter diameter bibit, panjang daun, dan lebar daun, sedangkan populasi Nusa Kambangan memiliki koefisien keragaman genetik tertinggi pada karakter tinggi bibit, indeks kekokohan, dan jumlah daun. Populasi Kampar menunjukkan koefisien keragaman yang rendah hampir pada semua karakter bibit yang diamati. Hasil tersebut menunjukkan bahwa populasi Pomalaa dan Nusa Kambangan memiliki keragaman yang lebih tinggi, disusul dengan populasi Kapuas, sedangkan



Gambar 2. Contoh cetakan AFLP 31 famili jabon putih dengan menggunakan primer 21 (E-AGG/M-CTC)
Figure 2. A sample of AFLP fingerprints of the 31 jabon putih families using primer 21 (E-AGG/M-CTC)

populasi Kampar memiliki keragaman yang lebih rendah.

Berdasarkan analisis AFLP, ukuran keragaman genetik di dalam populasi dapat dideteksi dari jumlah lokus polimorfis, heterozigositas, dan indeks Shannon (Gudeta, 2018). Jumlah lokus polimorfis, persentase lokus polimorfis, jumlah alel yang teramati, jumlah alel efektif, heterozigositas dan indeks Shannon tertinggi ditunjukkan oleh populasi Kapuas, sedangkan yang terendah ditunjukkan oleh populasi Kampar. Nilai heterozigositas berbanding lurus dengan nilai indeks Shannon, sehingga makin tinggi nilai *He* akan semakin tinggi pula indeks Shannon-nya. Dari nilai-nilai tersebut, keragaman genetik tertinggi dideteksi pada populasi Kapuas yang diikuti oleh populasi Pomalaa dan Nusa Kambangan, dan keragaman genetik terendah terdapat pada populasi Kampar. Kecenderungan keragaman hasil analisis AFLP ini mirip dengan keragaman berdasarkan morfologi bibit yang

menunjukkan populasi Kampar memiliki keragaman yang lebih rendah dibandingkan 3 populasi lainnya.

Populasi Kapuas merupakan populasi hutan alam yang relatif masih bagus yang berada di kawasan HPH PT. Dasa Intiga, Kapuas, Kalimantan Tengah. Jabon putih di kawasan ini bukan target produksi kayu sehingga keberadaannya relatif lebih baik dibandingkan jenis lainnya seperti jenis-jenis Dipterocarpaceae. Populasi Pomalaa mempunyai sebaran yang cukup luas namun sebagian telah terfragmentasi. Populasi Nusa Kambangan merupakan populasi yang terisolasi yang tumbuh di sebuah pulau kecil di bagian selatan Pulau Jawa. Populasi ini memiliki keragaman genetik yang relatif lebih rendah. Hasil yang sama juga dilaporkan oleh Dwiyanti *et al.* (2014) pada jenis *Dipterocarpus littoralis* di Nusa Kambangan yang menunjukkan keragaman genetik dalam populasi yang rendah. Sementara, populasi Kampar merupakan populasi yang

