

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

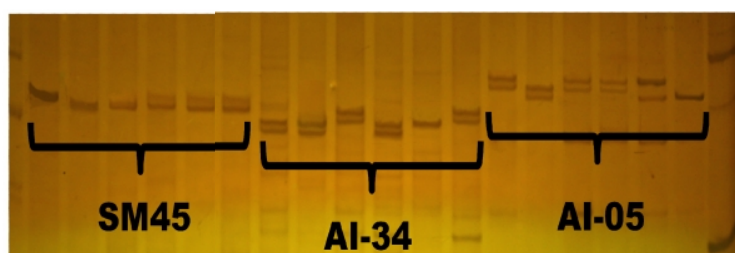
BAB IV

HASIL DAN PEMBAHASAN

4.1 Amplifikasi silang jenis Mindi

Amplifikasi DNA merupakan proses penggandaan DNA dimana basa penyusun DNA direplikasi dengan bantuan primer. Primer merupakan potongan rantai DNA antara 18-24 nukleotida yang didesain komplemen dengan DNA templat dan menjadi batas multiplikasi segmen DNA target (Aritonang *et al.* 2007). Primer spesifik dari suatu jenis tanaman diperoleh melalui proses seleksi primer. Mindi sendiri belum memiliki primer spesifik sehingga diperlukan pendekatan primer menggunakan primer spesifik dari jenis terdekatnya yaitu mahoni dan mimba.

Hasil seleksi primer yang dilakukan terhadap 13 primer spesifik dari jenis mahoni (10 primer) dan mimba (3 primer) menunjukkan bahwa hanya ada 3 primer yang mampu mengamplifikasi DNA mindi. Primer tersebut yaitu primer Ai-5, Ai-34 (jenis mimba), dan SM45 (jenis mahoni). Amplifikasi yang baik ditunjukkan oleh adanya pola polimorfik pada pita DNA hasil PCR setelah *running* pada gel akrilamid. Suatu gen dikatakan polimorfik jika dijumpai sekurang-kurangnya dua varian (alel) yang berbeda (Finkeldey *et al.* 2005). Visualisasi DNA pada gel akrilamid disajikan pada Gambar 9.



Gambar 9 Pola polimorfik DNA mindi yang diamplifikasi dengan primer SM45, Ai34 dan Ai05.

Hasil pengukuran dan penghitungan dengan persamaan kuadratik menunjukkan bahwa panjang fragmen yang mampu diamplifikasikan pada mindi berkisar antara $A_{108} - A_{162}$. Primer Ai-05 mengamplifikasi pada fragmen A_{142} , A_{154} , A_{162} ; Ai-34 pada fragmen A_{108} , A_{116} , A_{120} ; dan SM45 pada fragmen A_{116} , A_{118} . Hal ini menunjukkan amplifikasi primer mimba dan mahoni pada jenis mindi berhasil dilakukan meskipun berada pada panjang fragmen yang berbeda.

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

Panjang fragmen untuk masing-masing primer disajikan pada Tabel 7. Selanjutnya hasil skoring genotipe dari populasi yang diteliti berdasarkan indukan dan anakan disajikan pada Lampiran 2.

Tabel 7 Panjang fragmen untuk masing-masing primer

Lokus	Jumlah alel	Size range (bp)	Size range (bp)	Ket
Ai-05	3	A ₁₃₀ -A ₁₈₂ *	A ₁₄₂ , A ₁₅₄ , A ₁₆₂	Polimorfik
Ai-34	3	A ₁₄₆ -A ₁₆₈ *	A ₁₀₈ , A ₁₁₆ , A ₁₂₀	Polimorfik
SM45	2	A ₁₄₀ -A ₁₇₈ **	A ₁₁₆ , A ₁₁₈	Polimorfik

Ket : *: panjang fragmen mimba, **: panjang fragmen mahoni

Berdasarkan Tabel 7 dapat dilihat bahwa perbedaan panjang fragmen yang teramplifikasi terdapat pada primer Ai-34 dan primer SM45 sedangkan primer Ai-05 mampu mengamplifikasi mindi pada panjang fragmen yang diharapkan. Pada Tabel 7 terlihat bahwa jumlah alel dalam lokus pada primer Ai-05 dan Ai-34 sebanyak 3 alel. Hal ini berbeda jauh dengan jumlah alel yang terdapat pada jenis mimba yang diamplifikasi dengan primer yang sama. Primer Ai-05 mempunyai 9 alel per lokus pada jenis mimba Indian dan 8 alel per lokus pada jenis mimba Thailand. Sedangkan primer Ai-34 sama-sama mempunyai 7 alel per lokus pada jenis mimba Indian dan mimba Thailand (Boontong *et al.* 2008). Primer SM45 juga yang diamplifikasikan pada mindi menunjukkan bahwa hanya ada 2 alel per lokus padahal primer ini memiliki 15 alel per lokus apabila diamplifikasikan pada mahoni (Lemes *et al.* 2002). Posisi alel dalam lokus sesuai hasil amplifikasi secara rinci disajikan pada Tabel 8.

