

**KERAGAMAN GENETIK LIMA POPULASI ULIN DI KALIMANTAN TIMUR
BERDASAR PENANDA RAPD**

**GENETIC VARIATION OF FIVE IRONWOOD POPULATIONS IN EAST
KALIMANTAN REVEALED BY RAPD MARKER**

Harkingto¹, Aziz Purwantoro², Djoko Prajitno², A. Widyatmoko³

ABSTRACT

Ulin or ironwood is a threatened forest tree species grows throughout Kalimantan and Sumatra. The species has been exploited due to its high economic value. Genetic diversity information is required to suggest and carry out appropriate conservation and breeding strategies. RAPD (Randomized Amplified Polymorphic DNA) marker is used to study genetic diversity through banding pattern polymorphism from the amplified DNA. The objectives of this study are to assess level and distribution pattern of genetic diversity of five ulin populations in East Kalimantan in order to support good recommendation for conservation strategy. Nineteen RAPD primers generated 48 polymorphic bands. Based on Analysis of Molecular Variance (AMOVA), those polymorphic bands indicated that the distribution of genetic diversity within populations (96%) was higher than that of among populations (4%). Cluster analysis using POPGENE 1.32 revealed that the five populations were split into two major groups. The first group was consisted of populations of TN Kutai, Meratus, S. Wain, and Samboja, whereas the second group was comprised the population of Lempake. The recent study distribution of genetic diversity and cluster-grouping pattern of the populations suggest that conservations program will be more effective and less time-consuming if collection effort is directed toward within-population individual considering grouping pattern of the populations. The population suggested to be collected is that which has large diversity in order to let a large portion of diversity being collected. According to that, Lempake and TN Kutai are suggested to be collected.

Key words: Genetic diversity, *Eusideroxylon zwageri*, RAPD, dendogram.

¹ Alumni Fakultas Pertanian Universitas Gadjah Mada, Yogyakarta

² Fakultas Pertanian Universitas Gadjah Mada, Yogyakarta

³ Pusat Penelitian dan Pengembangan Hutan Tanaman (P3HT), Yogyakarta

INTISARI

Ulin atau kayu besi (*Eusideroxylon zwageri* T. et B.) merupakan jenis pohon hutan di Kalimantan dan Sumatera yang status kelestariannya sedang terancam. Spesies tersebut dieksploitasi karena nilai ekonomisnya yang cukup tinggi. Untuk mendukung upaya konservasi dan pemuliaan jenis ini diperlukan informasi keragaman genetik. Studi keragaman genetik menggunakan penanda RAPD mampu mendeteksi keragaman (polimorfisme) melalui pola pita hasil amplifikasi DNA. Tujuan penelitian ini adalah untuk mengetahui tingkat dan distribusi keragaman genetik dari lima populasi ulin di Kalimantan Timur (TN Kutai, Meratus, S. Wain, Samboja dan Lempake) untuk mendukung program konservasi jenis ulin. Dengan menggunakan 19 primer RAPD dihasilkan 48 pita polimorfik. Analisis keragaman molekuler (AMOVA) berdasarkan pita polimorfik tersebut menunjukkan bahwa keragaman dalam populasi (96%) lebih besar dari keragaman antar populasi (4%). Dendogram analisis gerombol dengan POPGENE 1.32 membagi kelima populasi tersebut ke dalam dua kluster besar. Kluster pertama terdiri dari populasi TN Kutai, Meratus, S. Wain, dan Samboja, sedangkan kluster kedua hanya terdiri dari populasi Lempake. Distribusi keragaman dan pola pengelompokkan populasi dalam kluster seperti di atas menyimpulkan bahwa upaya konservasi lebih efektif jika mengutamakan koleksi individu di dalam populasi dengan tetap memperhatikan pola pengelompokkan populasi-populasi tersebut. Koleksi sampel dilakukan terhadap populasi yang mempunyai keragaman tinggi agar sebagian besar keragaman terwakili. Dalam hal ini koleksi sampel sebaiknya dilakukan terhadap populasi Lempake dan TN Kutai.