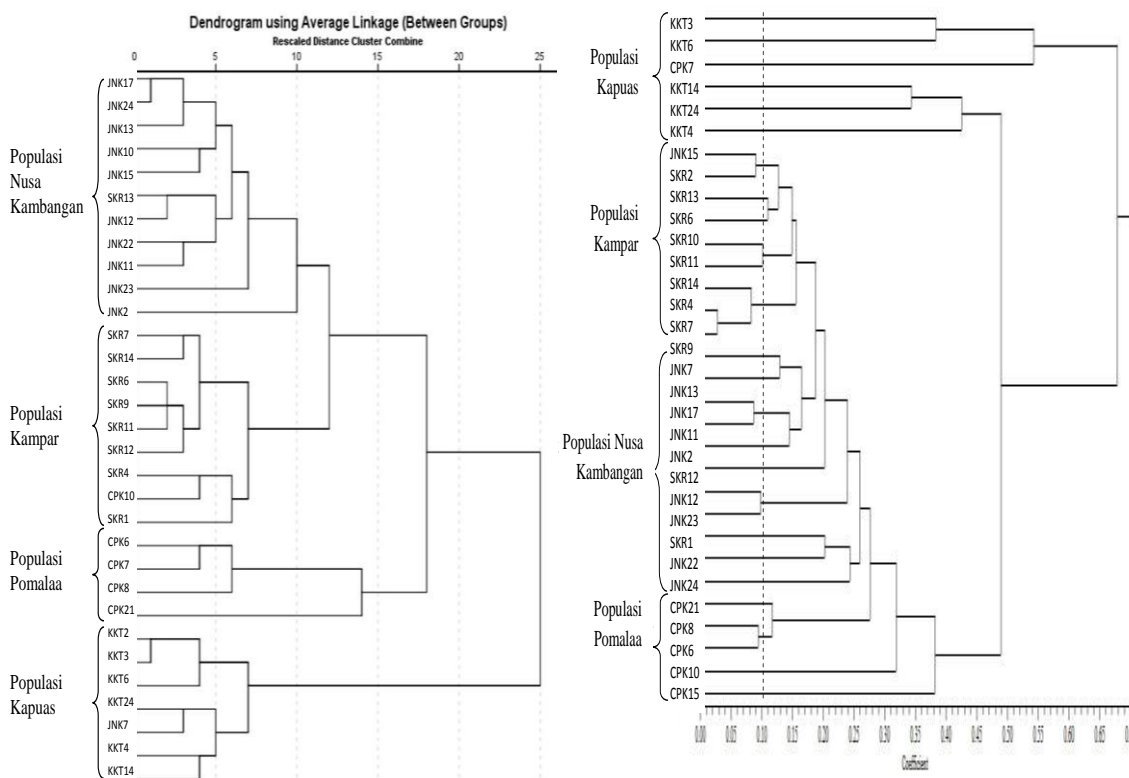
Tabel 4. Keragaman genetik di dalam populasi jabon putih berdasarkan marka AFLP

Table 4. Genetic variation within population of jabon putih based on AFLP markers

Populasi (Population)	n	JLP	PLP (%)	Na	Ne	He	I
Kapuas	6	242	83,74	1,8374	1,5846	0,3339	0,4894
Kampar	10	135	46,71	1,4671	1,2478	0,1489	0,2278
Nusa Kambangan	10	156	53,98	1,5398	1,3287	0,1940	0,2904
Pomalaa	5	176	60,90	1,6090	1,3774	0,2270	0,3394
Rata-rata (mean)	7.75	177	61,33	1,6133	1,3846	0,2756	0,3367
Total (total)	31	281	97,23	1,9723	1,4475	0,2788	0,4347
SD				0,1643	0,3058	0,1465	0,1871

Keterangan: n = ukuran sampel, JLP = jumlah lokus polimorfis, PLP = persen lokus polimorfis, Na = jumlah alel yang teramati, Ne = jumlah alel efektif, He = heterozigositas, I = indeks Shannon, SD = standar deviasi

Remarks: n = sample size, JLP = number of polymorphic loci, PLP = percentage of polymorphic loci, Na = number of alleles per locus, Ne = effective number of alleles per locus, He = heterozygosity/gene diversity, I = Shannon index, SD = standard deviation



Gambar 3. Kekerabatan 31 famili jabon putih pada tingkat bibit berdasarkan analisis klaster data morfologi dan UPGMA penanda AFLP

Figure 3. Relationship of 31 white jabon putih families based on cluster analysis of seedling morphological data and UPGMA of AFLP markers

terfragmentasi berat dan terisolasi dalam populasi kecil yang menghasilkan keragaman paling rendah. Populasi-populasi yang terfragmentasi dan terisolasi secara terus-menerus akan menimbulkan hanyutan genetik yang mengakibatkan hilangnya beberapa alel penting dan keragaman genetiknya makin berkurang (Catan *et al.*, 2013; Ritonga *et al.*, 2018).

