

Implikasi Genetik Metode Pembiakan Tanaman *Shorea johorensis* Foxw pada Sistem Silvikultur Tebang Pilih Tanam Jalur (TPTJ)

Genetic implication of *Shorea johorensis* Foxw propagation methods in selective cutting and line planting silvicultural system

ISKANDAR ZULKARNAEN SIREGAR[✉], TEDI YUNANTO, PRIJANTO PAMOENGGAS
Departemen Silvikultur, Fakultas Kehutanan, Institut Pertanian Bogor (IPB), Kampus Darmaga, Bogor 16680.

Diterima: 13 Agustus 2008. Disetujui: 3 September 2008.

ABSTRACT

Attempt to rehabilitate degraded natural forests in Indonesia is recently carried out by applying selective cutting and line planting (TPTJ) silvicultural system. One of the most important aspects of TPTJ silvicultural system is the procurement methods of large number of planting stocks. *Shorea johorensis* Foxw was investigated in this regards as one of promising *Shorea* species for rehabilitating degraded forests due to its fast growing character. The species is usually propagated by three different propagation techniques, namely up-rooted seedlings, seeds and cuttings. Genetic consequences due to different propagation methods in this species are poorly known and need to be studied in order to determine genetic variation and differentiation. Material from five origins (populations), namely: (i) up-rooted seedlings, (ii) seeds, (iii) cuttings, (iv) young plantation and (v) natural forest were randomly taken in the field and subsequently assessed by RAPD using three previously tested random primers of OPO-11, OPO-13 and OPO-16. Results showed that natural tree populations showed the highest levels of genetic variation with mean values $na = 1.2593$, $ne = 1.2070$, $PLP = 25.93\%$ and $H_e = 0.1109$. Cutting populations showed the lowest levels of genetic variation with mean values $na = 1.1111$, $ne = 1.0773$, $PLP = 11.11\%$ and $H_e = 0.0445$. Meanwhile, according to the propagation techniques, up-rooted seedling population revealed the highest levels of genetic variation with mean values $na = 1.2222$, $ne = 1.1613$, $PLP = 22.22\%$ and $H_e = 0.0886$. Particular methods of plant propagation in this company, especially cutting method, reduced significant genetic variation of *S. johorensis*.

© 2008 Jurusan Biologi FMIPA UNS Surakarta

Key words: *Shorea johorensis* Foxw, RAPD, genetic variation, silvicultural system.

PENDAHULUAN

Selama tiga dasawarsa terakhir sejak dimulainya pemanfaatan dan pengusahaan hutan secara komersial dalam skala besar pada tahun 1970-an, sektor kehutanan telah menjadi salah satu pilar utama pembangunan ekonomi nasional yang memberikan dampak positif; namun di sisi lain, pada dasawarsa terakhir, hutan di Indonesia juga menghadapi tekanan yang sangat berat sebagaimana ditunjukkan oleh adanya perubahan penutupan vegetasinya. Menurut Poernama (2004) areal yang perlu direhabilitasi baik yang ada di dalam kawasan hutan dan di luar kawasan hutan adalah 46,3 juta ha. Pembalakan yang dilakukan untuk memenuhi kebutuhan bahan baku kayu cenderung terus meningkat terutama jenis meranti (*Shorea* spp.), namun kurang diimbangi dengan rehabilitasi lahan, sehingga menjadi salah satu penyebab tingginya laju kerusakan hutan di Indonesia.

Untuk menanggulangi kerusakan hutan, perlu dilakukan rehabilitasi. Salah satu upaya rehabilitasi adalah dengan penerapan sistem silvikultur Tebang Pilih Tanam Jalur (TPTJ). Sistem ini dipandang berhasil dalam pengelolaan hutan karena tidak memberikan dampak buruk terhadap

lingkungan (tanah dan biodiversitas) (Pamoengkas, 2006). Hal ini didukung oleh penelitian-penelitian yang berhubungan dengan dampak penerapan sistem silvikultur TPTJ ini, tetapi dampak baik atau buruk penerapan sistem silvikultur TPTJ dari sudut pandang genetik belum banyak diteliti.