Kata kunci: Keragaman genetik, *Eusideroxylon zwageri*, RAPD, dendogram.

PENDAHULUAN

Hutan merupakan salah satu sumber daya alam yang menjadi tulang punggung devisa negara. Eksploitasi sumber daya hutan yang berlebihan selama tiga dekade sejak awal tahun 1970-an telah menyebabkan terjadinya degradasi sedemikian cepatnya terhadap fungsi-fungsi hutan termasuk di antaranya sebagai penyangga keanekaragaman hayati. Degradasi menjadi semakin parah dengan maraknya eksploitasi yang tidak terkendali dan di luar batas kemampuan produksi hutan sehingga banyak populasi jenis komoditas hutan yang mengalami kerusakan dan bahkan kepunahan.

Ulin (*Eusideroxylon zwageri* T. et B.), yang juga dikenal dengan nama kayu besi borneo, *belian* (Kalimantan), *bulian*, ataupun *onglen* (Sumatera), merupakan salah satu jenis pohon penyusun hutan tropika basah yang tersebar di Sumatera bagian selatan, kepulauan Bangka-Belitung, dan hampir seluruh wilayah Kalimantan (Heyne, 1987). Kayu ulin mempunyai banyak

keunggulan baik dari segi fisik maupun nilai ekonominya. Kayu ini mempunyai serat lurus dan termasuk kayu kelas I dalam hal kekuatan dan keawetannya. Oleh karena itulah kayu ini banyak digunakan masyarakat pada berbagai kepentingan konstruksi di darat maupun di laut seperti: bangunan, jembatan, dermaga, dan rangka kapal. Dewasa ini, ulin semakin sulit ditemukan di hutan alam karena pemanfaatan pohon ulin dewasa secara eksploitatif sehingga mengganggu regenerasi alamnya, dan juga karena tumbuhan ini hidup soliter, mempunyai penyebaran sempit, dan permudaan alamnya terbatas (Saebani dan Ahmad, 1997).

Pengelolaan hutan yang berhubungan dengan potensi ulin, selain melibatkan masyarakat dalam manajemen pengelolaan hutan dengan metode pendampingan dan pemberdayaan, juga diperlukan upaya konservasi, penelitian, dan pengembangan pemuliaan terpadu untuk mengamankan plasma nutfah dan biodiversitas komoditas tersebut yang dewasa ini juga semakin terancam oleh tingginya laju pembukaan hutan. Untuk mendukung kegiatan tersebut di atas, juga perlu dilakukan penetapan dan pengukuhan beberapa lokasi penyebaran ulin sebagai Pusat Pengembangan Ulin dalam bentuk areal konservasi *in situ* yang dilindungi oleh masyarakat setempat dan sebagai areal penelitian (Soewarno dan Thojib, 2000). Informasi sebaran populasi dan keanekaragaman genetik ulin akan sangat membantu dalam menentukan strategi pemuliaan dan konservasi selanjutnya untuk meningkatkan kualitas genetik komoditas tersebut.

Salah satu metode untuk mendapatkan informasi keanekaragaman genetik suatu komoditas ialah dengan menggunakan penanda genetika molekuler. Salah satu penanda molekuler yang digunakan dalam identifikasi keanekaragaman genetik adalah RAPD (*Randomized Amplified Polymorphic DNA*) yang dapat mendeteksi polimorfisme pada tingkatan DNA. RAPD mengidentifikasi perbedaan genetik antar individu dalam satu spesies dengan memanfaatkan proses amplifikasi DNA genom melalui PCR yang menggunakan satu primer acak (*random primer*) yang terdiri dari kira-kira 10 basa. Polimorfisme antar-individu selanjutnya dapat diamati dari hasil amplifikasi PCR yang dijalankan dengan proses elektroforesis pada gel agarose (Rajapakse *et al.*, 1995).

Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui tingkat dan distribusi keragaman genetik antar populasi dan dalam populasi serta hubungan kekerabatan antar populasi ulin di Kalimantan Timur. Manfaat yang dapat diperoleh dari penelitian ini adalah informasi mengenai distribusi keragaman genetik populasi dan hubungan kekerabatan antar populasi ulin di Kalimantan Timur untuk rekomendasi populasi sasaran koleksi materi genetik guna mendukung program konservasi jenis ulin.

BAHAN DAN METODE

Penelitian dilaksanakan di Laboratorium Genetika Molekuler, Pusat Penelitian dan Pengembangan Hutan Tanaman (P3HT), Pakem, Yogyakarta. Waktu pelaksanaan mulai dari bulan Juni 2005 sampai dengan bulan Desember 2005.

Bahan penelitian berupa sampel daun ulin yang berasal dari lima populasi daerah penyebaran ulin di Kalimantan Timur, yaitu Taman Nasional Kutai (TN Kutai), Hutan Lindung Gunung Meratus (Meratus), Hutan Lindung Sungai Wain (S. Wain), Hutan Penelitian Wanariset Samboja (Samboja), dan Kebun Raya Samarinda Lempake (Lempake).

Sampel daun diambil hanya dari tegakan ulin dewasa dengan jumlah 20 sampel per populasi. Pengambilan sampel dilakukan secara acak terhadap pohon-pohon yang mempunyai jarak antar pohon sekitar 100 m untuk menghindari kemungkinan sampel-sampel berkerabat atau berasal dari pohon induk yang sama. Analisis RAPD menggunakan 16 sampel daun ulin untuk masing-masing populasi.

Sampel diekstraksi dengan *mini beadbeater* dalam buffer ekstraksi yang terdiri dari psd H₂O, 1 M Tris pH 9.0, 5 M NaCl, 0.5 M EDTA, 10% CTAB, β -Mercapthoetanol selanjutnya hasil ekstraksi dipisahkan dengan *rotator* dalam 24 : 1 kloroform: isoamil alkohol sehingga terbentuk supernatan. Supernatan kemudian disentrifius dalam sodium asetat (NaOAc) dan isopropanol dan untuk mengendapkan DNA dari larutannya. Endapan pelet DNA dicuci dengan sentrius dalam etanol 70 % dingin. Pelet DNA kemudian dilarutkan dalam psd H₂O.

Purifikasi DNA dilakukan dengan kit purifikasi DNA (*Gene Clean III Kit* dan *Wizard DNA Clean-up Promega*). Hasil purifikasi dikuantifikasi dan didilusi sampai konsentrasi 2,5 ng DNA/ μ l sesuai dengan kebutuhan PCR.

Reaksi PCR dijalankan dengan mesin *thermal cycler GeneAmp PCR System 9700 Applied Biosystems* dengan total volume 10 μ l. Bahan reaksi PCR (*PCR mix*) terdiri dari psd H₂O, 10x Stoffel Buffer, dNTP, MgCl₂, *AmpliTaq DNA Polymerase Stoffel Buffer*, DNA primer dan 12,5 ng sampel DNA. Primer yang digunakan sebanyak 23 primer oligonukleotida Operon. Proses amplifikasi PCR yang dijalankan terdiri dari tahap pemanasan awal (94°C, 3 detik); tahap inkubasi (95°C, 60 detik); tahap 45 siklus yang masing-masing siklus terdiri dari denaturasi (94°C, 30 detik), penempelan (37°C, 30 detik), dan pemanjangan (72°C, 90 detik); dan tahap pemanjangan akhir (72°C, 5 menit).

Hasil PCR kemudian dielektroforesis pada konsentrasi agarose 1,5%, konsentrasi etidium 0,005% (pada buffer) dan 0,00625% (pada agar), larutan 1xTBE buffer dan dialirkan pada tegangan listrik 120 V selama 2 jam. Hasil

elektroforesis difoto dengan sinar UV menggunakan *Fotodyne Image Analyzer*.

Data yang diperoleh berdasarkan hasil skoring pita amplifikasi dengan klasifikasi "1" bila terdapat pita hasil amplifikasi, dan "0" bila tidak terdapat pita hasil amplifikasi. Analisa data dilakukan dengan 2 program komputer yaitu AMOVA (*Analysis of Molecular Variance*) GenAEx v6 dan POPGENE 1.32. POPGENE 1.32 menghitung distribusi keragaman genetik dan jarak genetik berdasarkan frekuensi alel berdasarkan asumsi Hardy-Weinberg (HW). Jarak genetik digunakan untuk analisis gerombol (*cluster analysis*) menggunakan metode UPGMA yang menghasilkan dendogram hubungan kekerabatan.

AMOVA (*Analysis of Molecular Variance*) menghitung signifikansi dan distribusi keragaman antar populasi dan dalam populasi yang membentuk struktur populasi berdasarkan jumlah perbedaan antara dua individu menggunakan data kualitatif molekuler secara langsung.

HASIL DAN PEMBAHASAN

Keragaman Hasil RAPD

Analisis RAPD terhadap tegakan ulin yang berasal dari populasi TN Kutai, Meratus, S. Wain, Samboja, dan Lempake di Kalimantan Timur menggunakan 23 primer Operon menghasilkan 19 primer yang mampu mendeteksi 48 pita polimorfik (85,8%) dari total sebanyak 56 pita yang dapat teramati dengan jelas (Tabel 1). Panjang pita polimorfik berkisar 230 – 880 bp. Jumlah pita polimorfik yang dihasilkan berkisar antara satu sampai lima pada tiap primer dengan rata-rata 2,5 pita per primer.

Pengamatan terhadap jumlah pita polimorfik untuk masing-masing populasi berdasarkan 56 pita RAPD di atas memperlihatkan persentase lokus polimorfik masing-masing populasi (Tabel 2). Populasi yang mempunyai jumlah lokus polimorfik paling banyak adalah populasi Meratus dan Samboja (48 lokus = 85,8%), sedangkan populasi yang mempunyai jumlah lokus polimorfik paling sedikit adalah Populasi TN Kutai dan S. Wain (46 lokus = 82,1%). Populasi Lempake mempunyai 47 lokus (83,9%) polimorfik. Tingginya persentase jumlah pita polimorfik dibandingkan dengan pita monomorfik dan tidak terdapatnya pita yang spesifik pada satu populasi menunjukkan bahwa ulin adalah jenis pohon yang mempunyai frekuensi *outcrossing* yang besar.

Tabel 1. Primer dan jumlah pita polimorfik yang dihasilkan

No	Primer	Sekuens (5'- 3)	Jumlah pita polimorfik	Jumlah pita monomorfik	Total
1	OPA-02	TGCCGAGCTG	3	0	3
2	OPA-18	AGGTGACCGT	1	2	3
3	OPA-20	GTTGCGATCC	2	0	2
4	OPG-02	GGCACTGAGG	4	1	5
5	OPG-03	GAGCCCTCCA	1	0	1
6	OPG-07	GAACCTGCGG	1	0	1
7	OPG-08	TCACGTCCAC	2	0	2
8	OPG-11	TGCCCGTCGT	5	0	5
9	OPG-12	CAGCTCACGA	2	0	2
10	OPG-19	GTCAGGGCAA	2	0	2
11	OPJ-04	CCGAACACGG	2	0	2
12	OPJ-18	TGGTCGCAGA	2	1	3
13	OPK-10	GTGCAACGTG	4	1	5
14	OPK-15	CTCCTGCCAA	4	0	4
15	OPS-11	AGTCGGGTGG	3	2	5
16	OPS-18	CTGGCGAACT	1	1	2
17	OPZ-03	CCTGGCGAGC	4	0	4
18	OPZ-12	TCAACGGGAC	3	0	3
19	OPK-16	GAGCGTCGAA	2	0	2
Total			48 (85,8%)	8 (14,2%)	56 (100%)

