

KERAGAMAN GENETIK POHON PLUS MAHONI (*SWIETENIA MARCROPHYLLA* KING) DI JAWA TENGAH DAN JAWA TIMUR BERDASARKAN ANALISA ISOZIM

*Iskandar Z. Siregar*¹⁾

*Ulfah J. Siregar*²⁾, *Insan Novita*²⁾

Keberhasilan program rehabilitasi hutan dan pembangunan hutan tanaman sangat ditentukan salah satunya oleh kualitas bahan tanaman. Untuk itu usaha awal perbaikan bahan tanaman mahoni yang merupakan salah satu jenis prioritas untuk kegiatan-kegiatan tersebut telah dilakukan melalui program pemuliaan pohon. Program pemuliaan pohon mensyaratkan adanya variasi genetik yang cukup untuk memungkinkan dilakukannya seleksi dengan efisien dan efektif. Namun, kebanyakan program pemuliaan pohon sangat menekankan pada karakter kuantitatif, karena pertimbangan nilai ekonomis yang tinggi. Kendala yang sering ditemui dalam program pemuliaan untuk karakter kuantitatif adalah lamanya waktu yang dibutuhkan untuk mengevaluasi karakter tersebut secara genetik akibat adanya pengaruh lingkungan pada karakter tersebut. Di lain sisi, karakter kuantitatif, terutama penggunaan penanda-penanda molekuler, akhir-akhir ini menjadi sangat penting dilakukan, karena sifatnya yang bebas dari pengaruh lingkungan, serta semakin tersedia dan mudahnya teknologi untuk mengakses dan menganalisisnya. Dari penanda molekuler yang ada, isoenzim merupakan penanda yang paling mudah dan paling murah untuk menduga status keragaman genetik pohon hutan.

Penelitian ini bertujuan untuk mengkuantifikasikan keragaman, baik fenotipik dan genetik, di dalam dan antar keturunan pohon plus mahoni yang berasal dari Jawa Tengah (KPH Kedu Utara) dan Jawa Timur (KPH Ngawi) melalui pengamatan variasi karakter buah, variasi pertumbuhan semai dan melalui pendekatan keragaman isozim. Manfaat utama yang dapat diambil dari penelitian ini adalah tersedianya data keragaman fenotip dan genetik keturunan pohon plus mahoni yang merupakan informasi dasar untuk bahan pertimbangan dalam penentuan strategi pemenuhan kebutuhan bahan tanaman mahoni berkualitas, dimana yang didalamnya mencakup aspek perbenihan, pemuliaan dan konservasi genetik.

Titik berat penelitian dibagi menjadi tiga, yaitu evaluasi karakter buah mahoni dari masing-masing famili, evaluasi pertumbuhan tingkat kecambah dan semai serta analisa isozim keturunan dari dua puluh pohon plus mahoni, yaitu 10 pohon plus dari Jawa Tengah dan 10 pohon plus dari Jawa Timur. Evaluasi karakter buah dilakukan pada 10 famili, masing-masing 5 famili dari setiap lokasi, dimana yang diamati adalah panjang buah, berat buah, diameter buah dan jumlah benih per buah. Evaluasi pertumbuhan tingkat kecambah dan semai dilakukan melalui penelitian di rumah kaca yang dirancang dalam suatu rancangan acak kelompok dengan famili sebagai faktor utama. Dalam rancangan ini di gunakan 20 famili, 25 benih tiap famili dan empat ulangan sebagai blok, sehingga secara total disemaikan sebanyak 2000 butir benih mahoni. Variabel yang diamati mencakup daya kecambah, keserempakan tumbuh, waktu rata-rata mencapai 50% kecambah (T50%), waktu rata-rata mencapai

¹⁾Ketua Peneliti (Staf Pengajar Departemen MH, FAHUTAN-IPB); ²⁾Anggota Peneliti

80% kecambah (T80%) serta pertumbuhan semai, yaitu tinggi semai. Analisa isozim dilakukan pada 20 benih yang diambil secara acak dari tiap famili dengan menggunakan sistem enzim polimorfik hasil optimasi elektroporesis yaitu Glutamate Oxaloacetate Transaminase (GOT), Esterase (EST), Phosphoglucose Isomerase (PGI) dan Phosphoglucose mutase (PGM). Variabel genetik yang diamati adalah jumlah lokus polimorfik, jumlah alel per lokus, diversitas alelik, diversitas genetik hipotetis, heterozigositas, diferensiasi genetik serta pola pengelompokan (jarak genetik).

Hasil penelitian menunjukkan bahwa terdapat variasi yang cukup besar pada hampir seluruh karakter kuantitatif yang diamati. Hasil analisa sidik ragam menunjukkan bahwa semua karakter, kecuali diameter buah, ditentukan oleh faktor genetik. Penyebaran keragaman genetik seluruh karakter, kecuali berat buah, pada dua populasi adalah merata. Untuk karakter berat buah, kedua populasi menunjukkan kecenderungan yang berbeda dimana berat buah dari daerah Kedu cenderung lebih ringan dibandingkan dengan daerah Ngawi. Korelasi positif antar beberapa karakter juga ditemukan misal, antara panjang buah dengan jumlah benih per buah, daya kecambah dengan keserampakan perkecambahan. Korelasi negatif ditemukan antara karakter daya kecambah dengan T 50%.

Besarnya keragaman genetik yang ada sangat berharga bagi program pemuliaan mahoni. Pemanfaatan empat sistem enzim dengan lima lokus polimorfik yang dianalisis menunjukkan bahwa hampir semua lokus memiliki polimorfisme cukup tinggi sedangkan lokus lainnya dikategorikan monomorfik dan polimorfisme rendah. Keempat sistem enzim tersebut : EST, GOT, PGM dan PGI, dapat digunakan sebagai penanda genetik pada jenis mahoni. Pendugaan keragaman genetik dalam populasi keturunan pohon plus mahoni dari Jawa Tengah dan Jawa Timur menghasilkan nilai rata-rata sebagai berikut : persentase lokus polimorfik 88%; jumlah alel per lokus 2,0; diversitas alelik 1,494; diversitas genetik hipotetik 9,104; heterozigositas aktual 0,324 dan heterozigositas harapan 0,326. Sedangkan pendugaan keragaman antar populasi menghasilkan nilai rata-rata diferensiasi genetik $\delta = 23\%$ dan nilai $F_{ST} = 30\%$. Dengan pola pengelompokan yang tidak mengikuti asal geografis, dimana keragaman genetik menyebar secara merata pada kedua populasi, sehingga kedua populasi dapat dikatakan sebagai satu metapopulasi. Dengan modal dasar tingkat keragaman genetik yang tinggi ini, maka konservasi plasma nutfah mahoni merupakan hal yang penting yang perlu diperhatikan dalam rangka menjaga agar tidak terjadi penurunan basis genetik populasi dasar. Kegiatan pemuliaan dapat dilakukan dengan memanfaatkan hutan tanaman yang ada pada saat ini. Untuk itu infusi materi genetik dari negara sebaran alami mahoni pada saat ini belum perlu untuk dilakukan.