Terdapat tiga jenis utama meranti yang dikembangkan oleh beberapa perusahaan pemegang izin usaha pemanfaatan hasil hutan kayu (IUPHHK) di Indonesia saat ini, yaitu *S. leprosula*, *S. parvifolia* dan *S. johorensis*. Ketiganya secara umum diperbanyak dengan tiga metode perkembangbiakkan, yaitu dari biji, stek dan cabutan. Secara teoritis perbedaan teknik perkembangbiakan akan menyebabkan perbedaan struktur genetik. Mengingat daur hidup pohon hutan lebih lama dibandingkan tanaman pertanian, maka dari sudut pandang genetik, teknik pengadaan bibit memegang peranan penting pada sistem silvikultur TPTJ. Dampak ketidaktepatan pemilihan metode perbanyak bibit untuk hutan tanaman tidak dapat diketahui secara langsung, tetapi baru diketahui beberapa tahun setelah penanaman (Finkeldey, 2005). Untuk menghindari resiko penanaman bibit dari variasi genetik yang sempit, maka informasi mengenai pengaruh teknik perkembangbiakan bibit terhadap struktur genetik menjadi penting bagi pengelolaan hutan.

Salah satu metode yang digunakan untuk penelusuran sifat tanaman dari segi genotipe adalah teknik analisis *Deoxyribose Nucleic Acid* (DNA), misalnya *Random Amplified Polymorphic DNA* (RAPD). Teknik RAPD

✉ Alamat korespondensi:

Kampus IPB Darmaga, Bogor 16680
Tel. +62-251-8624065, Fax. +62-251-8626886,
email:siregar@ipb.ac.id, izsiregar@yahoo.com

merupakan teknik analisis DNA yang sederhana dan mudah diaplikasikan dibandingkan dengan teknik analisis DNA lainnya. Teknik ini merupakan modifikasi dari *Polymerase Chain Reactions* (PCR) yang dikembangkan oleh Williams *et al.* (1990).

Tujuan penelitian ini adalah untuk mengetahui pengaruh metode perkembangbiakan tanaman terhadap variasi genetik *S. johorensis* dengan membandingkan variasi genetik antara metode biji, stek, cabutan, hasil tanaman dan pohon di hutan alam.

BAHAN DAN METODE

Tempat penelitian

Pengambilan sampel daun *Shorea johorensis* Foxw dari biji, stek, cabutan, hasil tanaman dan pohon di hutan alam, masing-masing dengan jumlah sampel minimum 6 individu berbeda secara acak, dilakukan di PT. Sari Bumi Kusuma, Kalimantan Tengah pada 111°18'-114°42' BT dan 01°59'-00°36' LU. Penelitian elektroforesis dan analisis DNA dilakukan di Bagian Silviculture, Departemen Silviculture, Fakultas Kehutanan, Institut Pertanian Bogor.

Bahan dan alat

Bahan-bahan yang digunakan adalah daun *S. johorensis* dari biji, stek, cabutan, hasil tanaman dan pohon di hutan alam. Bahan-bahan yang digunakan untuk proses ekstraksi DNA dan RAPD adalah silika gel, nitrogen cair, bahan-bahan kimia seperti Tris-HCl, EDTA, NaCl, CTAB 10%, etanol, propanol, kloroform, fenol, *HotStarTaq Master Mix* (Qiagen), primer (*Operon Technology*) dan DNA, sedangkan untuk proses uji kualitas DNA hasil ekstraksi dan RAPD dilakukan proses elektroforesis dengan gel agarose dan *ethidium bromide* (EtBr) untuk proses pewarnaan.

Alat-alat yang digunakan untuk ekstraksi DNA, RAPD dan analisis data di laboratorium meliputi mortar dan pestel, sarung tangan, pipet, pipet mikro, tips, mesin sentrifugasi, tube 2 mL dan mikrotube 0,2 mL, *vortex*, cetakan gel, bak elektroforesis, *microwave*, *power supply*, pH meter, gelas piala, gelas ukur, timbangan analitik, pengaduk magnet, desikator, *freezer*, *water bath*, *ultraviolet transilluminator*, kamera digital, mesin PCR dan komputer.

Ekstraksi DNA

Kegiatan ekstraksi dan isolasi DNA dari daun dilakukan menggunakan metode CTAB (*Cetyl Trimethyl Ammonium Bromide*) yang telah dimodifikasi untuk mendapatkan DNA yang cukup murni. Sampel daun (2x2 cm²) digerus menggunakan nitrogen cair di dalam pestel bersih, lalu dipindahkan ke dalam tube 1,5 mL dan ditambahkan 500-700 μ L larutan buffer ekstrak dan 100 μ L PVP 2%, kemudian hasil gerusan *divortex* agar menjadi homogen, selanjutnya diinkubasi dalam *waterbath* selama 45-60 menit pada suhu 65°C.

