

**KARAKTERISASI KERAGAMAN GENETIK POPULASI
JABON PUTIH MENGGUNAKAN PENANDA *RANDOM
AMPLIFIED POLYMORPHISM DNA***

*Genetic diversity characterization of *Anthocephalus cadamba* population revealed by
Random Amplified Polymorphism DNA*

**ILG. Nurtjahjaningsih, Maryatul Qiptiyah, Tri Pamungkas,
AYPBC. Widyatmoko, Anto Rimbawanto**

Balai Besar Penelitian Bioteknologi dan Pemuliaan Tanaman Hutan
Jl. Palagan Tentara Pelajar Km 15, Purwobinangun, Pakem, Sleman, Yogyakarta 55582
e-mail: iluh_nc@yahoo.com

ABSTRACT

Anthocephalus cadamba (white jabon) has high economical value for furniture. White jabon forests severely degraded due to intensive exploitation and land conversion. Genetic diversity is one of important consideration to design conservation and improvement strategies. Aim of this study was to access the genetic diversity values within and among population of white jabon. Leaf samples of white jabon were collected from conservation plots originated from West Lombok, Sumbawa, South Sumatera and West Sumatera. Red jabon was included as an outgroup population. Based on 37 polymorphic RAPD loci, the results showed comparable value of genetic diversity between white jabon and red jabon. Number of detected and rare alleles was highest founded in Sumbawa population among the other three populations of white jabon. As consequence, value of expected heterozygosity in the population was highest ($H_E=0.315$). Private allele was only detected in South Sumatera population. Principal coordinate analysis (PCA) showed that integrating between genetic and geographical distance was inconsistent; similar gene resources or human impact might be responsible for this result. The populations that have high value of genetic diversity and private allele are recommended to be selected for the conservation strategies, i.e. Sumbawa and South Sumatera.

Key word: white jabon, red jabon, outgroup, RAPD, genetic diversity

ABSTRAK

Anthocephalus cadamba (jabon putih) mempunyai nilai ekonomi tinggi untuk pertukangan. Hutan jabon putih banyak terdegradasi karena eksploitasi intensif dan konversi lahan. Keragaman genetik adalah salah satu pertimbangan penting untuk merancang strategi konservasi dan pemuliaan. Tujuan penelitian adalah untuk mengetahui nilai keragaman genetik di dalam dan antar populasi jabon putih. Contoh/cuplikan daun jabon putih dikumpulkan dari plot konservasi yang berasal dari Lombok Barat, Sumbawa, Sumatera Selatan dan Sumatera Barat. Penelitian ini menggunakan satu populasi jabon merah sebagai populasi pembanding. Berdasarkan 37 lokus RAPD polimorfik, hasil penelitian menunjukkan nilai keragaman genetik yang hampir sama antara jabon putih dan jabon merah. Jumlah allele yang terdeteksi dan allele yang jarang muncul mempunyai nilai paling tinggi di populasi Sumbawa diantara 3 populasi jabon putih yang lain. Hal ini menyebabkan nilai keragaman genetik harapan di populasi tersebut menunjukkan nilai tertinggi ($H_E=0,315$). Alel privat hanya ditemukan di populasi Sumatera Selatan. Analisis prinsip koordinat (PCA) menunjukkan bahwa jarak

Tanggal diterima: 1 Juni 2014; Direvisi: 22 Juni 2014; Disetujui terbit: 19 September 2014

genetik dan jarak geografis tidak saling berhubungan. Hal ini disebabkan oleh persamaan sumber genetik atau peran manusia. Populasi yang mempunyai nilai keragaman genetik tinggi dan allele privat direkomendasikan digunakan dalam strategi konservasi yaitu populasi Sumbawa dan Sumatera Selatan.

Kata kunci: Jabon putih, jabon merah, populasi pembanding, RAPD, keragaman genetik

I. PENDAHULUAN

Anthocephalus cadamba Miq. atau jabon putih merupakan salah satu tanaman yang berasal dari Asia Tenggara dan mempunyai nilai ekonomi tinggi untuk pertukangan (Krisnawati *et al.*, 2011). Di Indonesia, jabon putih sudah ditanam dalam skala besar sejak tahun 1930-an. Selain itu karena mudah diperbanyak secara vegetatif, sebarannya cukup luas yaitu di pulau Jawa, Kalimantan, Sumatera, Sulawesi, Sumbawa dan Papua (Krisnawati *et al.*, 2011). Jabon putih umumnya dijumpai pada hutan sekunder di sepanjang bantaran sungai dan daerah antara daerah berawa, daerah yang tergenang air secara permanen maupun secara periodik (Krisnawati *et al.*, 2011).