Sebagian besar tanaman hutan tropis mempunyai sistem perkawinan silang dengan polinator hewan. Jenis-jenis dengan sistem perkawinan silang umumnya mempunyai keragaman genetik dalam jenis dan dalam populasi yang tinggi (Degen & Sebbenn, 2014). Keragaman dalam populasi jabon putih pada penelitian ini cukup tinggi. Rata-rata nilai *He* jabon putih dari 4 populasi yang diuji (*He* = 0,2788) lebih tinggi jika dibandingkan dengan jenis-jenis tropis lainnya seperti *Shorea leprosula* dan *S. parvifolia* (Cao *et al.*, 2009), dan *S. balangeran* (Indriani *et al.*, 2019).

Keragaman genetik jabon putih pada penelitian ini juga lebih tinggi (indeks Shannon berkisar 0,2278 – 0,4894) bila dibandingkan dengan hasil penelitian Tiong *et al.* (2010) pada 6 populasi jabon di Serawak dengan indeks Shannon berkisar 0,154 – 0,235 dan Ho *et al.* (2010) pada uji keturunan jabon putih yang melibatkan 247 famili dengan rata-rata indeks Shannon-nya 0,268-0,350.

Keragaman genetik dalam populasi yang relatif tinggi pada penelitian ini menunjukkan bahwa populasi jabon putih tersebut masih memiliki ukuran populasi yang cukup memadai untuk melakukan perkawinan silang sehingga keragamannya masih terpelihara. Hal serupa juga terjadi pada jenis *Parapiptadenia rigida* di Brazil Tenggara (Souza *et al.*, 2013), *Vatica mangachapoi* di pulau Hainan (Zhang *et al.*, 2012), dan *Shorea robusta* di India (Surabhi *et al.*, 2017) yang menunjukkan keragaman dalam populasi yang tinggi. Keragaman ini terjadi disebabkan oleh sebagean besar pohon sampel berada pada kawasan hutan sekunder yang memiliki populasi jabon putih cukup besar karena sifat pertumbuhan jabon putih sebagai pohon pioner yang secara umum mendominasi areal hutan sekunder (Sudrajat *et al.*, 2014; Wahyuni & Kafiari, 2017; Aththorick *et al.*, 2018). Menurut (Lowe *et al.*, 2018), jenis-jenis pioner umumnya memiliki keragaman yang lebih tinggi dibandingkan dengan jenis-jenis dengan sebaran yang terbatas. Jenis yang tersebar luas memiliki kemampuan untuk memelihara ukuran efektif populasinya yang lebih besar yang mampu mengurangi pengaruh penghanyutan genetik terhadap keragaman genetiknya.

2. Keragaman antar populasi

Keragaman antar populasi dinilai dari *Gst* (atau *Fst*) berdasarkan analisis AFLP dan *Qst* dari analisis morfologi. *Gst* adalah parameter differensiasi yang analog terhadap *Qst* sehingga dapat dibandingkan secara langsung (Pastorino *et al.*, 2010). Keragaman antar populasi berdasarkan morfologi bibit (*Qst*) jabon putih berada pada kisaran 0,14-0,45 dan dapat dikategorikan sedang untuk karakter diameter, indeks kekokohan, jumlah daun, panjang daun dan lebar daun, dan tinggi untuk karakter tinggi total bibit (Bower & Aitken, 2008). Hasil analisis kluster berdasarkan 6 karakter morfologi bibit menghasilkan dua kluster, kluster I sebagian besar terdiri dari famili-famili dari populasi Kapuas dan kluster II terdiri dari famili-famili dari populasi Nusa Kambangan, Kampar, dan Pomalaa. Kluster II terbagi lagi dalam 2 subkluster, subkluster 1 umumnya terdiri dari famili-famili populasi Nusa Kambangan dan famili-famili populasi Kampar, sedangkan subkluster 2 sebagian besar terdiri dari famili-famili populasi Pomalaa. Famili-famili dari populasi Kampar secara genetik nampaknya lebih dekat dengan famili-famili dari populasi Nusa Kambangan. Menurut Bird *et al.* (2005), kedekatan genetik antara populasi tumbuhan di Sumatra dan Jawa (Nusa Kambangan) diduga karena pada jaman es kedua daratan tersebut perlu bersatu. Selain itu, kemungkinan ada juga aliran gen melalui program reboisasi di kawasan Cagar Alam Nusa Kambangan dengan jenis jabon putih asal Sumatra.