Untuk mengikat DNA ditambahkan kloroform 500 μ L dan fenol 10 μ L, lalu dikocok hingga homogen. Sentrifugasi dilakukan untuk memisahkan fase air dan fase bahan organik (supernatan) pada kecepatan 13.000 rpm selama 2 menit. Supernatan diambil dan dipindahkan ke dalam tube baru, ditambahkan isopropanol dingin 500 μ L dan NaCl 300 μ L, kemudian dikocok. Campuran supernatan dengan isopropanol dingin dan NaCl disimpan dalam *freezer* selama 45-60 menit untuk mendapatkan pelet DNA.

Kegiatan selanjutnya adalah proses pencucian DNA dengan menambahkan etanol 100% sebanyak 300 μ L, lalu disentrifugasi pada kecepatan 13.000 rpm selama 2 menit. Cairan etanol dibuang dengan hati-hati agar pelet DNA tidak ikut terbuang, kemudian pelet DNA disimpan di dalam desikator selama \pm 15 menit, selanjutnya ditambahkan larutan buffer TE 20 μ L, setelah itu *divortex* dan disentrifugasi kembali.

Seleksi primer

Primer adalah rantai pendek DNA yang dihasilkan secara buatan biasanya terdiri antara 10-25 nukleotida (Finkeldey, 2005). Primer berfungsi sebagai titik pemula terjadinya reaksi. Segmen DNA di antara kedua titik pertemuan primer akan diamplifikasi dalam reaksi PCR. Dalam teknik RAPD, umumnya primer yang digunakan berupa oligonukleotida yang memiliki panjang sebesar 10-mer yang dipilih secara acak dan minimum memiliki lima basa G dan C. Primer yang mempunyai panjang kurang dari 9-mer dapat digunakan, tetapi akan menghasilkan produk amplifikasi yang lebih sedikit dan diperlukan metode pewarnaan yang lebih sensitif untuk mendeteksinya.

Seleksi primer dimaksudkan untuk mencari primer acak yang menghasilkan penanda polimorfik, karena tidak semua primer nukleotida dapat menghasilkan produk amplifikasi (primer positif) dan dari primer positif tidak semuanya menghasilkan fragmen DNA polimorfik. Pada penelitian ini dilakukan survei terhadap 35 primer, yaitu primer dari golongan OPO dan OPY yang diproduksi oleh *Operon Technology*. Primer dari golongan OPO yaitu dengan memiliki kode primer O.1, O.2, O.4, O.5, O.6, O.7, O.8, O.9, O.10, O.11, O.12, O.13, O.14, O.15, O.16, O.18, O.19, dan O.20. Primer dari golongan OPY memiliki kode primer Y.1, Y.2, Y.3, Y.4, Y.5, Y.6, Y.8, Y.9, Y.11, Y.12, Y.13, Y.14, Y.15, Y.16, Y.17, Y.18, dan Y.20, dari hasil seleksi hanya dipilih 3 primer yaitu O.11, O13 dan O.16. Urutan nukleotida dari masing-masing primer adalah OPO.11 (5'-GACAGGAGGT-3'), OPO.13 (5'-GTCAGAGTCC-3'), dan OPO.16 (5'-TCGGCGGTTC-3').

Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD)

Menurut Bernard (1998) PCR merupakan suatu teknik untuk memperbanyak potongan DNA spesifik. Ada 4 komponen utama yang dibutuhkan untuk melakukan proses PCR yaitu (i) DNA target, (ii) Primer, (iii) DNA *polymerase*, dan (iv) 4 dNTP. Prinsip proses PCR adalah suatu siklus berjangka pendek (30-60 detik) dengan tiga perubahan suhu yang berubah secara cepat. Teknik RAPD tidak membutuhkan informasi awal tentang urutan basa suatu jenis, yang diperlukan adalah DNA yang relatif murni dan dalam jumlah yang relatif kecil dibandingkan RFLP. RAPD dapat diterapkan pada hampir semua jenis tanaman (Rimbawanto *et al.*, 2001). Jumlah DNA yang diperlukan dalam proses PCR-RAPD sangat sedikit yaitu sekitar 1 μ L atau \leq 10 ng/ μ L (Promega, 2003).

Reaksi PCR-RAPD dilakukan menggunakan 13 μ L volume larutan yang terdiri dari H₂O 2 μ L, primer 1,5 μ L, *HotStarTaq Master Mix* 7,5 μ L dan 2 μ L genomik DNA. Amplifikasi DNA dilakukan menggunakan mesin *PTC-100 Programmable Thermal Cycler* (MJ Research, Massachusetts, USA). Proses RAPD dilakukan menggunakan primer hasil dari seleksi. Pengaturan suhu pada mesin PTC-100 untuk reaksi PCR didasarkan atas penelitian Ratih *et al.* (1998) yang dimodifikasi (Tabel 1).