Tabel 8 Hasil amplifikasi tiga primer mikrosatelit mindi

Lokus	Allele (bp)										
	108	110-114	116	118	120	122-140	142	144-152	154	156-160	162
Ai-05	-	-	-	-	-	-	√	-	√	-	√
Ai-34	√	-	√	-	√	-	-	-	-	-	-
SM45	-	-	√	√	-	-	-	-	-	-	-

Ket : √: panjang fragmen dimana DNA teramplifikasi

4.2 Keragaman genetik dalam populasi Mindi

Keragaman genetik merupakan salah satu indikator genetik dalam praktek manajemen hutan yang lestari (Namkoong *et al.* 1996). Keragaman genetik mempengaruhi daya adaptasi tanaman. Keragaman genetik yang rendah pada suatu individu atau populasi akan membuatnya rentan terhadap kondisi lingkungan yang heterogen (Namkoong *et al.* 1996). Keragaman genetik dalam suatu populasi seringkali dicirikan melalui beberapa ukuran seperti PLP

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

(Persentase Lokus Polimorfik), jumlah alel yang teramati, jumlah alel efektif dan heterozigositas harapan (H_e) (Finkeldey *et al.* 2005).

Pada penelitian ini, keragaman genetik dapat dilihat dalam dua populasi yaitu populasi anakan dan populasi indukan. Frekuensi alel yang teramati pada kedua populasi menunjukkan nilai yang sama yaitu 2.67. Sedangkan nilai frekuensi alel efektif pada populasi indukan sebesar 2.39 dan pada anakan sebesar 2.41. Rata-rata persentase lokus polimorfik adalah 100%. Rata-rata nilai heterozigositas harapan (H_e) sebesar 0.565 (Tabel 9). Adapun nilai variabilitas genetik populasi indukan dan anakan secara rinci disajikan pada Lampiran 3.

Tabel 9 Variabilitas genetik mindi di tegakan benih Wanayasa

Pop	N	PLP	N_a	N_e	H_e
Induk	10	100.00%	2.67	2.39	0.56
Anak	50	100.00%	2.67	2.41	0.57
Rata-rata		100.00%	2.67	2.40	0.565

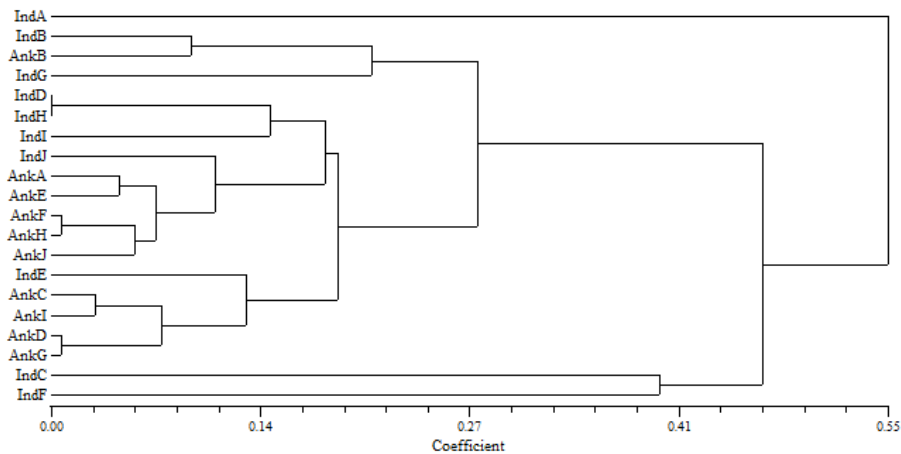
Ket: N: jumlah individu, N_a : jumlah alel yang teramati, N_e : jumlah alel efektif, H_e : heterozigositas harapan, PLP: Persentase Lokus Polimorfik

Nilai keragaman genetik dalam populasi indukan memiliki nilai lebih rendah dari pada populasi anakan. Keragaman genetik indukan sebesar 0.56 sedangkan pada anakan sebesar 0.57. Kedua populasi ini dapat dikategorikan memiliki nilai keragaman genetik yang tinggi. Yulianti (2011) menyatakan bahwa keragaman genetik mindi di Wanayasa dengan teknik analisis RAPD sebesar 0,1712 termasuk ke dalam kategori keragaman genetik sedang. Sementara Rambey (2011) dengan teknik analisis mikrosatelit menyatakan bahwa mindi di daerah Garut, Jawa Barat memiliki nilai keragaman genetik sebesar 0,373 dan dikategorikan keragaman genetik tinggi. Hal ini memperlihatkan bahwa mindi di wilayah Jawa Barat memiliki nilai keragaman yang tinggi. Dengan nilai keragaman genetik yang tinggi, maka mindi diharapkan memiliki kemampuan adaptasi tinggi terhadap kondisi lingkungan yang beragam.