Berdasarkan analisis AFLP, tingkat differensiasi populasi jabon putih pada penelitian ini juga menunjukkan nilai yang cukup tinggi ($Gst = 0,2707$) jika dibandingkan dengan tingkat differensiasi populasi jabon di Serawak, Malaysia ($Gst = 0,2013$) (Ho *et al.*, 2010). Jika dibandingkan dengan jenis-jenis lainnya yang dianalisis dengan AFLP, keragaman antar populasi jabon putih dalam penelitian ini relatif lebih tinggi, seperti *Hibiscus tiliacius* $Gst = 0,152$ (Tang *et al.*, 2003), *Shorea leprosula* $Gst = 0,25$ (Cao *et al.*, 2006) dan *Toona sinensis* $Gst = 0,15$ (Hidayat, 2011). Jarak antar pulau yang cukup jauh dengan hambatan alam yang besar menyebabkan aliran gen antar populasi yang diamati relatif rendah ($Nm = 1,3473$). Laju aliran gen jabon putih pada penelitian ini lebih rendah jika dibandingkan jenis lainnya seperti *Shorea leprosula* ($Nm = 1,54$) (Cao *et al.*, 2006), namun lebih tinggi dibanding *Vatica mangachapoi* ($Nm=1.2430$) pada populasi di pulau Hainan (Zhang *et al.*, 2012).

3. Famili-famili potensial

Dilihat dari dendrogram UPGMA (Gambar 3), kekerabatan genetik antar famili jabon putih menunjukkan nilai yang cukup lebar, namun beberapa famili diidentifikasi mempunyai

kekerabatan yang dekat. Famili Nusa Kambangan-15 dan Kampar-2 memiliki jarak genetik yang dekat, namun secara morfologi, kedua famili tersebut tidak mempunyai kemiripan. Kedekatan genetik dari dua individu yang berbeda populasi diduga akibat adanya aliran gen berupa kegiatan reboisasi yang pernah dilakukan di Nusa Kambangan sejak jaman penjajahan Belanda (Abdiyani, 2008). Famili Nusa Kambangan-15 memiliki morfologi yang lebih baik daripada famili Kampar-2 sehingga famili Nusa Kambangan-15 dapat dinilai lebih potensial untuk dikembangkan dalam program pemuliaan. Famili lainnya yang mempunyai jarak genetik berdekatan adalah famili Kampar-14, Kampar-4 dan Kampar-7. Dari ketiga famili tersebut, famili Kampar-4 memiliki morfologi yang lebih unggul sehingga dapat dinyatakan sebagai famili potensial. Famili Nusa Kambangan-12 dan Nusa Kambangan-23 secara molekuler juga mempunyai jarak genetik yang berdekatan, namun secara morfologi mempunyai karakter yang relatif berbeda. Famili Nusa Kambangan-12 relatif lebih baik secara morfologi dibandingkan famili Nusa Kambangan-23 sehingga famili Nusa Kambangan-12 lebih potensial dilihat dari pertumbuhannya pada tingkat bibit. Famili lainnya yang berdekatan secara genetik adalah Pomalaa-8 dan Pomalaa-6. Kedua famili ini juga secara morfologi mempunyai kemiripan yang cukup dekat dan dari keduanya, famili Pomalaa-6 secara morfologi lebih superior dibandingkan famili Pomalaa-8 sehingga famili Pomalaa-6 lebih potensial untuk dikembangkan. Meskipun jarak antar pohon induk dijaga pada kisaran 100 m, namun kemungkinan kedekatan antar famili masih mungkin terjadi karena adanya pola penyebaran benih yang dilakukan beberapa binatang seperti kera dan tupai yang mampu membawa buah jabon putih dalam jarak yang relatif jauh.

Secara keseluruhan dari 31 famili yang diuji, 5 famili yaitu famili Kampar 14, Kampar 7, Nusa Kambangan 11, Nusa Kambangan 23 dan Pomalaa 8 kurang berpotensi untuk digunakan sebagai materi genetik untuk pembangunan populasi pemuliaan jabon putih karena mempunyai pertumbuhan bibit yang lebih rendah dibandingkan dengan famili lainnya yang diidentifikasi berkerabat dengan famili-famili tersebut, sedangkan dua puluh enam famili lainnya (Tabel 2) dapat dipertimbangkan sebagai materi genetik yang potensial.

IV. KESIMPULAN DAN SARAN

A. Kesimpulan

Karakteristik morfologi bibit jabon putih mempunyai keragaman antar populasi dan famili di dalam populasi. Famili-famili dari Pomalaa memiliki pertumbuhan bibit tertinggi diikuti

famili-famili dari Kampar, dan Kapuas. Keragaman genetik dalam populasi berdasarkan morfologi bibit memiliki kemiripan dengan hasil analisis AFLP. Keragaman genetik tertinggi dideteksi pada populasi Kapuas diikuti populasi Pomalaa, Nusa Kambangan dan Kampar. Analisis kluster dan analisis kekerabatan dengan metode UPGMA menghasilkan 2 kluster dan menempatkan sebagian besar famili dari Kapuas dalam satu kluster yang terpisah dari famili-famili populasi lainnya.

B. Saran

Hasil analisis kedekatan genetik dengan penanda AFLP dan morfologi bibit menunjukkan sebanyak 26 famili dapat dipertimbangkan sebagai famili-famili potensial untuk pembangunan populasi pemuliaan. Perlu dilakukan penelitian lebih lanjut dengan memperbanyak jumlah provenan.

UCAPAN TERIMA KASIH

Penulis mengucapkan terima kasih kepada SEAMEO BIOTROP atas dukungan dana dan fasilitas laboratorium untuk pengujian molekuler dalam penelitian ini. Ucapan terima kasih juga disampaikan kepada pimpinan PT. Dasa Intiga dan PT. Vale Indonesia untuk bantuan akomodasi selama pengumpulan sampel penelitian.

DAFTAR PUSTAKA

- Abdiyani, S. (2008). Evaluasi keanekaragaman vegetasi dalam kegiatan reboisasi di Pulau Nusa Kambangan. *Info Hutan*, 5(3), 209–217.
- Arif, A., Larekeng, S. H., Restu, M., Cahyaningsih, Y. F., & Mukti, J. (2019). A genetic diversity on jabor merah (*Anthocephalus macrophyllus* Roxb.) from three different provenances in South Sulawesi. In *The 1st Biennial Conference on Tropical Biodiversity. IOP Conf. Series: Earth and Environmental Science 270 (2019) 012003 IOP* (pp. 1–7). <https://doi.org/10.1088/1755-1315/270/1/012003>
- Aththorick, T. A., Pasaribu, N., & Eyckman, E. (2018). Stand structure and carbon stock of tree vegetation in Deleng Macik Taman Hutan Raya Bukit Barisan Karo District, North Sumatra, Indonesia. In *SEMIRATA- International Conference on Science and Technology 2018* (pp. 1–9). IOP Conf. Series: Journal of Physics: Conf. Series 1116 (2018) 052009. <https://doi.org/10.1088/1742-6596/1116/5/052009>
- Bird, M. I., Taylor, D., & Hunt, C. (2005). Palaeoenvironments of insular Southeast Asia during the Last Glacial Period: a savanna corridor in Sundaland? *Quaternary Science Reviews Volume*, 24(20–21), 2228–2242.
- Bower, A. D., & Aitken, S. N. (2008). Ecological genetics and seed transfer guidelines for *Pinus albicaulis* (Pinaceae). *American Journal of Botany*, 95(1), 66–76. <https://doi.org/10.3732/ajb.95.1.66>
- Cao, C.-P., Finkeldey, R., Siregar, I. Z., Siregar, U. J., & Gailing, O. (2006). Genetic diversity within and among populations of *Shorea leprosula* Miq. and *Shorea parvifolia* Dyer (Dipterocarpaceae) in Indonesia detected by AFLPs. *Tree Genetics & Genomes*, 2, 225–239. <https://doi.org/10.1007/s11295-006-0046-0>
- Cao, C. P., Gailing, O., Siregar, I. Z., Siregar, U. J., & Finkeldey, R. (2009). Genetic variation in nine *Shorea* species (Dipterocarpaceae) in Indonesia revealed by AFLPs. *Tree Genetics and Genomes*, 5(3), 407–420. <https://doi.org/10.1007/s11295-008-0195-4>
- Catan, R., Mitoi, M., & Ion, R. (2013). The RAPD techniques used to assess the genetic diversity in *Draba dorneri*, a critically endangered plant species. *Advances in Bioscience and Biotechnology*, 4(2013), 164–169.
- Cuni Sanchez, A., De Smedt, S., Haq, N., & Samson, R. (2011). Variation in baobab seedling morphology and its implications for selecting superior planting material. *Scientia Horticulturae*, 130(1), 109–117. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2011.06.021>
- Danquah, J. A., Appiah, M., & Ari, P. (2011). Leaf morphometric variation in two species of african mahoganies: *Khaya ivorensis* and *Khaya anthotheca* (Meliaceae). *European Journal of Scientific Research*, 54(3), 325–338.
- Degen, B., & Sebbenn, A. M. (2014). Introduction and Overview on Factors Determining the Genetic. In *Tropical Forestry Handbook* (pp. 1–30). Berlin Heidelberg: Springer-Verlag. <https://doi.org/10.1007/978-3-642-41554-8>
- Dlamini, C. S. (2010). Provenance and family variation in germination and early seedling growth in *Sclerocarya birrea* sub-species *caffra*. *Journal of Horticulture and Forestry*, 2(9), 229–235.
- Dwiyanti, F. G., Harada, K., Zulkarnaen, I. Z., & Kamiya, K. (2014). Population genetics of the critically endangered species *Dipterocarpus littoralis* Blume (Dipterocarpaceae) endemic in Nusa Kambangan island, Indonesia. *Biotropia*, 21(1), 1–12.
- Freigoun, S. A. B., Raddad, E. Y. A., & Elagib, T. Y. (2017). Provenance variation in seed morphological traits and early seedling growth of *Balanites aegyptiaca* Del. *Sudan Journal of Agriculture Research*, 27(2), 93–108.
- Gudeta, T. B. (2018). Molecular marker based genetic diversity in forest tree populations. *Forestry Research and Engineering: International Journal*, 2(4), 176–182. <https://doi.org/10.15406/freij.2018.02.00044>
- Gupta, G., Handa, A. K., Ajit, & Maurya, D. (2016). Variation in seed and seedling traits of *Pongamia pinnata*. *Indian Forester*, 142(9), 852–857.
- Hidayat, Y. (2011). *Variasi genetik populasi pohon surian (Toona chinensis Roem) di Pulau Jawa*. Universitas Pajajaran.
- Ho, W. S., Liew, K. S., Elias, A. B., Fedrick, F. B., Khairil, M. A. M., Phui, S. L., & Julaihi, A. (2010). Genetic diversity of klampayan using dominant DNA markers based on inter-simple sequence repeats

- in Serawak. In *Symposium on Forestry and Forest Products (ISFFP), At Kuala Lumpur, Malaysia* (pp. 332–340).
- Indriani, F., Siregar, U. J., Matra, D. D., & Siregar, I. Z. (2019). Ecological aspects and genetic diversity of Shorea balangeran in two forest Ecological aspects and genetic diversity of Shorea balangeran in two forest types of Muara Kendawangan Nature Reserve, West Kalimantan, Indonesia. *Biodiversitas*, 20(2), 482–488. <https://doi.org/10.13057/biodiv/d200226>
- Larekeng, S. H., Restu, M., Gusmiaty, Millang, S., & Bacthiar, B. (2018). Moderate level of genetic diversity in Anthocephalus Macrophyllus Roxb, an endemic tree of Sulawesi and its implication in conservation. *International Journal of Agriculture System*, 6(1), 74–81. <https://doi.org/10.20956/ijas.v6i1.1449>
- Leng, T. S., Abdullah, J., & Seng, H. W. (2007). Genetic variation of kelampayan (Neolamarckia cadamba) trees for planted forest development in Serawak. In *Proceedings of Applied Forest Science Research Seminar 2007: Catalysing planted forest development and biodiversity conservation* (pp. 65–71). Kuching, Serawak: Serawak Forestry.
- Lind, M. I., & Johansson, F. (2011). Testing the role of phenotypic plasticity for local adaptation: growth and development in time-constrained Rana temporaria populations. *Journal of Evolutionary Biology*, 24, 2696–2704. <https://doi.org/10.1111/j.1420-9101.2011.02393.x>
- Liu, W., Zhao, Y., You, J., Qi, D., Zhou, Y., Chen, J., & Song, Z. (2016). Morphological and genetic variation along a North-to-South Transect in Stipa purpurea , a dominant grass on the Qinghai-Tibetan Plateau : Implications for response to climate change. *PLoS One*, 11(8), 1–22. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0161972>
- Lowe, A. J., Breed, M. F., Caron, H., Colpaert, N., Dick, C., Finegan, B., ... Cavers, H. M. V. S. (2018). Standardized genetic diversity-- life history correlates for improved genetic resource management of Neotropical trees. *Diversity and Distributions*, 24, 730–741. <https://doi.org/10.1111/ddi.12716>
- Nei, M. (1978). Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics*, 89, 583–590.
- Ohsawa, T., & Ide, Y. (2008). Global patterns of genetic variation in plant species along vertical and horizontal gradients on mountains. *Global Ecology and Biogeography*, 17, 152–163. <https://doi.org/10.1111/j.1466-8238.2007.00357.x>
- Pakhrou, O., Medraoui, L., Yatrib, C., Alami, M., Soudakourachi, S. I., El, A., ... El, C. (2016). Study of genetic diversity and differentiation of argan tree population (Argania spinosa L.) using AFLP markers. *Australian Journal of Crop Science*, 10(7), 990–999. <https://doi.org/10.21475/ajcs.2016.10.07.p7680>
- Pastorino, M. J., Ghirardi, S., Grosfeld, J., Gallo, L. A., & Puntieri, J. G. (2010). Genetic variation in architectural seedling traits of Patagonian cypress natural populations from the extremes of a precipitation range. *Annals of Forest Science*, 67, 1–10.
- Paun, O., & Schönswetter, P. (2012). Amplified Fragment Length Polymorphism (AFLP) - an invaluable fingerprinting technique for genomic, transcriptomic and epigenetic studies. *Methods Mol Biol*, 862, 75–87. <https://doi.org/10.1007/978-1-61779-609-8>
- Porth, I., & El-kassaby, Y. A. (2014). Assessment of the genetic diversity in forest tree populations using molecular markers. *Diversity*, 6, 283–295. <https://doi.org/10.3390/d6020283>
- Rahangdale, C. P., Koshta, L. D., Jain, K. K., & Dongre, R. P. (2017). Progeny variation in seed, germination and seedling traits in seedling seed orchard of Pongamia pinnata (L.) Pierre. *Indian Forester*, 141(6), 630–637.
- Rawat, K., & Bakshi, M. (2011). Provenance variation in cone, seed and seedling characteristics in natural populations of Pinus wallichiana A.B. Jacks (Blue Pine) in India. *Annals of Forest Research*, 54(1), 39–55.
- Ritonga, F. N., Dwiyantri, F. G. U. S., Kusmana, C., Siregar, U. J., & Siregar, I. Z. (2018). Population genetics and ecology of Sumatran camphor (Dryobalanops aromatica) in natural and community-owned forests in Indonesia. *Biodiversitas*, 19(6), 2175–2182. <https://doi.org/10.13057/biodiv/d190625>
- Souza, L. B. De, Ruas, E. A., Rodrigues, L. A., Ruas, C. F., & Ruas, P. M. (2013). AFLP marker analysis revealing genetic structure of the tree Parapiptadenia rigida (Benth.) Brenan (Leguminosae-Mimosoideae) in the southern Brazilian Tropical Rainforest. *Genetics and Molecular Biology*, 36(4), 533–539.
- Sudrajat, D. J. (2016). Genetic variation of fruit, seed, and seedling characteristics among 11 populations of white jabon in Indonesia. *Forest Science and Technology*, 12(1), 9–15. <https://doi.org/10.1080/21580103.2015.1007896>
- Sudrajat, D. J., Bramasto, Y., Siregar, I. Z., Siregar, U. J., Mansur, I., & Khumaida, N. (2014). Karakteristik tapak, benih dan bibit 11 populasi jabon putih (Anthocephalus cadamba Miq.). *Jurnal Penelitian Hutan Tanaman*, 11(1), 31–44.
- Surabhi, G., Mohanty, S., Meher, R. K., & Mukherjee, A. K. (2017). Assessment of genetic diversity in Shorea robusta: an economically important tropical tree species. *Journal of Applied Biology & Biotechnology*, 5(2), 110–117. <https://doi.org/10.7324/JABB.2017.50218>
- Tang, T., Jian, S., & Shi, S. (2003). Genetic diversity of Hibiscus tiliaceus (Malvaceae) in China assessed using AFLP markers. *Annals of Botany*, 92(2008), 409–414. <https://doi.org/10.1093/aob/mcg156>
- Tiong, S. Y., Ho, W. S., Pang, S. L., & Ismail, J. (2014). Nucleotide diversity and association genetics of xyloglucan endotransglycosylase/hydrolase (XTH) and cellulose synthase (CesA) genes in