Tabel 1. Tahapan-tahapan dalam proses RAPD.

Tahapan	Suhu	Waktu	Jumlah siklus
Pre-denaturation	95°C	15 menit	1
Denaturation	95°C	1 menit	
Annealing	37°C	2 menit	45
Extension	72°C	2 menit	
Final extension	72°C	10 menit	1

Uji kuantitas dan kualitas DNA

Karakteristik pita DNA hasil ekstraksi dan RAPD dapat diamati dengan melakukan elektroforesis menggunakan gel agarose dalam larutan buffer 1x TAE. Karakteristik pita DNA hasil ekstraksi dapat diamati dengan gel agarose konsentrasi sebesar 1% (b/v), sedangkan hasil RAPD dianalisis dengan melakukan elektroforesis menggunakan 2,0 % (b/v) gel agarose.

Analisis data

Hasil RAPD yang telah dielektroforesis selanjutnya difoto dan dianalisis dengan melakukan *scoring* pola pita yang muncul. Pola pita yang muncul (positif) diberi nilai 1 dan pola pita yang tidak muncul (negatif) diberi nilai 0. Hasil *scoring* kemudian dianalisis untuk mengetahui frekuensi dan keragaman dalam dan antar populasi *S. johorensis* menggunakan *software* POPGENE Versi 1.2 (Yeh *et al.*, 1997). Pendugaan hubungan kekerabatan dilakukan berdasarkan jumlah pita polimorfik yang dimiliki bersama, sedangkan pengelompokan kerabat berdasarkan metode UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic mean*) dengan *software* NTSYS Versi 2.0 (Rohlf, 1998).

HASIL DAN PEMBAHASAN**Analisis RAPD**

Jumlah fragmen DNA hasil amplifikasi 3 primer (OPO-11, OPO-13, dan OPO-16) berkisar antara 1-10 pita tergantung pada jenis primer yang digunakan dan DNA yang dianalisis. Untuk primer OPO-11 dan OPO-13 ukuran fragmen yang didapatkan berkisar antara 400-2500 bp, sebagaimana ditunjukkan pada Gambar 1 (biji, stek, tanaman dan alam).

Variasi genetik**Variasi genetik dalam populasi**

Data keragaman genetik *S. johorensis* di dalam populasi ditunjukkan oleh nilai parameter keragaman genetik seperti disajikan pada Tabel 2. Parameter keragaman genetik yang

diukur adalah jumlah alel yang diamati (na), jumlah alel yang efektif (ne), jumlah lokus polimorfik, persentase lokus polimorfik (PLP), dan heterozigitas harapan (H_e).

Tabel 2. Pengukuran variasi genetik dalam populasi.

Populasi	Jumlah	Na	Ne	PLP	H_e
Biji	6	1,1852	1,1281	18,52%	0,0710
Stek	6	1,1111	1,0773	11,11%	0,0445
Cabutan	6	1,2222	1,1613	22,22%	0,0886
Tanaman	6	1,2593	1,1609	25,93%	0,0896
Alam	6	1,2593	1,2070	25,93%	0,1109

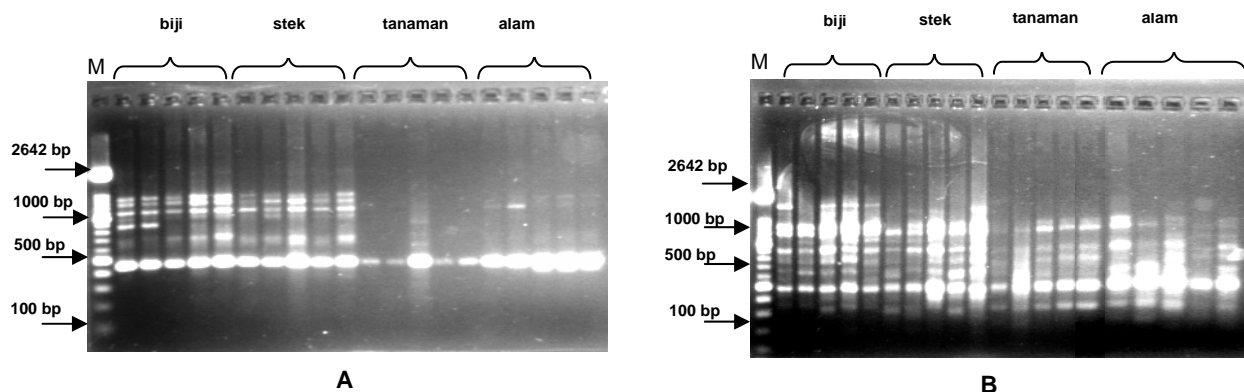
Keterangan: na : Jumlah alel yang diamati; ne : Jumlah alel yang efektif; H_e : Heterozigitas harapan = keragaman gen (Nei, 1973); PLP: Persentase Lokus Polimorfik.