Tabel 2. Jumlah lokus polimorfik dan persentase lokus polimorfik masing-masing populasi

Populasi	Jumlah lokus polimorfik	% lokus polimorfik
TN Kutai	46	82,1%
Meratus	48	85,8%
S. Wain	46	82,1%
Samboja	48	85,8%
Lempake	47	83,9%

Keragaman Genetik Populasi Ulin di Kalimantan Timur

Hasil AMOVA (Peakall dan Smouse, 2001) (Tabel 3) menunjukkan bahwa distribusi keragaman genetik dalam populasi (96%) jauh lebih besar dari antar populasi (4%).

Tabel 3. Analisis keragaman molekuler (AMOVA) terhadap lima populasi ulin di Kalimantan Timur berdasarkan keragaman penanda RAPD

Sumber Ragam	db	JK	KT	Est. Var.	%
Antar populasi	4	63,125	15,781	0,401	4%
Dalam populasi	75	702,063	9,361	9,361	96%
Total	79				

Hasil POPGENE 1.32 (Yeh *et al.*, 1999) juga menunjukkan kecenderungan yang sama. Koefisien variasi genetik (G_{st}) 0,055 menunjukkan bahwa distribusi keragaman genetik antar populasi hanya sebesar 5,55%. Nilai keragaman genetik (H) masing-masing populasi adalah sebagai berikut; 0,3464 (Meratus), 0,3492 (Samboja), 0,3576 (Lempake), 0,3629 (S. Wain), dan 0,3659 (TN Kutai) dengan nilai rata-rata (H_s) 0,3564. Nilai H_s menggambarkan besar keragaman genetik dalam populasi.

Kecenderungan pola distribusi keragaman seperti di atas sesuai dengan beberapa hasil penelitian pada populasi yang berkawin silang (*outcrossing*) seperti *Shorea leprosula* (Rimbawanto dan Suharyanto, 2005). Pola distribusi keragaman dapat disebabkan oleh sistem perkawinan (*mating system*), sejarah populasi dan spesiasi, sebaran populasi, letak geografis, dan *gene flow*, dan spesies yang berkawin silang, berdaur hidup panjang, sebarannya yang luas dan berkesinambungan dengan populasi yang besar cenderung memiliki keragaman genetik lebih besar di dalam populasi (Hamrick dan Godt, 1989).

Ulin, seperti jenis pohon hutan umumnya mempunyai tipe penyerbukan bersilang (*outcrossing*). Penyerbukan bersilang menyebabkan keragaman di dalam suatu populasi menjadi besar. Akumulasi proses *outcrossing* pada daur hidup ulin yang panjang turut berkontribusi terhadap akumulasi keragaman genetik. Frekuensi *outcrossing* yang sangat tinggi dapat dilihat pada ukuran biji yang sangat beragam dalam satu individu pohon.

Proses evolusi dan adaptasi populasi ulin pada lingkungan spesifik yang merupakan habitatnya akan menyebabkan masing-masing populasi mengembangkan karakter dan ciri spesifik secara morfologis dan genetik yang adaptif terhadap habitat khas masing-masing dan berbeda dengan populasi lainnya. Letak geografis masing-masing populasi ulin yang

dipisahkan oleh bentang alam seperti gunung, sungai, danau, atau padang rumput turut membantu proses diferensiasi populasi. Dalam perkembangannya, populasi-populasi yang terpisah tersebut akan menjadi berbeda satu sama lain secara genetis, sehingga menyebabkan munculnya keragaman antar populasi.

Keragaman antar populasi ulin yang rendah dapat disebabkan oleh proses *gene flow*. Aktivitas *gene flow* dapat berasal dari individu pohon sendiri seperti sistem perkawinan, morfologi organ reproduksi, bahan perbanyakan (seperti biji), dan lingkungan seperti bentang alam dan kondisi habitat (Lowe *et al.*, 2004).