Hingga saat ini, populasi jabon putih sudah semakin rusak karena eksploitasi intensif dan konversi pemanfaatan lahan. Selain itu karena kompetisi yang kuat antar tegakan, pada umumnya jabon putih tumbuh berasosiasi dengan jenis lain dan berkelompok yang terdiri dari 3-6 individu

pohon (Pamungkas, komunikasi pribadi). Salah satu ancaman yang paling serius pada populasi terpisah-pisah adalah menurunnya keragaman genetik. Untuk mengatasi hal tersebut, strategi konservasi jabon putih sudah dimulai dengan dibangunnya petak konservasi *ex situ*. Selain digunakan sebagai petak konservasi genetik, petak tersebut juga diharapkan dapat digunakan sebagai materi genetik untuk pembangunan populasi dasar dalam strategi pemuliaan.

Keragaman genetik yang tinggi diperlukan untuk mempertahankan kehidupan suatu jenis dari serangan hama-penyakit, *fitness* dan adaptasi terhadap kondisi lingkungan. Banyak faktor yang mempengaruhi besarnya nilai keragaman genetik, di antaranya sifat reproduksi dan habitat di alam (Hamrick *et al.*, 1992). Jenis yang sebaran serbuk sari maupun bijinya dibantu oleh angin, cenderung mempunyai laju menyerbuk silang dan keragaman genetik tinggi. Oleh karena itu, pada umumnya jenis konifer mempunyai nilai keragaman genetik

yang lebih tinggi dibandingkan dengan jenis daun lebar (Moriguchi *et al.*, 2004). Struktur populasi yang menyambung dengan jumlah individu bereproduksi cukup banyak merupakan kondisi yang ideal, sehingga suatu populasi mampu mempertahankan besarnya keragaman genetik (Butcher *et al.*, 1998). Namun kondisi ideal tersebut jarang ditemukan di hutan alam (Manoel *et al.*, 2012).

Informasi nilai keragaman genetik populasi jabon putih merupakan salah satu pertimbangan penting dalam menentukan strategi konservasi maupun pemuliaan yang dilakukan. Dengan pertimbangan bahwa jabon putih sudah disebarkan sejak kurun waktu cukup lama dalam wilayah di Indonesia yang luas, serta mudah diperbanyak secara vegetatif maka akan mempersulit identifikasi sumber benih, maupun identifikasi hutan alam atau tanaman pada kondisi hutan jabon putih yang ada sekarang. Selain itu, keterbatasan ketersediaan lahan konservasi mengharuskan suatu plot konservasi dirancang menggunakan populasi dengan nilai keragaman genetik yang memadai/tinggi dengan perbedaan genetik antar populasi yang tinggi. Sistem pemisahan jalur antar populasi juga harus dilakukan untuk

menghindari kontaminasi gen antar populasi sehingga menentukan kelayakan suatu plot konservasi yang digunakan sebagai populasi dasar dalam strategi pemuliaan. Identifikasi populasi jabon putih sudah dilakukan menggunakan morfologi biji (Pamungkas, komunikasi pribadi). Selanjutnya, identifikasi populasi jabon putih secara genetik akan menambah informasi sehingga dapat menyimpulkan identitas populasi dengan lebih akurat.

Tujuan penelitian ini adalah mengetahui nilai keragaman genetik di dalam dan antar populasi jabon putih. Peran penelitian ini adalah menginformasikan status keragaman genetik dan diharapkan dapat digunakan sebagai pertimbangan untuk meningkatkan efisiensi penyusunan strategi konservasi dan pemuliaan jabon putih.

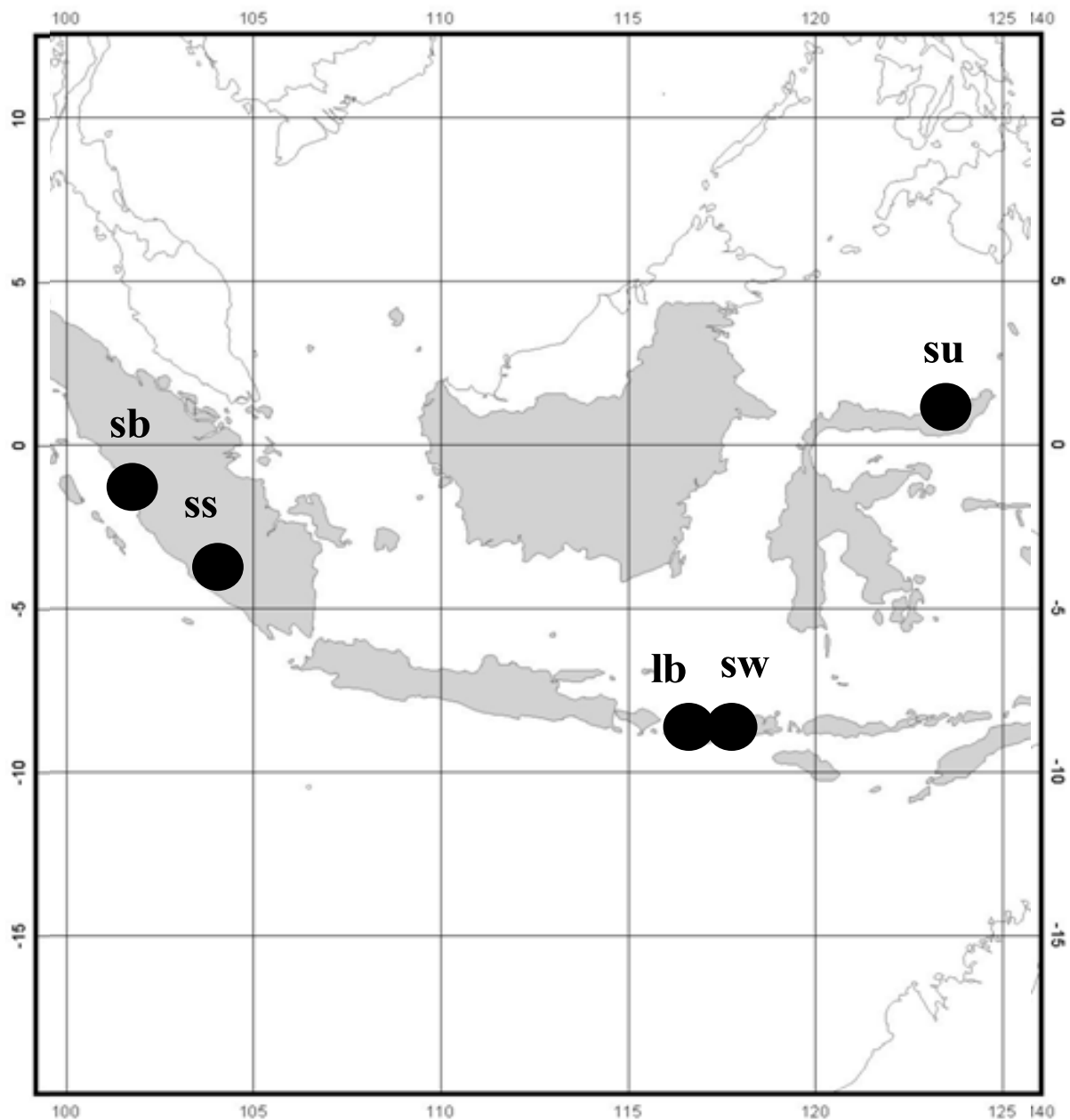
II. BAHAN DAN METODE

A. Lokasi penelitian

Contoh daun jabon putih dikumpulkan dari petak konservasi yang dibangun oleh Balai Besar Penelitian Bioteknologi dan Pemuliaan Tanaman Hutan, terletak di Temanggal, Magelang (Jawa Tengah) dan Gunung Kidul (Daerah Istimewa Yogyakarta).

Jabon putih berasal dari empat sebaran alamnya yaitu Lombok Barat, Sumbawa, Ogan Ilir (Sumatera Selatan) dan Pasaman (Sumatera Barat) (Gambar 1). Sebagai pembanding (*out group*), digunakan jabon merah yang berasal dari sebaran alam di Sulawesi Utara (Gambar 1). Pada penelitian

ini, daerah sebaran alam tersebut selanjutnya diperlakukan sebagai populasi jabon putih yaitu Lombok Barat (lb), Sumbawa (sw), Ogan Ilir (Sumatera Selatan; ss), Pasaman (Sumatera Barat; sb) dan populasi jabon merah yaitu Sumatera Utara (su) (Tabel 1).



Keterangan: lb=Lombok Barat; sw=Sumbawa; sb=Sumatera Barat; ss=Sumatera Selatan; su=Sulawesi Utara

Gambar 1. Sebaran alam empat populasi jabon putih dan satu populasi jabon merah yang digunakan sebagai bahan kegiatan penelitian

Tabel 1. Sekuen primer RAPD dan jumlah lokus polimorfik pada jabon

Nama populasi	Jenis	Kode populasi	Wilayah	Jumlah contoh	Ketinggian tempat (m dpl)	Letak astronomis	Sifat tempat tumbuh	
Lombok Barat	Jabon putih	lb	NTB	12	20-400	08°48'19" LS - 08°51'39" LS	116°01'37" BT - 116°03'08,4" BT	Tumbuh di tepi laut, sepanjang aliran sungai, tempat terbuka pada dataran rendah dan perbukitan
Sumbawa	Jabon putih	sw	NTB	9	75-400	8°6' LS - 9°5' LS	117°42' BT - 118°30' BT	Tumbuh di sepanjang aliran sungai, tempat terbuka pada dataran rendah, dan perbukitan
Sumatera Barat	Jabon putih	sb	Sumatera	12	200-700	00°18'45" LU - 00°22'30" LU	100° 00'00" BT - 100°07'30" BT	Sebagian besar tumbuh di tepi sungai
Sumatera Selatan	Jabon putih	ss	Sumatera	16	40-100	3°02' LS - 3°48' LS	104°20' BT - 104°48' BT	Tumbuh di daerah rawa air tawar, daratan yang tergenang secara periodik dan daratan yang tidak tergenang
Sulawesi Utara	Jabon merah	su	Sulawesi	36	15 – 580	00°49'20,72" LU - 01°34'23,6" LU	123°53'53,15" BT - 124°53'52" BT	Sebagian besar tumbuh di dekat aliran air atau di tepi sungai dan tanah berbatu

B. Ekstraksi DNA dan analisis RAPD

Untuk mendapatkan total DNA, contoh daun seberat 50 mg, yang telah dikeringkan menggunakan silika gel, diekstraksi menggunakan metode CTAB (Shiraishi and Watanabe, 1995). Larutan PCR terdiri dari 10µL yang merupakan campuran dari 10 x *buffer stoffel*, 3 mM MgCl₂, 0,2 mM dNTP, 0,05 Unit *AmpliTaq stoffel polymerase*, 10µM primer RAPD dan 10 ng/µL total DNA. Kondisi PCR terdiri dari denaturasi pada suhu 94°C selama 5 menit, dilanjutkan

dengan 45 siklus yang terdiri dari denaturasi (94 °C selama 1,5 menit), penempelan primer (37 °C selama 30 detik) dan pemanjangan untai DNA (70 °C selama 30 °C), kemudian pemantapan pada suhu 70 °C selama 5 menit. Proses PCR dilakukan menggunakan mesin *thermal cyclers* GeneAmp PCR system 9700 (Applied Biosystem).

Penelitian ini menggunakan 8 primer RAPD yang telah berhasil discreening dari penelitian sebelumnya dengan total lokus polimorfik sebanyak 37 (Sukenda, data tidak dipublikasikan, Tabel 2.)

Tabel 2. Sekuen primer RAPD dan jumlah lokus polimorfik pada jabon

No.	Nama primer	Sekuen (5'-3')	Jumlah lokus polimorfik	Ukuran lokus polimorfik (bp)
1.	OPA1	CAGGCCCTTC	5	300, 490, 500, 550, 600
2.	OPA4	AATCGGGCTG	5	300, 350, 450, 520, 550
3.	OPA7	GAAACGGGTG	3	350, 450, 550
4.	OPA12	TCGGCGATAG	5	400, 500, 700, 800, 900
5.	OPA19	CAAACGTCGG	5	300, 350, 400, 600, 700
6.	OPQ14	GGACGCTTCA	3	450, 550, 650
7.	OPQ15	GGGTAACGTG	6	380, 420, 600, 650, 700, 750
8.	OPQ16	AGTGCAGCCA	5	300, 380, 400, 500, 600
Jumlah			37	

C. Analisis Data

Parameter keragaman genetik di dalam populasi yang digunakan adalah jumlah allele yang terdeteksi, jumlah alel privat (alel yang hanya dimiliki oleh satu populasi saja), jumlah alel yang jarang muncul (*rare*; frekuensi $\leq 50\%$) dan nilai keragaman genetik (H_E). Analisis prinsip koordinat (*Principle Coordinate Analysis*; PCA) dilakukan untuk menguji kedekatan genetik dengan posisi geografis antar individu. Parameter keragaman genetik dan PCA dianalisis menggunakan program komputer GenAlex (Peakall and Smouse, 2012).

III. HASIL DAN PEMBAHASAN

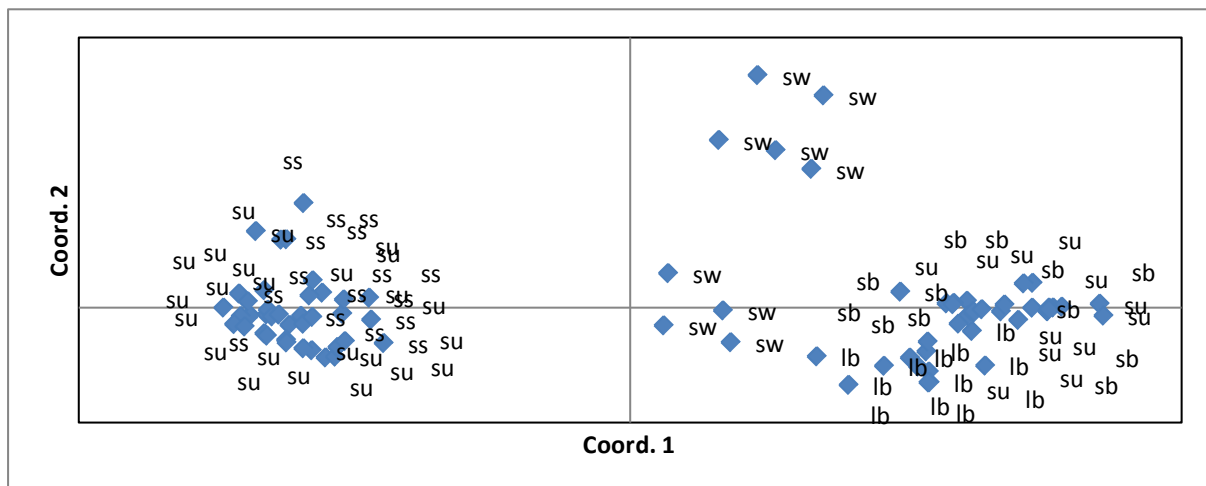
A. Hasil

1. Keragaman genetik di dalam populasi

Berdasarkan 37 lokus RAPD polimorfik, jumlah alel pada masing-masing populasi jabon putih berkisar antara 17 (Sumatera Selatan) – 31 (Sumbawa) dan 30 pada jabon merah. Jumlah allele privat hanya dimiliki oleh populasi Sumatera Selatan (sebanyak 2 alel). Alel yang jarang muncul (*rare allele*) dimiliki oleh hampir semua populasi baik jabon putih maupun jabon merah, kecuali populasi Sumatera Barat. Jumlah *rare allele* pada jabon putih berkisar antara 3 (Sumatera Selatan) - 6 (Sumbawa), dan sejumlah 2 alel pada jabon merah.

Tabel 3. Nilai keragaman genetik di dalam empat populasi jabon putih dan satu populasi jabon merah berdasarkan 37 lokus polimorfik RAPD

Nama populasi	Kode populasi	N	Jumlah alel	Jumlah alel privat	Jumlah <i>rare allele</i>	H_E (SE)
Lombok Barat	Lb	12	23	0	4	0,196 (0,036)
Sumbawa	Sw	9	31	0	6	0,315 (0,033)
Sumatera Barat	Sb	12	18	0	0	0,136 (0,032)
Sumatera Selatan	Ss	16	17	2	3	0,171 (0,034)
Jumlah/Rerata nilai keragaman jabon putih		49	22,3	2	4.3	0,204
Sulawesi Utara	Su	36	30	0	2	0,200 (0,025)



Keterangan: lb=Lombok Barat; sw=Sumbawa; sb=Sumatera Barat; ss=Sumatera Selatan; su=Sulawesi Utara

Gambar 2. Analisis prinsip kordinat individu dalam populasi jabon putih dan jabon merah

Banyaknya jumlah alel yang terdeteksi, alel khusus dan *rare* alel menentukan nilai heterozigositas harapan (H_E). Populasi jabon putih dari wilayah NTB (Lombok Barat dan Sumbawa) mempunyai nilai keragaman yang lebih tinggi dibandingkan nilainya dari wilayah Sumatera (Sumatera Barat dan Sumatera Selatan). Nilai H_E pada populasi jabon putih berkisar antara 0,136 (Sumatera

Barat) – 0,315 (Sumbawa) dengan nilai rata-rata sebesar 0,204, sedangkan nilai H_E pada jabon merah adalah 0,200.

2. Analisis prinsip koordinat

Analisis prinsip koordinat menunjukkan bahwa populasi jabon putih dari wilayah NTB (Lombok Barat dan Sumbawa) saling berdekatan baik secara geografis maupun genetik. Populasi dari

wilayah Sumatera (Sumatera Barat dan Sumatera Selatan), walaupun berdekatan secara geografis namun berjauhan secara genetik. Populasi Sumatera Barat berada dalam ordinat yang sama dengan populasi Lombok Barat maupun Sumbawa. Sebagian individu jabon merah (su) berada dalam ordinat yang sama dengan populasi Sumatera Selatan, sebagian individu berada dalam ordinat yang sama dengan populasi Lombok Barat dan Sumbawa.

B. Pembahasan

1. Keragaman genetik di dalam populasi

Berdasarkan 37 penanda RAPD polimorfik, rata-rata keragaman genetik jabon putih termasuk dalam nilai yang sedang (rata-rata $H_E=0,204$) apabila dibandingkan dengan jenis lain (rata-rata H_E nyamplung =0,186; Nurtjahjaningsih dkk, *submitted* 2014). Demikian pula dengan nilai keragaman genetik jenis jabon merah ($H_E=0,200$). Seperti disebutkan di atas bahwa sebaran tegakan jabon putih cukup luas, hampir di seluruh pulau di Indonesia. Tegakan dengan sebaran geografis yang luas cenderung mempunyai keragaman genetik tinggi di dalam populasi, dan mempunyai struktur populasi yang lemah (Giang *et al.*,

2006; Tsuda and Ide, 2005).

Habitat terpisah-pisah dan konversi lahan menyebabkan ukuran populasi jabon putih di wilayah Sumatera lebih kecil dibandingkan di NTB. Salah satu konsekuensi dari kecilnya ukuran populasi adalah rendahnya jumlah alel dan nilai keragaman genetik (H_E) (Tabel 2). Populasi-populasi yang menyambung mempunyai ukuran populasi yang lebih tinggi dibandingkan populasi terpisah-pisah sehingga mendorong terjadinya aliran gen (*gene flow*) yang tidak terbatas. Seperti pada populasi *Acacia mangium*, sifat sebaran alam yang menyambung di Queensland diduga menyebabkan tingginya nilai keragaman genetik dibandingkan sebaran alam yang terpisah-pisah di PNG (Butcher *et al.*, 1998). Nilai keragaman genetik sering dikaitkan dengan ukuran populasi suatu jenis. Ukuran populasi yang lebih rendah di wilayah Sumatera dapat menjadi salah satu faktor penyebab rendahnya nilai keragaman genetik populasi di wilayah tersebut. Ukuran populasi kecil menyebabkan tingginya penyimpangan keragaman genetik, damparan genetik sebagai pengaruh populasi leher botol (*bottleneck*) akibat menurunnya jumlah individu dalam suatu populasi, serta

perkawinan kerabat (*inbreeding*) (Angeloni *et al.*, 2014; Cusker *et al.*, 2014; Edwards *et al.*, 2014). Penyimpangan genetik dikaitkan dengan proses perubahan frekuensi alel pada kemampuan beradaptasi dan bereproduksi; sedangkan pengaruh populasi leher botol dihubungkan dengan menurunnya ukuran populasi yang menyebabkan peningkatan peluang untuk tidak diwariskannya alel tertentu, serta berpotensi meningkatkan frekuensi kawin kerabat.

Jabon putih di Sumatera Selatan tumbuh di daerah pasang-surut sementara dan wilayahnya cukup terisolasi oleh perbukitan (Tabel 1). Walaupun, nilai keragaman genetik pada populasi ini lebih rendah dibandingkan di wilayah NTB, namun nilainya masih cukup tinggi dibandingkan populasi Sumatera Barat. Selain itu, populasi Sumatera Selatan merupakan satu-satunya populasi yang mempunyai alel privat. Oleh karena itu pengaruh leher botol dan kawin kerabat mungkin bukan suatu alasan rendahnya keragaman genetik pada populasi ini dibandingkan dengan populasi di wilayah NTB. Pada ukuran populasi kecil beberapa jenis menunjukkan evolusi adaptasi yang ditunjukkan dengan perubahan frekuensi allele dalam proses penyimpangan genetik

(Radespiel and Bruford, 2014). Edwards *et al.* (2014) melaporkan bahwa tingginya keragaman genetik pada populasi *Erigeron lemmoni* menunjukkan bahwa kecilnya ukuran populasi pada tingkatan/nilai tertentu tidak disebabkan karena pengaruh leher botol maupun kawin kerabat, namun disebabkan oleh penyimpangan genetik. Sedangkan rendahnya keragaman genetik di populasi Sumatera Barat menunjukkan pengaruh leher botol atau terjadinya proses kawin kerabat.

2. Keragaman genetik antar populasi

Analisis prinsip koordinat menunjukkan populasi Sumatera Barat berada pada satu ordinat dengan populasi Lombok Barat dan Sumbawa. Banyak faktor yang mengakibatkan pencampuran gen antar populasi, diantaranya pencampuran secara alami melalui perkawinan/hibridisasi, persamaan nenek moyang (*refugia*) atau peran manusia baik domestikasi maupun budidaya (Giang *et al.*, 2006; Hu *et al.*, 2010; Lusini *et al.*, 2014; Peters *et al.*, 2014). Pencampuran gen secara alami disebabkan proses aliran gen antar populasi melalui sebaran serbuk sari maupun melalui biji (Dow and Ashley, 1998). Proses aliran sering dikaitkan dengan jarak geografis

populasi. Semakin dekat jarak geografis maka proses aliran gen tidak terhalang sehingga jarak genetik semakin dekat (Tsuda and Ide, 2005). Pencampuran gen pada hutan di daerah *temperate* terjadi karena pada masa glasial (es), semua dataran menyatu, sehingga banyak persamaan *refugia* (Hu *et al.*, 2010). Pencampuran gen antar populasi yang paling sering terjadi diakibatkan oleh peran manusia. Banyak penelitian yang melaporkan bahwa manusia banyak berperan dalam membentuk struktur genetik suatu populasi, domestikasi maupun mencampur asal-usul (Cusker *et al.*, 2014; Lusini *et al.*, 2014). Pada jenis kacang-kacangan yang sudah didomestikasi, pencampuran gen berasal dari beberapa *gene pool* sehingga zona pencampuran tersebut memiliki keragaman genetik yang tinggi (Lusini *et al.*, 2014). Berdasarkan telaah di atas, proses *gene flow* secara alami dari populasi Sumatera Barat ke populasi di wilayah NTB tidak mungkin terjadi karena jarak geografis yang terlalu jauh ($\pm 2,000$ km). Persamaan *refugia* antar populasi Sumatera Barat dan populasi di wilayah NTB juga sulit dipahami karena tidak pernah ada laporan tentang penyatuan secara geografis wilayah Sumatera dan NTB. Kesamaan struktur genetik antara populasi Sumatera Barat dan NTB hanya dapat

didekati dengan pencampuran gen yang diperankan oleh manusia. Jabon putih sudah dibudidayakan dan disebarakan sejak waktu yang lama dan mudah diperbanyak secara vegetatif, sehingga perpindahan sumber genetik dalam hal ini lebih diperankan oleh campur tangan manusia.

Sebaliknya, analisis prinsip koordinat menunjukkan populasi Sumatera Barat terpisah dari populasi Sumatera Selatan, meskipun mempunyai jarak geografis yang relatif lebih dekat dari 2 populasi jabon putih lainnya. Sebaran populasi yang luas, bisa menghilangkan sifat gen yang unik dari suatu populasi (Assis *et al.*, 2014). Hal ini yang mungkin terjadi pada populasi Sumatera Barat. Adanya alel privat pada populasi Sumatera Selatan menunjukkan populasi tersebut tidak terkontaminasi oleh 3 populasi jabon putih lainnya. Kemurnian genetik bisa terjaga karena penghalang geografis maupun antroplogis seperti pegunungan, sungai, laut, bendungan, jalan layang dan berkurangnya peran manusia (Baumsteiger and Aguilar, 2014; Boutilier *et al.*, 2014; Ng *et al.*, 2014; Prunier *et al.*, 2014).

IV. KESIMPULAN DAN REKOMENDASI

Berdasarkan 37 lokus RAPD, jabon putih mempunyai nilai keragaman genetik dalam kategori sedang. Perbedaan genetik antar empat populasi yang digunakan menunjukkan nilai yang tidak nyata, sehingga dalam menyusun strategi konservasi tidak memerlukan populasi dalam jumlah banyak. Populasi Sumbawa dan Sumatera Selatan cukup berpotensi untuk ditanam di plot konservasi karena mempunyai nilai keragaman genetik tinggi dan allele privat. Selain itu, adanya alel privat yang dimiliki oleh populasi Sumatera Selatan menyebabkan populasi ini harus ditanam secara terpisah untuk menjaga kemurnian gen dari populasi ini. Adanya proses aliran gen atau pencampuran *gene pool* antar populasi menyebabkan kedekatan secara geografis tidak selalu menunjukkan kedekatan secara genetik.

UCAPAN TERIMA-KASIH

Penulis menyampaikan terima kasih kepada Bapak Y. Triyanta dan Ibu Wahyunisari yang telah membantu pekerjaan di lapangan maupun di laboratorium.

DAFTAR PUSTAKA

- Angeloni, F., Vergeer, P., Wagemaker, C. A. M. and Ouborg, N. J. (2014). Within and between population variation in inbreeding depression in the locally threatened perennial *Scabiosa columbaria*. *Conserv Genet*, **15**: 331-342.
- Assis, J., Serrao, E. A., Claro, B., Perrin, C. and Perason, G. A. (2014). Climate-driven range shifts explain the distribution of extant gene pools and predict future loss of unique lineages in a marine brown alga. *Molecular Ecology*, **23**: 2797-2810.
- Baumsteiger, J., and Aguilar, A. (2014). Impact of dams on distribution, population structure, and hybridization of two species of California freshwater sculpin (*Cottus*). *Conserv Genet*, **15**: 729-742.
- Boutilier, S. T., Taylor, S. A., Morris-Pocock, J. A., Lavoie, R. A. and Friesen, V. L. (2014). Evidence for genetic differentiation among Caspian tern (*Hydroprogne caspia*) populations in North America. *Conserv Genet*, **15**: 275-281.
- Butcher, P. A., Moran, G. F. and Perkins, H. D. (1998). RFLP diversity in the nuclear genome of *Acacia mangium*. *Heredity*, **81**: 205-213.
- Cusker, M. R. M., Mandrak, N. E., Egeh, B. and Lovejoy, N. R. (2014). Population structure and conservation genetic assessment of the endangered Pugnose Shiner, *Notropis anogenus*. *Can. J. For. Res*, **15**: 343-353.
- Dow, B. D. and Ashley, M. V. (1998). High levels of gene flow in bur oak revealed by paternity analysis using microsatellites. *Journal of Heredity*, **89**: 62-70.
- Edwards, C. E., Lindsay, D. L., Bailey, P. and Lance, R. F. (2014). Pattern of genetic diversity in the rare *Erigeron lemmoni* and comparison with its more widespread congener, *Erigeron arisolius* (Asteraceae). *Conserv Genet*, **15**: 419-428.
- Giang, L. H., Geada, G. L., Hong, P. N., Tuan, M. S., Lien, N. T. H., Ikeda, S. and Harada, K. (2006). Genetic variation of two mangrove species in *Kandelia* (Rhizophoraceae) in Vietnam

- and surrounding area revealed by microsatellite markers. *Int. J. Plant Sci.*, **167**(2): 291-298.
- Hamrick, J. L., Godt, M. J. W. and Sherman-Broyless, S. L. (1992). Factor influencing levels of genetic diversity in woody plant species. *New Forest*, **6**: 95-124.
- Hu, L.-J., Uchiyama, K., Saito, Y. and Ide, Y. (2010). Contrasting patterns of nuclear microsatellite genetic structure of *Fraxinus mandshurica* var. *japonica* between northern and southern populations in Japan. *Journal of Biogeography (J. Biogeogr)*, **37**: 1131-1143.
- Krisnawati, H., Kallio, M. and Kanninen, M. (2011). *Anthocephalus cadamba* Miq. *Ekologi, Silvikultur dan Produktivitas*: CIFOR pp. 22.
- Lusini, I., Velichkov, I., Pollegioni, P., Chiochini, F., Hinkov, G., Zlatanov, T., Cherubini, M. and Mattioni, C. (2014). Estimating the genetic diversity and spatial structure of Bulgarian *Castanea sativa* populations by SSRs: implications for conservation. *Conserv Genet*, **15**: 283-293.
- Manoel, R. O., Alves, P. F., Dourado, C. L., Gaino, A. P. S. C., Freitas, M. L. M., Moraes, M. L. T. and Sebbenn, A. M. (2012). Contemporary pollen flow, mating patterns and effective population size inferred from paternity analysis in a small fragmented population of the Neotropical tree *Copaifera langsdorffii* Desf. (Leguminosae-Caesalpinioideae). *Conserv Genet*, **13**: 613-623.
- Moriguchi, Y., Taira, H., Tani, N. and Tsumura, Y. (2004). Variation of paternal contribution in a seed orchard of *Cryptomeria japonica* determined using microsatellite markers. *Can. J. For. Res.*, **34**: 1683-1690.
- Ng, J., Clemann, N., Chapple, S. N. J. and Melville, J. (2014). Phylogeographic evidence links the threatened 'Grampians' Mountain Dragon (*Rankinia diemensis* Grampians) with Tasmanian populations: conservation implications in south-eastern Australia. *Conserv Genet*, **15**: 363-373.
- Peakall, R. and Smouse, P. E. (2012). GenAlEx 6.5: genetic analysis in excel. Population genetic software for teaching and research -an update. *Bioinformatics Applications Note*, **28**(19): 2537-2539.
- Peters, J. L., Sonsthagen, S. A., Lavretsky, P., Rezsutek, M., Johnson, W. P. and McCracken, K. G. (2014). Interspecific hybridization contributes to high genetic diversity and apparent effective population size in an endemic population of mottled ducks (*Anas fulvigula maculosa*). *Conserv Genet*, **15**: 509-520.
- Prunier, J. G., Kaufmann, B., Lena, J.-P., Fenet, S., Pompanon, F. and Joly, P. (2014). A 40-year-old divided highway does not prevent gene flow in the alpine newt *Ichthyosaura alpestris*. *Conserv Genet*, **15**(453-468).
- Radespiel, U. and Bruford, M. W. (2014). Fragmentation genetics of rainforest animal: insight from recent studies. *Conserv Genet*, **15**: 245-260.
- Shiraishi, S. and Watanabe, A. (1995). Identification of chloroplast genome between *Pinus densiflora* Sieb et Zucc and *P. thumbergii* Parl based on the polymorphism in *rbcL* gene. *Journal of Japanese Forestry Society*, **77**: 429-436.
- Tsuda, Y. and Ide, Y. (2005). Wide-range analysis of genetic structure of *Betula maximowicziana*, a long-lived pioneer tree species and noble hardwood in the cool temperate zone of Japan. *Molecular Ecology*, **14**: 3929-3941.