Pada Tabel 2 terlihat bahwa populasi alam memiliki nilai rata-rata $na = 1,2593$, $ne = 1,2070$, PLP = 25,93% dan $H_e = 0,1109$, nilai ini merupakan nilai yang paling besar di antara 4 populasi yang lainnya, sedangkan populasi stek memiliki nilai rata-rata na , ne , PLP dan H_e yang paling kecil ($na = 1,1111$, $ne = 1,0773$, PLP = 11,11% dan $H_e = 0,0445$) dibandingkan dengan nilai rata-rata 4 populasi lainnya. Dilihat dari teknik perkembangbiakkannya, populasi cabutan memiliki nilai rata-rata na , ne , PLP dan H_e lebih besar ($na = 1,2222$, $ne = 1,1613$, PLP = 22,22%, $H_e = 0,0886$) dari populasi biji ($na = 1,1852$, $ne = 1,1281$, PLP = 18,52%, $H_e = 0,0710$) dan populasi stek ($na = 1,1111$, $ne = 1,0773$, PLP = 11,11%, $H_e = 0,0445$).

Berdasarkan parameter keragaman genetik pada Tabel 2, dapat dikatakan populasi alam memiliki keragaman genetik (H_e) paling tinggi, tetapi nilai keragaman genetik tersebut masih lebih rendah dibandingkan dengan jenis *Shorea* sp. lainnya (Tabel 3). Hal ini kemungkinan disebabkan oleh kerapatan populasi yang rendah. Kerapatan populasi yang rendah menyebabkan suatu jenis kurang bervariasi.

Populasi alam memiliki keragaman genetik paling tinggi di antara 4 populasi lainnya. Hal ini disebabkan oleh adanya dinamika struktur genetik akibat seleksi viabilitas, ukuran populasi, dan lain-lain. Menurut Alvarez-Buylla (1996) struktur genetik setiap siklus tanaman dari benih sampai dewasa berbeda-beda. Nilai heterozigositas meningkat seiring dengan perkembangan tanaman.

Populasi biji dan cabutan memiliki keragaman genetik lebih tinggi dibandingkan dengan stek, karena biji dan cabutan merupakan hasil perkembangbiakan secara seksual. Menurut Finkeldey (2005) reproduksi seksual menghasilkan sejumlah keturunan yang secara genetik berbeda pada kebanyakan pohon hutan. Populasi stek

**Gambar 1.** Hasil proses RAPD dengan primer OPO-11 (A) dan OPO-13 (B) pada *S. johorensis* yang didapat dari populasi biji, stek, tanaman dan hutan alam (data dari cabutan tidak ditunjukkan).

Tabel 3. Variasi genetik famili Dipterocarpaceae.

Jenis	Metode	H _e	Sumber
<i>S. leprosula</i>	Isozim	0,369	Lee <i>et al.</i> , 2000
<i>S. cordifolia</i>	Mikrosatelit	0,723	Stacy <i>et al.</i> , 2001
<i>S. curtisii</i>	Mikrosatelit	0,639	Ujino <i>et al.</i> , 1998
<i>S. leprosula</i>	Mikrosatelit	0,622	Lee <i>et al.</i> , 2004
<i>S. leprosula</i>	Mikrosatelit	0,686	Isoda <i>et al.</i> , 2001
<i>S. leprosula</i>	AFLP	0,161	Siregar <i>et al.</i> , 2005
<i>S. parvifolia</i>	AFLP	0,138	Siregar <i>et al.</i> , 2005

Keterangan: AFLP: *Amplified Fragment Length Polymorphism*.

merupakan populasi yang memiliki keragaman genetik paling rendah. Menurut Suryo (1986) stek merupakan hasil dari perkembangbiakan secara aseksual yang umumnya secara genetik lebih seragam. Metode pembiakan vegetatif dapat menghasilkan sejumlah ramet dari genotipe tertentu saja yang akhirnya dapat mempengaruhi tingkat keragaman genetik.