- Neolamarckia cadamba. *Journal of Biological Sciences*, 14(4), 267–275.
- Tiong, S.Y., Chew, S.F., Ho, W. S., Julaihi, A. 2010. Genetic diversity of kelampayan (*Neolamarckia cadamba*) in Sarawak using ISSR markers. Proceeding of the 3rd Biotechnology Colloquium 2010. How far have we gone? Departement of Molecular Biology. Faculty of Resource Science and Technology. Universitas Malaysia Sarawak.
- Vos, P., Honger, R., Bleeker, M., Reijans, M., Van de Lee, T., Hornes, M., Frijters, A., Pot, J., Peleman, J., Kuiper, M., & Zabeau, M. (1995). AFLP: a new technique for DNA fingerprinting. *Nucleic Acid Research*. 23(21), 4407-4414.
- Wahyuni, N. I., & Kafiar, Y. (2017). Komposisi jenis dan struktur hutan sekunder di Nunukan Bolaan Mongondow Utara. *Jurnal Wasian*, 4(1), 27–36.
- Weber, J. C., Montes, C. S., Soumana, I., Diallo, B. O., Abasse, T., Larwanou, M., & Bationo, A. B. (2018). Genetic and geographic variation in growth of *Balanites aegyptiaca* in Niger: comparing results from provenance / progeny tests in the nursery and field. *New Forests*, (October), 1–19. <https://doi.org/10.1007/s11056-018-9686-9>
- Yiing, T. S., Fu, C. S., Seng, H. W., & Ling, P. S. (2014). Genetic diversity of *Neolamarckia cadamba* using dominant DNA markers based on inter-simple sequence repeats (ISSRs) in Sarawak. *Advances in Applied Science Research*, 5(3), 458–463.
- Zakyzayed, M., Ho, W., Pang, S., & Ahmad, F. B. (2014). EMS-induced mutagenesis and DNA polymorphism assessment through ISSR markers in *Neolamarckia cadamba* (kelampayan) and *Leucaena leucocephala* (petai belalang) Pelagia Research Library Pelagia Research Library. *European Journal of Experimental Biology*, 4(4), 156–163.
- Zhang, Y., Li, L., Tong, D., Yan, T., & Liu, Q. (2012). Genetic diversity analysis among and within populations of *Vatica mangachapoi* from China with RAPD and AFLP makers. *International Journal of Medicinal Plant Research*, 1(7), 93–98.
- Zulfahmi. (2016). Penanda DNA untuk analisis genetik tanaman. *Jurnal Agroteknologi*, 3(2), 41–52.