Nilai keragaman genetik dalam populasi yang lebih besar dari nilai keragaman antar populasi dan nilai keragaman genetik dalam populasi antara satu populasi dengan populasi yang lainnya yang tidak berbeda jauh menunjukkan kemungkinan bahwa; kelima populasi tersebut pada awalnya mungkin merupakan satu populasi besar yang menempati satu wilayah luas di bagian selatan Kalimantan Timur, pada perkembangannya ada beberapa bagian populasi pada wilayah tertentu mengalami kepunahan disebabkan aktivitas manusia ataupun alam, daerah yang kosong ini kemudian menjadi bentang alam yang memisahkan populasi besar tersebut menjadi beberapa populasi. Proporsi keragaman antar populasi yang sangat rendah (4%) mengasumsikan bahwa meskipun populasi-populasi tersebut akhirnya berkembang terpisah-pisah, namun terdapat kemungkinan terjadi *gene flow* antara populasi-populasi yang relatif berdekatan. Populasi-populasi demikian disebut tersebar kontinu dan mempunyai sejarah asal yang sama.

Di dalam studi evolusi populasi ada dua jenis proses yang mempengaruhi diferensiasi populasi yaitu proses yang mendukung dan menghambat diferensiasi populasi. Proses yang mendukung diferensiasi adalah seleksi adaptasi, sedangkan proses yang menghambat diferensiasi adalah migrasi dan *gene flow*. Populasi yang terisolasi dalam waktu yang lama akan terdiferensiasi oleh seleksi adaptasi. *Gene flow* dan migrasi menetralkan proses diferensiasi tersebut dan mengembalikan keragaman genetik yang hilang karena seleksi adaptasi. Distribusi keragaman yang cenderung ke dalam populasi disebabkan sistem perkawinan *outcrossing*, ukuran populasi yang besar, dan daur hidup yang panjang; sedangkan distribusi keragaman yang cenderung ke keragaman antar populasi disebabkan oleh proses evolusi dan adaptasi, sejarah spesiasi, letak geografis dan bentang alam.

Hubungan Kekerbatan Antar populasi Ulin di Kalimantan Timur

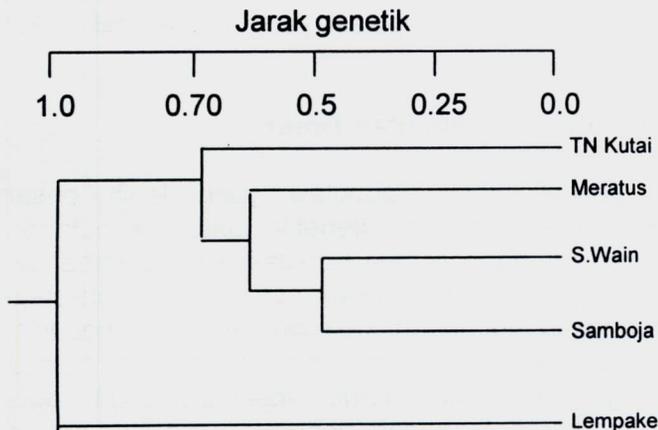
Nilai jarak genetik antar populasi (Tabel 4) digunakan dalam analisis kluster menggunakan metode UPGMA untuk menampilkan dendrogram hubungan kekerabatan. Jarak genetik antar populasi yang tertinggi (0,0620)

adalah antara Populasi Lempake dan S. Wain, sedangkan jarak genetik yang terendah (0,0249) adalah antara Populasi S. Wain dan Samboja.