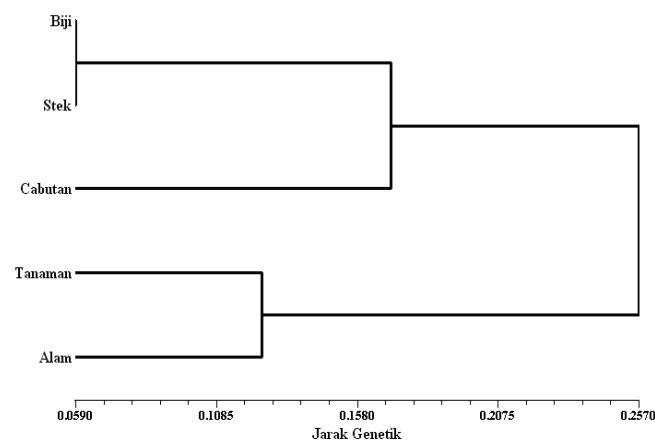
Variasi genetik cabutan hidup di alam lebih besar dibandingkan dengan variasi genetik biji, hal ini disebabkan antara lain oleh seleksi kemampuan hidup (viabilitas), jumlah individu yang banyak dari multigenerasi, sehingga seleksi viabilitas dalam merespon perubahan kondisi lingkungan lebih intensif dibandingkan dengan biji yang dikembangkan di persemaian.

Variasi genetik antar populasi

Berdasarkan analisis gerombol dan nilai jarak genetik (Tabel 4) menggunakan metode pemasangan kelompok aritmatika tidak berbobot (*Unweighted Pair-Grouping Method with Arithmetic Averaging*, UPGMA) dihasilkan dendrogram jarak genetik antar populasi seperti terlihat pada Gambar 2. Populasi biji dan stek membentuk kelompok (klaster) pertama, setelah itu populasi cabutan bergabung dengan kelompok pertama. Populasi alam membentuk kelompok ketiga dengan populasi tanaman. Akhirnya kelompok kedua dengan kelompok ketiga menyatu membentuk kelompok yang lebih besar.

Tabel 4. Jarak genetik antar populasi *S. johorensis*.

Populasi	Biji	Cabutan	Stek	Tanaman	Alam
Biji	****				
Cabutan	0,1382	****			
Stek	0,0590	0,2011	****		
Tanaman	0,3573	0,2779	0,2974	****	
Alam	0,2382	0,2016	0,1693	0,1243	****

**Gambar 2.** Dendrogram jarak genetik antar populasi *S. johorensis*.

Berdasarkan Tabel 4 hasil analisis gerombol menunjukkan bahwa jarak genetik terdekat adalah antara populasi stek dengan biji yaitu 0,0590. Hal ini menunjukkan populasi stek dikembangkan dari populasi biji. Populasi stek dikembangkan dari biji karena stek harus dikembangkan dari induk yang memiliki fisiologis yang masih muda. Cabutan di alam walaupun memiliki tinggi yang sama dengan bibit yang dikembangkan dari biji, tetapi umumnya bisa mencapai 1-2 tahun. Dilihat dari teknik perkembangbiakan populasi tanaman memiliki jarak genetik terdekat dengan populasi cabutan yaitu 0,2779. Hal ini sesuai dengan data penanaman dari PT. Sari Bumi Kusuma yang menyebutkan bahwa penanaman berasal dari cabutan sebanyak 70% dari total bibit yang ditanam setiap tahunnya pada saat musim tak berbuah (Suparna, 2004). Tidak menentunya musim berbunga dan berbuah pada famili Dipterocarpaceae menyebabkan perlunya pengembangan teknik perkembangbiakan vegetatif (Smits, 1993).

Implikasi genetik pada *S. johorensis*

Kegiatan tebang pilih dalam penerapan sistem silvikultur dapat menyebabkan ukuran populasi menjadi kecil dan jarak antar individu menjadi semakin jauh, sehingga aliran gen dan migrasi rendah serta penghanyutan genetik tinggi. Kegiatan tebang pilih yang sudah dilakukan selama kurang lebih 25 tahun menyebabkan ukuran populasi menjadi semakin kecil. Resiko hilangnya variasi genetik akibat penghanyutan akan meningkat pada populasi berukuran kecil (Finkeldey, 2005).

Ada dua aspek penting yang dipertimbangkan dalam pemilihan jenis untuk pembangunan hutan tanaman yaitu ekonomi dan ekologi. Dari segi ekonomi pembangunan hutan tanaman didasarkan atas sifat fenotipe yang "unggul" sesuai dengan tujuan penanaman, bersifat lestari, efisien, bersifat multifungsi dan untuk kegiatan persilangan. Dari segi ekologi aspek yang sangat penting dari pengelolaan hutan tanaman adalah tingginya kemampuan adaptabilitas tanaman terhadap kondisi lingkungan yang heterogen baik pada tingkat jenis maupun populasi.