Keragaman genetik yang tinggi pada kedua populasi mindi kemungkinan disebabkan oleh adanya perkawinan silang yang terjadi dalam populasi. Selain sistem perkawinan, faktor yang mempengaruhi keragaman genetik suatu spesies yaitu ukuran luas populasi dan produksi bunga (Sedley dan Griffin 1989). Faktor lain yang juga mempengaruhi pola keragaman genetik suatu populasi yaitu mutasi dan aliran gen (Finkeldey *et al.* 2005).

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumunkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

Jarak genetik, diferensiasi genetik dan analisis kluster biasa digunakan sebagai penciri keragaman genetik antar populasi. Jarak genetik mengukur perbedaan struktur genetik antar dua populasi pada lokus gen tertentu (Finkeldey *et al.* 2005). Informasi jarak genetik dalam suatu populasi penting diketahui sebagai acuan dalam program pemuliaan pohon. Semakin lebar jarak genetik suatu tanaman maka semakin jauh perbedaannya (Hidayat 2011 dalam Rambey 2011). Jarak genetik biasa divisualisasikan melalui dendrogram. Nilai jarak genetik menurut Nei's (1972) secara lengkap disajikan pada Lampiran 4. Dendrogram diperoleh dengan mengolah data menggunakan metode UPGMA (*Unweighted Pair Grouping Method with Arithmetic Averaging*) pada program NTSys. Melalui dendrogram ini, dapat dilakukan analisis kluster. Dendrogram yang menunjukkan jarak genetik antara indukan dan anakan mindi berdasarkan Nei's (1972) disajikan pada Gambar 10.



Gambar 10 Dendrogram mindi berdasarkan jarak genetik Nei's (1972).

Analisis kluster pada dendrogram jarak genetik antar populasi mindi menunjukkan adanya penggabungan antara indukan dan anakan. Populasi indukan dan anakan menyebar dan tidak membentuk kluster tersendiri. Indukan dan anakan yang memiliki jarak genetik rendah bergabung dalam satu jarak disusul dengan indukan dan anakan yang memiliki jarak genetik lebih jauh. Jarak genetik yang rendah menunjukkan bahwa populasi-populasi tersebut memiliki persamaan (*similarity*) yang tinggi, sedangkan jarak genetik yang jauh menunjukkan sebaliknya (Mardiningsih 2002). Hal ini menunjukkan adanya kedekatan genetik

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

antara indukan dan anakan. Adanya fenomena ini dimungkinkan karena penyebaran polen yang mengindikasikan adanya perkawinan silang dalam populasi indukan mindi.

4.3 Sistem perkawinan pada tegakan benih Mindi di Wanayasa

Sistem seksual yang dimiliki oleh suatu individu menentukan pola sistem perkawinan yang mungkin terjadi antara anggota-anggota populasi. Sistem perkawinan menentukan penggabungan gamet-gamet organisme yang berbeda untuk membentuk zigot. Sistem perkawinan ini penting dalam pembentukan struktur genetik pada generasi selanjutnya (Finkeldey *et al.* 2005).

Sistem perkawinan yang terjadi dalam suatu populasi dapat diduga dengan *software* MLTR (*Multilocus Mating System Program*). MLTR mampu menduga beberapa parameter yang biasa digunakan untuk menentukan pola sistem perkawinan yang terjadi. Parameter yang biasa digunakan yaitu tingkat perkawinan silang multilokus, tingkat perkawinan silang lokus tunggal, nilai korelasi paternitas dan jumlah polen efektif.

MLTR memiliki dua metode dalam pengolahan data yaitu Newton Raphson dan Expected Maximum. Menurut Ritland (1996) metode Newton Raphson (NR) memiliki kemampuan untuk menganalisis data dengan cepat namun sering kali menghasilkan pencilan karena adanya data yang hilang atau kesalahan asumsi. Kesalahan asumsi ini terjadi karena adanya fenomena *homogeneity of "pollen cloud"*. Metode NR mensyaratkan adanya penyebaran pollen yang menyebar di semua area sehingga menimbulkan bias yang besar. Sedangkan metode *Expected maximum* (EM) lebih lama dalam menganalisis data namun memiliki nilai bias yang kecil. Metode EM lebih sering digunakan untuk mencari nilai p (sebaran polen dan frekuensi ovul) dalam suatu perkawinan. Sedangkan metode NR lebih baik digunakan untuk mencari nilai parameter perkawinan seperti estimasi populasi. Penggunaan metode NR dalam pendugaan keluarga akan menimbulkan bias yang besar karena besarnya nilai t yang digunakan $t_m = 2.00$.