Tabel 4. Nilai jarak genetik antar populasi (bawah diagonal) ulin di Kalimantan Timur berdasarkan *Nei's Original Measures of Genetic Distance* (1972)

Populasi	TN Kutai	Meratus	S. Wain	Samboja	Lempake
TN Kutai	xxxxx				
Meratus	0,0416	xxxxx			
S. Wain	0,0414	0,0378	xxxxx		
Samboja	0,0296	0,0328	0,0249	xxxxx	
Lempake	0,0489	0,0488	0,062	0,0475	xxxxx

Hasil dendogram (Gambar 1) berdasarkan Jarak Genetik Nei (1972) tersebut menunjukkan hubungan kekerabatan antara lima populasi di Kalimantan Timur tersebut terbagi dalam dua kelompok besar. Kelompok pertama hanya terdiri dari satu populasi yaitu Populasi Lempake, sedangkan kelompok kedua terdiri dari empat populasi lainnya. Kelompok kedua terbagi menjadi dua kluster yaitu kluster pertama Populasi TN Kutai dan kluster kedua terdiri dari Populasi Meratus, S. Wain, dan Samboja. Kluster kedua terbagi lagi menjadi dua subkluster yaitu subkluster pertama terdiri dari Populasi Meratus dan subkluster kedua terdiri dari Populasi S. Wain dan Samboja.



Gambar 1. Dendogram hubungan kekerabatan antara 5 populasi ulin di Kalimantan Timur berdasarkan *Nei's (1972) Genetic Distance Method* (UPGMA)

Pola pengelompokan populasi dan jarak genetik tersebut memperlihatkan hubungan yang nyata dengan distribusi geografis populasi ulin (Gambar 1). Populasi Samboja, Meratus, dan S. Wain berada dalam satu kluster karena letaknya berdekatan. Populasi S. Wain dan Samboja yang berada dalam satu subkluster sesuai dengan kenyataan di lapangan bahwa kedua populasi ini letaknya berdampingan. Populasi Lempake terpisah dari kelompok populasi lainnya dan mempunyai jarak genetik yang relatif tinggi terhadap populasi-populasi lainnya karena letak Populasi Lempake relatif berjauhan terhadap populasi-populasi lainnya. Populasi Kutai merupakan populasi yang secara geografis letaknya jauh terpisah dengan 4 populasi lainnya namun secara kluster populasi tersebut berada pada kelompok kluster pertama bersama dengan populasi Populasi Meratus, S. Wain, dan Samboja. Hal ini dapat disebabkan oleh kemungkinan terjadi migrasi biji di antara ketiga populasi tersebut karena pengaruh manusia. Penelitian terhadap populasi *Shorea leprosula* Miq. (Rimbawanto dan Suharyanto, 2005) menunjukkan terdapat korelasi antara jarak genetik dan letak geografis.

Pengelompokan populasi dipengaruhi oleh beberapa hal yaitu isolasi geografis, jarak populasi, dan *gene flow*. Populasi-populasi yang dipisahkan oleh bentang alam dan berada pada jarak yang jauh akan terdiferensiasi karena pengaruh adaptasi terhadap lingkungan dan isolasi reproduksi sehingga kekerabatan antar populasi semakin jauh. Populasi-populasi yang dekat dan mengalami *gene flow* antar populasi cenderung mempunyai tingkat kekerabatan yang lebih tinggi karena pencampuran alel akan memperbaiki tingkat keragaman, frekuensi genetik dan kesamaan genetik antara populasi. Tingkat kekerabatan antar populasi memengaruhi pola peng-kluster-an dendogram. Populasi-populasi yang berkerabat dekat cenderung berada dalam satu kluster.

Strategi Konservasi Populasi Ulin di Kalimantan Timur

Distribusi keragaman genetik dalam populasi yang lebih besar merekomendasikan bahwa koleksi material genetik untuk kebutuhan konservasi tidak perlu dilakukan terhadap semua populasi karena sebagian besar keragaman genetik telah cukup terdapat dalam satu populasi. Strategi koleksi individu mempertimbangkan hubungan kekerabatan antar populasi dan keragaman genetik suatu populasi. Hasil dendogram menunjukkan bahwa kegiatan koleksi material genetik tetap harus memperhatikan pola pengelompokan populasi agar keragaman dari populasi yang berkerabat jauh dapat terkoleksi; sedangkan nilai keragaman genetik dalam-populasi mengusulkan agar koleksi sebaiknya dilakukan terhadap populasi yang mempunyai nilai keragaman tinggi agar sebagian besar keragaman terwakili. Koleksi sampel harus dilakukan terhadap Populasi Lempake karena populasi tersebut mempunyai keragaman yang cukup tinggi dan relatif terpisah dengan populasi lainnya.

KESIMPULAN DAN SARAN

Kesimpulan

1. Distribusi keragaman genetik dalam populasi lebih tinggi dari keragaman genetik antar populasi pada kelima populasi ulin di Kalimantan Timur.
2. Hubungan kekerabatan kelima populasi ulin di Kalimantan Timur memperlihatkan hubungan yang nyata dengan jarak dan distribusi geografis populasi.
3. Populasi S. Wain mempunyai hubungan kekerabatan yang paling dekat dengan populasi Samboja sesuai dengan jarak geografis kedua populasi tersebut yang saling berdekatan.

Saran

Mengingat distribusi keragaman genetik dalam populasi lebih tinggi dari distribusi keragaman genetik antar populasi maka agar kegiatan konservasi dapat berjalan efektif dan efisien koleksi material genetik lebih diutamakan dilakukan terhadap individu di dalam populasi dengan tetap memperhatikan pola pengelompokan hubungan kekerabatan antar populasi berdasarkan hasil dendogram. Koleksi sampel tidak perlu dilakukan terhadap semua populasi yang terdapat di Kalimantan Timur, tetapi hanya terhadap populasi yang mempunyai keragaman tinggi agar sebagian besar keragaman dapat terwakili. Koleksi sampel sebaiknya dilakukan terhadap populasi Lempake karena selain mempunyai keragaman yang tinggi, secara kluster populasi Lempake juga terpisah jauh dengan populasi yang lain sehingga populasi tersebut mungkin mempunyai alel-alel yang tidak dimiliki oleh populasi lainnya. Koleksi sampel juga dapat dilakukan terhadap populasi TN Kutai apabila memungkinkan koleksi sampel lebih dari satu populasi karena populasi tersebut mempunyai keragaman yang paling tinggi.

DAFTAR PUSTAKA

- Hamrick, J.L. and M.J.W. Godt. 1989. Allozyme diversity in plants. In: Brown A.H.D., M.T. Clegg, A.L. Kahler, and B.S. Weir (eds). *Plants Population Genetics-Breeding and Genetic Resources*. Sinauer. Sunderland. Massachusetts. pp.43- 63.
- Lowe A., S. Harris, and P. Ashton. 2004. *Ecological Genetics: Design, Analysis, and Application*. Blackwell Publishing. United Kingdom. 326 p.
- Nei, M. 1972. Genetic distance between populations. *Am. Nat.* 106: 283-292.
- _____. 1973. Analysis of gene diversity in subdivided populations. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA* 70: 3321-23.

- Peakall, R and P. Smouse. 2001. GenAIEx V 5: Genetic Analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. Australian National University. Canberra. Australia. <<http://www.anu.edu.au/BoZo/GenAlex/>>. Diakses 1 Oktober 2005.
- Rimbawanto, A. dan Suharyanto. 2005. Keragaman genetik populasi *Shorea leprosula* Miq. dan implifikasinya untuk program konservasi genetik. Dalam: Hardiyanto E.B. (ed). Prosiding Seminar Nasional Peningkatan Produktivitas Hutan-Peran Konservasi Sumber Daya Genetik, Pemuliaan dan Silvikultur dalam Mendukung Rehabilitasi Hutan. Fakultas Kehutanan UGM dan International Tropical Timber Organization. Yogyakarta pp. 373-382.
- Yeh, F.C., R.C. Yang, T.B.J. Boyle, Z.H. Ye, and J.X. Mao. 1999. POPGENE 1.32, The User-Friendly Shareware for Population Genetic Analysis. Molecular Biology and Biotechnology Center. University of Alberta. Edmonton.