Pengelolaan hutan dilakukan untuk jangka waktu yang panjang. Menurut Namkoong *et al.* (1996) salah satu indikator genetik dalam praktek manajemen hutan yang lestari adalah besarnya variasi genetik. Variasi genetik yang besar sangat mempengaruhi kemampuan suatu jenis untuk beradaptasi. Jenis dengan variasi genetik yang sempit akan rentan terhadap kondisi lingkungan yang heterogen. Sempitnya variasi genetik menyebabkan tanaman mudah terserang hama dan penyakit.

Salah satu aspek penting dalam pengelolaan hutan tanaman adalah metode pengadaan bibit. Dalam pengelolaan dan pembangunan hutan tanaman dibutuhkan jumlah bibit yang banyak. Salah satu cara pengadaan bibit dalam jumlah banyak dan cepat adalah menggunakan teknik perkembangbiakan secara vegetatif, misalnya stek. Teknik perkembangbiakan vegetatif cenderung memiliki keragaman genetik yang rendah dan tergantung jumlah pohon induk ataupun bibit yang digunakan sebagai sumber bahan vegetatif. Pemilihan bahan reproduktif untuk bahan penanaman harus berasal dari bibit yang mampu menyesuaikan diri dengan kondisi lingkungan tapak yang akan ditanami. Hal ini bertujuan agar pohon-pohon mampu hidup dalam jumlah cukup sampai akhir daur. Pemilihan bahan reproduktif yang tidak sesuai tidak dapat diperbaiki dengan segera karena baru terlihat jelas setelah beberapa tahun sehingga mengancam keberhasilan penanaman.

Berdasarkan hasil penelitian eksploratif ini, bibit yang dikembangkan melalui cabutan memiliki nilai keragaman genetik yang lebih tinggi dibandingkan dengan bibit lainnya (stek dan biji). Di hutan alam, bibit famili Dipterocarpaceae dari cabutan tersedia dalam jumlah yang sangat banyak. Untuk meningkatkan keberhasilan penanaman, maka perlu ditingkatkan proporsi penggunaan bibit cabutan serta dicari metode baru untuk menyimpan bahan tanaman bibit cabutan dalam jumlah banyak.

KESIMPULAN

Perbedaan teknik perkembangbiakkan bibit *S. johorensis* menyebabkan perbedaan variasi genetik, dimana H_e ketiga bibit menunjukkan nilai yang berbeda-beda. Nilai H_e paling tinggi adalah dari populasi cabutan (0,0886), disusul biji (0,0710) dan stek (0,0445). Dilihat dari nilai H_e tanaman (0,0896) dan alam (0,1109) yang lebih tinggi dibandingkan ketiga metode di atas, penerapan sistem silvikultur TPTJ dengan metode perbanyak bahan tanamannya memberikan indikasi awal terjadinya penurunan variasi genetik pada jenis *S. johorensis*. Nilai parameter genetik *S. johorensis* secara umum lebih rendah dibandingkan *Shorea* spp. lainnya yang pernah diteliti.

DAFTAR PUSTAKA

- Alvarez-Buylla, E.R., A. Chaos, D. Piñero, and A.A. Garay. 1996. Demographic genetic of a pioneer tree species: patch dynamics, seed dispersal, and seed banks. *Evolution* 50, 1155-1166.
- Bernard, J. 1998. *Molecular Biotechnology, Principles and Application of Recombinant DNA*. Waterloo Ontario: University of Waterloo, Canada.
- Finkeldey, R. 2005. *Pengantar Genetika Hutan Tropis*. Penerjemah: Jamhuri, E. I.Z. Siregar, U.J. Siregar, dan A.W. Kertadikara. Göttingen: Institute of Forest Genetics and Forest Tree Breeding, Georg-August-University-Göttingen.
- Isoda, K., I. Yasman, R. Anto, and P. Istiana. 2001. Estimation of genetic variation of *Shorea leprosula* in the hedge orchard of PT. INHUTANI I Dipterocarp center, East Kalimantan using DNA markers. *Proceedings of the International Conference on Ex-situ and In-situ Conservation of Commercial Tropical Trees*. Centre for Forest Biotechnology and Tree Improvement. Yogyakarta: 11-13 June 2001.
- Lee, S.L., R. Wickneswari, M.C. Mahani and A.H. Zakri. 2000. Genetic Diversity of a tropical tree species, *Shorea leprosula* Miq. (Dipterocarpaceae), in Malaysia: implications for conservation of genetic resources and tree improvement. *BIOTROPICA* 32 (2): 213-224.
- Lee, S.L., N. Tani, K.K.S. Ng, and Y. Tsumura. 2004. Isolation and characterization of 20 microsatellite loci for an important tropical tree *Shorea leprosula* (Dipterocarpaceae) and their applicability to *Shorea parvifolia*. *Molecular Ecology Notes* 4: 222-225.
- Namkoong, G., T. Boyle, H-R. Gregorius, H. Joly, O. Savolainen, W. Ratnam, and A. Young 1996: *Testing Criteria and Indicators for Assessing the Sustainability of Forest Management: Genetic Criteria and Indicators*. CIFOR Working Paper No. 10. Bogor: CIFOR.
- Nei, M. 1972. Genetic distance between populations. *American Naturalist* 106: 283-292.
- Pamoengkas, P. 2006. *Kajian Aspek Vegetasi dan Kualitas Tanah Sistem Silvikultur Tebang Pilih Tanam Jalur (TPTJ) (Studi Kasus di Areal HPH PT. Sari Bumi Kusuma, Kalimantan Tengah*. [Disertasi]. Bogor: Program Pascasarjana, Institut Pertanian Bogor.
- Poemama, B.M. 2004. Kehutanan Indonesia Saat Ini (seminar nasional). [Makalah]. Yogyakarta: Fakultas Kehutanan, Universitas Gadjah Mada. Seminar Nasional Pelepasan Prof. Dr. Soekotjo, Fak. Kehutanan UGM, Yogyakarta, 4-5 Maret 2004.
- Promega. 2003. *PCR Core System*. USA: Promega Corporation
- Ratih, P., G. Rajaseger, J.G. Chong and P.K. Prakash. 1998. Phylogenetic analysis of dipterocarps using Random Amplified Polymorphic DNA markers. *Annals of Botany* 82: 61-65.
- Rimbawanto, A., K. Isoda, Y. Irsyal, and P. Istiana. 2001. *Estimation of Genetic Variation of Shorea leprosula in the Hedge-Orchard of the Inhutani I Dipterocarp Center East Kalimantan using DNA Markers*. Yogyakarta: Gadjah Mada University.
- Rohlf, F.J. 1998. *Numerical Taxonomy and Analysis System (NTSYSpc) Version 2.0*. New York: Department of Ecology and Evolution State University of New York.
- Siregar, I.Z., U.J. Siregar, C.Cao, G. Gailing, and R. Finkedeley. 2005. *Genetic Variation of Indonesian Dipterocarps Assesed by Amplified Fragment Length Polymorphisms*. www.afapri.go.id.
- Smits, W.T.M. 1993. Mass Propagation of Dipterocarps by Vegetative Methods in Indonesia. In: Davidson, J. (ed.). *Proceedings of the Symposium on Mass Clonal Multiplication of Forestry Trees for Plantation Programmes*. Indonesia, 1-8 December 1992.
- Stacy, E.A., S. Dayanandan, B.P. Dancik, and P.D. Khasa. 2001. Microsatellite DNA markers for the Sri Lankan rainforest tree species, *Shorea cordifolia* (Dipterocarpaceae), and cross-species amplification in *Shorea megistophylla*. *Molecular Ecology Notes* 1: 53-54.
- Suparna, N. 2004. Pengalaman Membangun Hutan Tanaman Meranti di PT. Sari Bumi Kusuma Kalimantan Tengah (seminar nasional). [Makalah]. Yogyakarta: Fakultas Kehutanan, Universitas Gadjah Mada. Seminar Nasional Pelepasan Prof. Dr. Soekotjo, Fak. Kehutanan UGM, Yogyakarta, 4-5 Maret 2004.
- Suryo. 1986. *Genetika*. Yogyakarta: UGM Press.
- Ujino, T., T. Kawahara, Y. Tsumura, T. Nagamitsu, H. Yoshimaru, and W. Ratnam. 1998. Development and polymorphism of Simple Sequence Repeat DNA markers for *Shorea curtisii* and other Dipterocarpaceae species. *Heredity* 81: 422-428.
- Williams, J.G.K., A.R. Kubelik, K.J. Livak, J.A. Rafalski, and S.V. Tingey. 1990. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. *Nucleic Acids Research* 18: 6531-6535.
- Yeh, F.C., Y. Rongcai and T. Boyle. 1997. *POPGENE version 1.2: Microsoft Window-based Software for Population Genetic Analysis. A Quick User's Guide*. Alberta: University of Alberta and CIFOR.