Pada penelitian ini, metode Expected Maximum digunakan untuk menduga nilai-nilai parameter perkawinan. Nilai dari parameter tersebut disajikan pada Tabel 10 dan 11.

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumunkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.

Tabel 10 Nilai multilokus pada masing-masing pohon induk

Nomor pohon	N	t_m
P001	5	1.00 ± 0.00
P003	5	0.68 ± 0.30
P008	5	1.00 ± 0.00
P009	5	1.00 ± 0.00
P012	5	1.00 ± 0.00
P014	5	1.00 ± 0.00
P015	5	1.00 ± 0.00
P016	5	1.00 ± 0.00
P017	5	1.00 ± 0.00
P020	5	1.00 ± 0.00

Ket: N:Jumlah anakan, t_m : nilai multilokus

Secara individu, 9 pohon induk di Wanayasa memiliki tingkat perkawinan silang multi lokus (t_m) sebesar 1.00 yang berarti bahwa 9 pohon induk tersebut melakukan perkawinan silang. Sedangkan 1 pohon induk memiliki nilai perkawinan silang pada multilokus sebesar 0.68. Hal ini menunjukkan bahwa 32% dari anakan pohon ini merupakan hasil silang dalam (*selfing* dan perkawinan kerabat). Adanya fenomena tingginya silang dalam dipengaruhi oleh faktor genetik dan lingkungan (Finkeldey 2005). Faktor genetik yang mempengaruhi silang dalam pada mindi mempengaruhi yaitu struktur bunga, sistem seksual dan waktu pembungaan yang dimiliki oleh tanaman mindi. Sementara faktor lingkungan yang mempengaruhi silang dalam yaitu kurangnya polinator atau vektor penyerbuk (Finkeldey 2005).

Tabel 11 Hasil estimasi parameter sistem perkawinan menggunakan MLTR dengan metode Expected Maximum

Parameter	Nilai
Famili	10
t_m	1.00
t_s	1.00
$t_m - t_s$	0.00
r_p	0.26
F_m	0.00
$N_{ep} (1/r_p)$	3.86

Ket: t_m : tingkat perkawinan silang multi lokus, t_s : tingkat perkawinan silang lokus tunggal, $t_m - t_s$: derajat selfing, r_p : nilai korelasi paternal, F_m : koefisien perkawinan kerabat pada lokus tunggal, N_{ep} : jumlah polen efektif untuk pembuahan.

Hasil analisis dengan metode *Expected Maximum* (MLTR) menunjukkan bahwa nilai rata-rata perkawinan silang pada multi lokus (t_m) dan rata-rata perkawinan silang pada suatu lokus (t_s) sangat tinggi yaitu $t_m=1.00$ dan $t_s=1.00$. Nilai t_m dan t_s yang sangat tinggi menunjukkan terjadinya perkawinan silang



(*outcrossing*) pada populasi mindi di tegakan benih Wanayasa. Tingkat *selfing* yang sangat rendah ditunjukkan oleh nilai $t_m-t_s = 0$, yang berarti bahwa tingkat perkawinan kerabat yang terjadi di populasi mindi sebesar 0% atau tidak ada perkawinan kerabat.

Nilai korelasi paternitas (r_p) menunjukkan nilai sebesar 0.26. Nilai r_p dipengaruhi oleh pembungaan (Nurjahjaningsih 2010). Nilai r_p yang rendah menunjukkan adanya pembungaan yang lebih seimbang yaitu bunga betina yang melimpah diimbangi dengan bunga jantan yang melimpah pula. Sebaliknya, nilai r_p yang lebih tinggi menunjukkan adanya ketidakseimbangan pembungaan dimana bunga betina lebih melimpah ketimbang bunga jantan (Mahfudz *et al.* 2010). Nilai N_{ep} menunjukkan besaran jumlah polen efektif yang dibutuhkan dalam proses pembuahan. Jumlah polen efektif yang dibutuhkan untuk menyerbuki putik oleh populasi mindi di tegakan benih Wanayasa yaitu sebesar 3.86. Hal ini menunjukkan bahwa sebanyak 38,6% dari total polen yang menyebar yang dibutuhkan untuk membuahi ovul.

Hak Cipta Dilindungi Undang-Undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber:
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah.
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB.