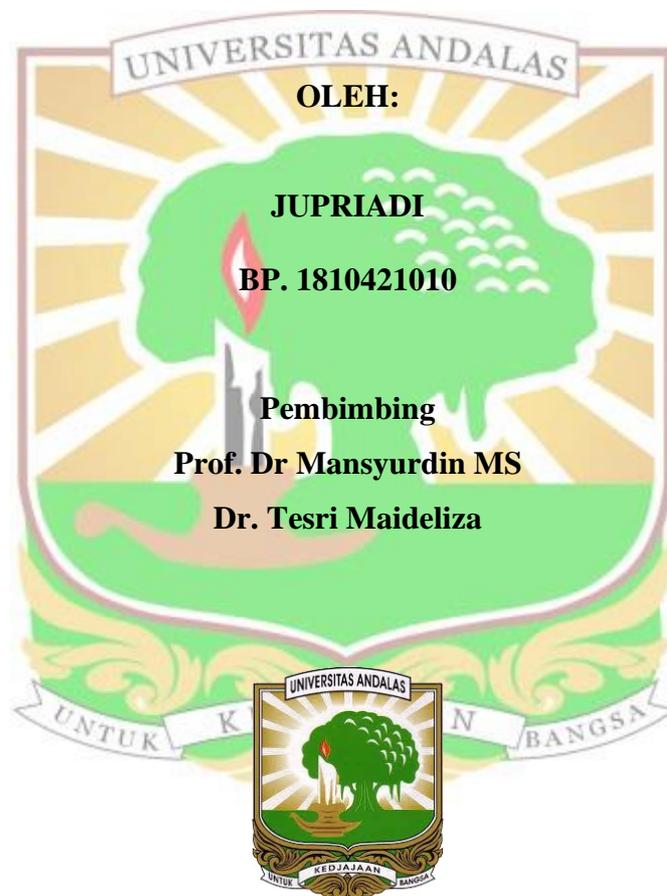


**ANALISIS KERAGAMAN GENETIK TANAMAN SAGU
(*Metroxylon sago*) MENGGUNAKAN PENANDA RAPD
BERDASARKAN ISOLASI GEOGRAFIS DI SUMATERA**

SKRIPSI SARJANA BIOLOGI



**DEPARTEMEN BIOLOGI
FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM
UNIVERSITAS ANDALAS
PADANG
2022**

ABSTRAK

Tanaman Sagu (*Metroxylon sago*) merupakan tanaman yang memiliki potensi dalam menunjang program ketahanan pangan. Tanaman ini tersebar di sebagian wilayah Indonesia yang salah satu wilayah persebaran sagu yaitu di Pulau Sumatera. Terdapat barrier geografis yang membatasi populasi sagu antara Kepulauan Mentawai, Pesisir Barat Sumatera, daerah bagian tengah Sumatera, dan Pesisir Timur Sumatera yang menyebabkan terjadinya diferensiasi genetik dan variasi genetik antar populasi. Dalam rangka melestarikan plasma nutfah tanaman ini telah dilakukan studi keragaman genetik dengan teknik penanda molekuler RAPD menggunakan lima primer pada populasi yang terisolasi secara geografis di Sumatera. Hasil keragaman genetik menunjukkan bahwa lima primer (P17, OPG02, OPAW05, P02 dan OPD08) mampu menghasilkan pita polimorfik dengan persentase pita polimorfik 100%. Nilai keragaman genetik intrapopulasi tergolong rendah ($H = 0,0717-0,1054$), namun populasi Tembilahan memiliki keragaman genetik lebih tinggi ($H = 0,1054$). Keragaman genetik interpopulasi tergolong rendah ($Dst = 0,0986$) dengan nilai diferensiasi genetik sedang ($Gst = 0,5194$) dan nilai aliran gen (*gene flow*) rendah ($Nm = 0,4626$). Analisis *cluster* genetik menunjukkan bahwa antara populasi Tembilahan dengan Padang Pariaman memiliki jarak genetik terjauh (0,2166). Pola distribusi individu Padang Pariaman cenderung berdekatan dibandingkan populasi lainnya.

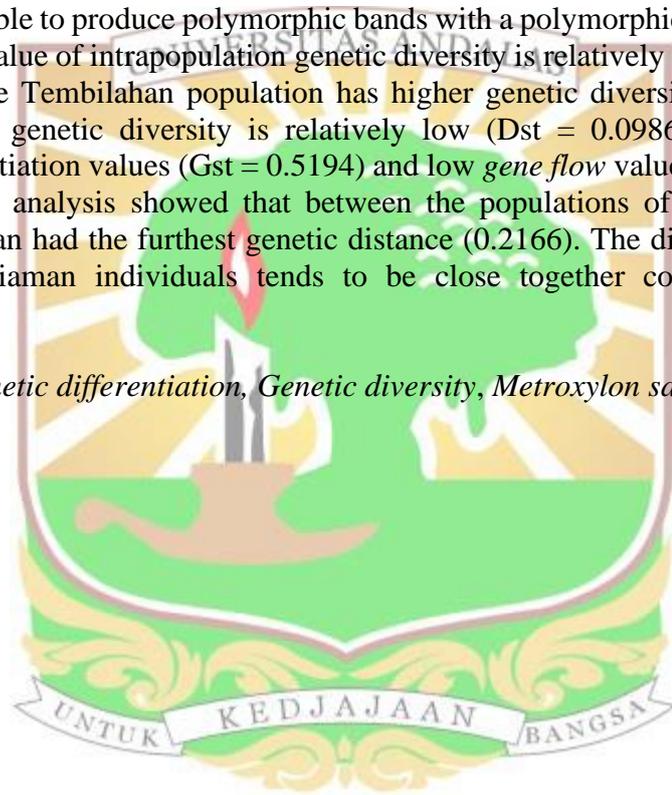
Kata Kunci : *Diferensiasi genetik, Keragaman genetik, Metroxylon sago, RAPD*



ABSTRACT

The sago plant (*Metroxylon sago*) has the potential to support food security programs. This plant is spread in parts of Indonesia, one of the sago distribution areas, namely on the island of Sumatra. There is a geographical barrier that limits the sago population between the Mentawai Islands, the West Coast of Sumatra, the central part of Sumatra, and the East Coast of Sumatra, which causes genetic differentiation and genetic variation between populations. In order to preserve the nutfah plasma of this plant, genetic diversity studies have been carried out with the RAPD molecular marker technique using five primers in geographically isolated populations in Sumatra. The results of genetic diversity showed that five primers (P17, OPG02, OPAW05, P02, and OPD08) were able to produce polymorphic bands with a polymorphic band percentage of 100%. The value of intrapopulation genetic diversity is relatively low ($H = 0.0717-0.1054$), but the Tembilahan population has higher genetic diversity ($H = 0.1054$). Interpopulation genetic diversity is relatively low ($Dst = 0.0986$) with moderate genetic differentiation values ($Gst = 0.5194$) and low *gene flow* values ($Nm = 0.4626$). Genetic *cluster* analysis showed that between the populations of Tembilahan and Padang Pariaman had the furthest genetic distance (0.2166). The distribution pattern of Padang Pariaman individuals tends to be close together compared to other populations.

Keyword : *Genetic differentiation, Genetic diversity, Metroxylon sago, RAPD*



DAFTAR ISI

KATA PENGANTAR.....	i
ABSTRAK	iii
ABSTRACT.....	iv
DAFTAR ISI.....	v
DAFTAR TABEL	vii
DAFTAR GAMBAR.....	viii
DAFTAR LAMPIRAN	ix
BAB I PENDAHULUAN.....	1
1.1 Latar Belakang	1
1.2 Perumusan Masalah	4
1.3 Tujuan Penelitian	4
1.4 Manfaat Penelitian	4
BAB II TINJAUAN PUSTAKA.....	5
2.1 Botani Tanaman Sagu	5
2.2 Keragaman Genetik.....	7
2.3 Penanda RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA)	8
BAB III METODOLOGI PENELITIAN	11
3.1 Waktu dan Tempat Penelitian	11
3.2 Metode Penelitian	12
3.3 Alat dan Bahan.....	13
3.4 Prosedur Kerja	13

3.4.1 Pengoleksian Sampel	13
3.4.2 Isolasi DNA	14
3.4.3 Amplifikasi DNA dengan PCR.....	15
3.4.4 Elektroforesis Hasil PCR	16
3.5 Analisis Data	16
3.5.1 Variasi Genetik Intrapopulasi	16
3.5.2 Variasi Genetik Interpopulasi	17
3.5.3 Struktur Populasi.....	18
3.5.4 Distribusi Populasi	19
BAB IV HASIL DAN PEMBAHASAN	20
4.1 Profil Pita DNA Hasil Amplifikasi	20
4.2 Keragaman Genetik Tanaman Sagu.....	25
4.2.1 Keragaman Genetik Intrapopulasi Tanaman Sagu	25
4.2.2 Keragaman Genetik Interpopulasi Tanaman Sagu	28
4.2.3 Analisis Cluster dan Jarak Genetik	30
4.2.4 Distribusi Populasi	33
BAB V KESIMPULAN DAN SARAN	35
5.1 Kesimpulan	35
5.2 Saran	35
DAFTAR PUSTAKA	36
LAMPIRAN.....	41

DAFTAR TABEL

Tabel 1. Primer yang dipakai untuk analisis RAPD	15
Tabel 2. Data Ukuran dan jumlah pita DNA yang dihasilkan pada lima primer hasil amplifikasi dari kelima populasi tanaman Sagu	23
Tabel 3. Profil pita DNA spesifik tanaman sagu.....	24
Tabel 4. Nilai variasi genetik intrapopulasi tanaman sagu	26
Tabel 5. Nilai variasi genetik interpopulasi tanaman sagu	28
Tabel 6. Matriks jarak genetik lima populasi tanaman sagu.....	31



DAFTAR GAMBAR

Gambar 1. <i>Metroxylon sagu</i>	5
Gambar 2. Peta lokasi pengoleksian sampel tanaman sagu	12
Gambar 3. Visualisasi 10 primer RAPD yang digunakan untuk amplifikasi DNA sagu	20
Gambar 4. Profil pita DNA hasil amplifikasi pada populasi sagu	22
Gambar 5. Dendogram lima populasi sagu di Sumatera berdasarkan jarak genetik Nei 1978	31
Gambar 6. Dendogram 25 individu tanaman sagu dari lima populasi di Sumatera	33
Gambar 7. Diagram PCoA 25 aksesi pada lima populasi tanaman sagu	34



DAFTAR LAMPIRAN

Lampiran 1. Peta lokasi pengoleksian sampel tanaman sagu	41
Lampiran 2. Tabel lokasi pengoleksian sampel lima populasi tanaman sagu di Sumatera.....	42
Lampiran 3. Gambar tanaman sagu pada lima populasi di Sumatera.....	43



BAB I. PENDAHULUAN

1.1 Latar Belakang

Sagu (*Metroxylon sago*) termasuk dalam famili Arecaceae (Palmae) merupakan salah satu komoditi tanaman pangan yang dapat digunakan sebagai sumber karbohidrat yang cukup potensial dalam mendukung program ketahanan pangan (Tarigan, 2001). Selain dimanfaatkan sebagai sumber pangan, sagu memiliki daun yang dapat digunakan sebagai atap rumah dan obat tradisional (Fatah, *et al.*, 2015), dan juga memiliki prospek dijadikan penghasil bahan bakar etanol sebagai pengganti bahan bakar minyak bumi (Tenda *et al.*, 2009).

Menurut Johnson (1997), sagu secara alami didapatkan dari Kepulauan Pasifik Selatan meluas ke arah barat melalui Melanesia, masuk ke Asia Tenggara, sampai ke India. Habitat sagu juga banyak ditemukan di Malaysia, Papua Nugini, Filipina, Thailand, dan Indonesia. Indonesia memiliki kawasan hutan dan budidaya sagu yang sangat luas sehingga menyimpan potensi plasma nutfah serta sumber daya genetik yang sangat besar. Diperkirakan sekitar 1,128 juta ha atau 51,3% dari luas areal sagu dunia terdapat di Indonesia, dengan daerah penyebaran utama adalah Maluku, Papua, dan beberapa daerah lain seperti di Sulawesi, Sumatera, dan Kalimantan. Sebagian besar lahan dalam bentuk hutan sagu dengan luasan berjumlah 1.067.590 ha atau 90,3% dan tanaman sagu yang semi budidaya sekitar 114.000 ha atau 9,7% (Budianto, 2003).

Pulau Sumatera memiliki potensi yang cukup besar dalam pelestarian tanaman sagu. Terdapat banyak persebaran tanaman sagu di Sumatera dengan tingkat produksi

yang tinggi yaitu provinsi Aceh, Riau, Kepulauan Riau dan Sumatera Barat (Direktorat Jenderal Perkebunan, 2021). Populasi sagu di pulau Sumatera tersebar sepanjang daerah bagian barat dari bukit barisan, daerah timur dari bukit barisan dan Kepulauan Mentawai. Diperkirakan persebarannya dipengaruhi oleh adanya isolasi geografis karena pulau Sumatera dipisahkan oleh bukit barisan dari ujung utara hingga ke ujung selatan dan oleh lautan antara Kepulauan Mentawai dengan Pantai Barat Sumatera.

Kepulauan Mentawai terletak kurang lebih 130 km dari pantai barat Sumatera yang diperkirakan terpisah sekitar lima ratus ribu tahun yang lalu dari pulau Sumatera (Verstappen 1975). Berdasarkan Orsini *et al.* (2013), isolasi geografis menyebabkan aliran gen menjadi rendah dan populasi mengalami diferensiasi genetik. Adanya isolasi geografis menyebabkan variasi genetik yang signifikan pada tanaman sagu yang terdapat di pulau Sumatera dengan Kepulauan Mentawai. Variasi genetik antar individu dapat terjadi karena adanya mutasi bahan genetik, migrasi antar populasi (aliran gen), dan perubahan susunan gen melalui reproduksi seksual (Cintamulya, 2013)

Analisis keragaman genetik diperlukan untuk mengungkap diferensiasi genetik serta memberikan informasi dalam upaya pelestarian tanaman sagu. Pelestarian sagu di beberapa wilayah di pulau Sumatera masih kurang diperhatikan sehingga dikhawatirkan dapat mengancam penurunan keanekaragaman plasma nutfah. Menurut Tenda *et al.* (2006), keragaman sagu yang dimiliki saat ini mengalami erosi plasma nutfah dari tahun ke tahun. Kondisi ini sejalan dengan tingkat konversi lahan atau hutan sagu menjadi komoditas lain, dan pembukaan lahan untuk pembangunan

serta tingkat eksploitasi yang berlebihan. Salah satu metode untuk mendeteksi variasi genetik yang akurat yaitu *Random Amplified Polymorphic DNA* (RAPD).

Beberapa penelitian mengenai variasi dan hubungan genetik menggunakan teknik RAPD pada sagu telah dilakukan, diantaranya hubungan genetik tanaman Sagu di beberapa daerah di Papua, Maluku dan Sulawesi berdasarkan penanda RAPD (Abbas, *et al.* 2009) dan variasi genetik keturunan sagu dengan penyerbukan alami di manokwari menggunakan marka RAPD (Abbas, *et al.*, 2017). Penelitian sebelumnya di Sumatera Barat oleh Aktrinisia (2010), menunjukkan adanya keragaman fenotipe antar populasi sagu dengan koefisien kemiripan 0,51 dan dibedakan menjadi lima kelompok utama. Kelompok I dibentuk oleh dua fenotipe tanaman sagu dari Dharmasraya, kelompok ke II terdiri dari tujuh fenotipe dari Dharmasraya, Pasaman Barat, Agam, Pesisir Selatan, Padang, kelompok ke III dibentuk dari 10 fenotipe tanaman sagu dari Padang Pariaman, Padang, Mentawai, Pasaman Timur, Pesisir Selatan, Agam, kelompok IV dibentuk dari tiga fenotipe tanaman sagu yang berasal dari Pasaman Barat, Pesisir Selatan, dan kelompok ke V dibentuk dari satu fenotipe tanaman sagu yang berasal dari Pasaman Timur. Namun, kajian secara molekuler masih pada tahap amplifikasi DNA dan belum dilaporkan variasi genetik baik dalam populasi maupun antar populasi. Oleh karena itu, dilakukan analisis variasi genetik populasi tanaman sagu berdasarkan isolasi geografis.

1.2 Perumusan masalah

Di pulau Sumatera terdapat banyak lokasi tanaman sagu yang beberapa populasinya terisolasi secara geografis, diantaranya populasi di Kepulauan Mentawai, daerah bagian barat dari bukit barisan, dan daerah bagian timur dari bukit barisan. Berdasarkan isolasi geografis maka dirumuskan permasalahan sebagai berikut:

1. Bagaimana keragaman genetik intra dan antar populasi sagu di pulau Sumatera dan Kepulauan Mentawai ?
2. Bagaimana diferensiasi genetik populasi sagu di pulau Sumatera dan Kepulauan Mentawai?

1.3 Tujuan Penelitian

1. Mengetahui keragaman genetik dalam dan antar populasi sagu di Pulau Sumatera dan Kepulauan Mentawai
2. Mengetahui diferensiasi genetik populasi sagu di pulau Sumatera dan Kepulauan Mentawai

1.4 Manfaat Penelitian

Penelitian ini diharapkan dapat menjadi sumber informasi mengenai variasi dan diferensiasi genetik pada Sagu (*Metroxylon sago*) di Pulau Sumatera dan Kepulauan Mentawai serta membantu program konservasi.

BAB II. TINJAUAN PUSTAKA

2.1 Botani Tanaman Sagu

Tanaman sagu (*Metroxylon sago*) merupakan tanaman asli dari Asia Tenggara. Penyebaran tanaman ini dimulai dari Melanesia Barat sampai India Timur dan dari Mindanao Utara sampai pulau Jawa dan gugus kepulauan Nusa Tenggara Bagian Selatan. Sebanyak 50% dari areal tanaman sagu terdapat di Indonesia. Menurut Hariyanto (2011) sagu merupakan sumber makanan pokok khas bagi beberapa masyarakat di Indonesia. Kandungan karbohidrat pada sagu hampir setara dengan beras. Tanaman sagu oleh sebagian besar masyarakat Indonesia bagian timur seperti Papua digunakan sebagai makanan pokok. Sagu umumnya ditemukan di rawa-rawa hutan dataran rendah dan air tawar tropis (Zainab, *et al.*, 2013). Adapun klasifikasi taksonomi tanaman sagu adalah sebagai berikut:

Kingdom : Plantae
Divisi : Tracheophyta
Kelas : Magnoliopsida
Ordo : Arecales
Famili : Arecaceae
Genus : *Metroxylon*
Spesies : *Metroxylon sago* Rottb. (ITIS, 2010)



Gambar 1. *Metroxylon sago*
Sumber: Dokumentasi Pribadi

Sagu ditemukan di lahan-lahan dengan ketinggian 0 sampai sekitar 700 mdpl. Namun jika dilihat dari segi produksi, ketinggian terbaik untuk pertumbuhan sagu ialah kurang dari 400 m. Sedangkan ketinggian di atas 400 m menyebabkan pertumbuhan sagu terhambat dan produksi akan menurun. Pada ketinggian tempat di atas 600 m pohon sagu hanya mencapai tinggi sekitar 6 m dengan lilit batang ke...

sebagaimana ditemukan Manusela, Seram. Tegakan sagu secara alami biasa ditemukan pada ketinggian empat 0 - 300 m. yang ditemukan diatas ketinggian tempat 300 m biasanya berupa tegakan budidaya (Deinum, 1984; Heyne, 1950; Flach, 1983; Schuiling & Flach, 1985; Haryanto & Pangloli, 1988). Dalam tulisannya terdahulu Flach (1977) menyebutkan pohon sagu dapat tumbuh pada ketinggian tempat sampai 1.000 mdpl.

Dari segi morfologi, sagu tumbuh dalam bentuk rumpun, terdiri atas 1-8 batang sagu yang pada pangkal tanaman tumbuh 5-7 batang anakan. Tajuk pohon terbentuk dan pelepah yang berdaun sirip dengan ketinggian pohon dapat mencapai 8-17 m tergantung jenis dan tempat tumbuh (Syakir dan Karmawati, 2013). Menurut Haryanto dan Pangloli (1992) batang sagu merupakan bagian terpenting dari tanaman ini karena penggunaannya dalam industri pangan, pakan, alkohol, dan industri lainnya. Batang sagu tingginya dapat mencapai 10 m dengan diameter 35-50 cm bahkan dapat lebih besar.

Tanaman sagu berbunga dan berbuah pada umur antara 10-15 tahun bergantung jenis dan lingkungan tempat tumbuh. Awal fase berbunga dimulai dengan keluarnya daun bendera yang berukuran lebih pendek dari daun sebelumnya. Menurut Flach (1983), bunga sagu bercabang banyak yang terdiri dari cabang primer, sekunder dan tersier. Pada cabang tersier terdapat sepasang bunga jantan dan betina, namun bunga jantan menghasilkan tepung sarinya sebelum bunga betina mekar dan berkembang. Oleh karenanya tanaman sagu dikategorikan dengan tanaman menyerbuk silang sehingga tanaman yang tumbuh sendiri jarang sekali membentuk buah. Menurut Harsanto (1986), buah sagu berbentuk bulat kecil, bersisik dan berwarna coklat

kekuning-kuningan, tersusun pada tandan seperti pada tanaman kelapa. Waktu bunga mulai muncul sampai fase pembentukan buah berlangsung dua tahun (Haryanto & Pangloli, 1992).

2.2 Keragaman Genetik

Keragaman genetik merupakan variasi genetik dalam satu spesies baik di antara populasi-populasi yang terpisah secara geografis maupun di antara individu-individu dalam satu populasi (Indrawan, 2007). Kusuma, *et al.* (2016) menyatakan bahwa keragaman genetik merupakan suatu variasi di dalam populasi yang terjadi akibat adanya keragaman di antara individu yang menjadi anggota populasi. Genetik dapat dijadikan kunci konservasi karena berperan penting dalam mempertahankan populasi dan pemulihan dari kerusakan.

Variasi genetik adalah proporsi dari individu yang heterozigot yaitu jika sebuah populasi mempunyai struktur genetik yang spesifik namun memiliki sifat yang non identik. Variasi genetik dapat dihitung berdasarkan perbedaan frekuensi dari tipe-tipe genetik (alel dan genotip) dalam suatu ukuran populasi. (Finkeldey, 2005). Variasi genetik dalam populasi dapat diukur dengan menggunakan beberapa parameter yaitu rata-rata jumlah alel (N_a), rata-rata jumlah alel efektif (N_e), rata-rata Heterozigositas/diversitas genetik Nei (H) dan rata-rata Indeks diversitas Shannon (I). Heterozigositas (H) merupakan parameter diversitas genetik yang utama dan biasanya dibandingkan dengan nilai *live history traits* yang sama untuk interprestasinya (Hamrick and Godt, 1996; Nybom and Bartish, 2000; Finkeldey, 2005).

Informasi mengenai keragaman genetik sangat diperlukan dalam upaya melakukan konservasi sumber daya genetik. Konservasi genetik dapat dilakukan dengan mengetahui karakter suatu individu yang dikaji dalam suatu populasi dan mengetahui variasi genetik pada populasi. Analisis keragaman dapat dilakukan dengan menggunakan morfologi, sitologi, biokimia dan molekuler. Awalnya, penanda morfologi merupakan teknik yang digunakan untuk analisis keragaman yang menunjukkan varian alami dari spesies tertentu. Kemudian, perbedaan sitologi dan biokimia yang terdapat pada genotipe suatu spesies mulai digunakan dalam genetika untuk penilaian keragaman (Bhandari, *et al.*, 2017).

Konservasi genetik untuk plasma nutfah berdasarkan informasi variasi genetik telah banyak dilakukan pada tanaman sagu, diantaranya variasi genetik dari rumbia keturunan dengan penyerbukan alami dengan menggunakan penanda RAPD (Abbas, *et al.*, 2017), variasi genetik dan karakter agronomi sagu di Asia dan Pasifik (Ehara, 2018), dan asesmen variasi genetik dan hubungan sagu di Indonesia menggunakan penanda ekspresi gen spesifik (Wx genes) (Abbas, 2012).

2.3 Penanda RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*)

Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD) merupakan suatu metode *in vitro* untuk memperbanyak sekuen DNA dan merupakan teknik yang sangat berguna untuk identifikasi genotipik, analisa kekerabatan, filogenetik dan pemetaan genetik (Yu dan Nguyen, 1994). Analisis RAPD yang dijelaskan oleh Williams *et al.* (1990) adalah penanda molekuler yang umum digunakan dalam studi keragaman genetik. Teknik RAPD mempelajari keanekaragaman genetika yang didasarkan pada penggandaan DNA. RAPD dapat memberikan penjelasan yang efisien untuk polimorfisme dan

memungkinkan identifikasi secara cepat. Analisis RAPD telah memecahkan berbagai masalah dalam pemetaan gen, populasi genetika dan evolusi (Bardakci, 2001).

Penanda RAPD sering digunakan karena faktor efektivitas, efisiensi, relatif mudah untuk dilakukan pengujian dan tidak memerlukan informasi urutan DNA genom (Khanuja, *et al.*, 1998). Analisis hasil teknik RAPD mampu memecahkan berbagai masalah dalam studi keragaman genetik, filogeni dan sistematika, pemetaan gen, populasi genetika, genetika evolusi molekuler pada tanaman dan hewan (Bardakchi, 2001).

Penanda RAPD adalah salah satu dari banyak teknik yang digunakan untuk penelitian biologi berbasis molekuler. Keuntungan dari penanda RAPD lebih sederhana dalam persiapannya daripada penanda molekuler lainnya. Selain itu penanda ini mudah diterapkan untuk memeriksa keanekaragaman organisme, karena tidak menggunakan bahan radioaktif (Powel, *et al.*, 1995).

Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD) dapat diandalkan untuk mendeteksi sekuens nukelotida yang polimorfik dengan bantuan mesin PCR (*Polymerase Chain Reaction*) dan sebuah primer tunggal RAPD sangat bermanfaat untuk menghasilkan penanda molekuler (William, *et al.*, 1990). Teknik ini memiliki beberapa kelebihan dibanding teknik RFLP (*Restriction Fragment Length Polymorphism*) antara lain mudah dilakukan, cepat, hanya memerlukan sedikit DNA sebagai cetakan, dan tidak memerlukan informasi awal genom target. Oleh karenanya sejumlah penelitian dalam penilaian keragaman genetik dan hubungan taksonomi berbagai tanaman telah dilakukan berdasarkan teknik ini. Namun demikian, profil amplifikasi RAPD dipengaruhi oleh beberapa faktor yang dapat mempengaruhi reaksi

PCR. Kemampuan pengulangan hasil RAPD dengan pola yang sama peluangnya sangat kecil dan hal itu merupakan salah satu faktor pembatas diterimanya teknik ini (Wang, *et al.*, 1995).

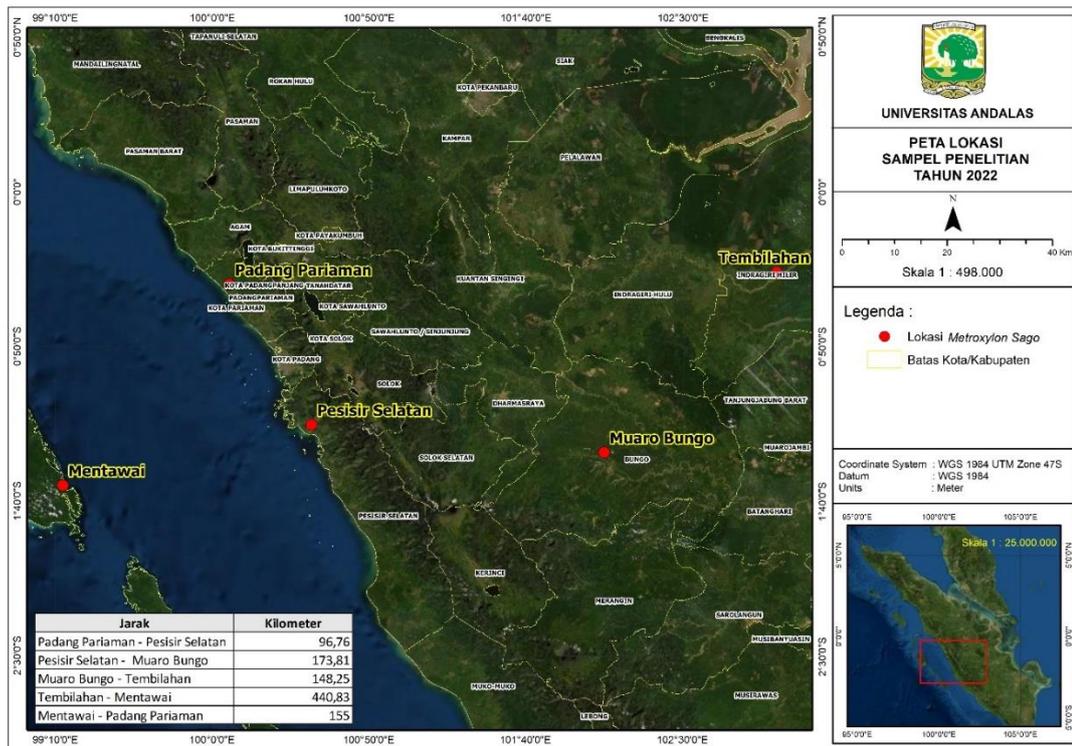


BAB III. METODOLOGI PENELITIAN

3.1 Waktu dan Tempat Penelitian

Penelitian ini dilaksanakan dari bulan Februari 2022 sampai Juni 2022. Pengambilan dan pengoleksian sampel sagu dilakukan pada beberapa populasi yang terisolasi secara geografis, yaitu di: 1) daerah bagian pantai barat pulau Sumatera dengan habitat tumbuh bukan di rawa, yang mencakup Kabupaten Padang Pariaman (Kecamatan Sungai Limau) dan Kabupaten Pesisir Selatan (Kecamatan Bayang dan Kecamatan IV Jurai), Provinsi Sumatera Barat; 2) Kepulauan Siberut sebelah barat pulau Sumatera dengan habitat tumbuh di rawa muara sungai, yaitu Kecamatan Siberut Selatan, Kabupaten Kepulauan Mentawai, Provinsi Sumatera Barat; 3) daerah bagian tengah pulau Sumatera dengan habitat tumbuh di rawa sepanjang sungai, yaitu Kabupaten Muaro Bungo, Provinsi Jambi (Kecamatan Tanah Sepenggal, Kecamatan Bathin 3, dan Kecamatan Ps. Muaro Bungo) ; 4) daerah bagian pantai timur pulau Sumatera dengan habitat tumbuh di rawa muara sungai, yaitu Kecamatan Tembilahan, Kabupaten Indragiri Hilir, Provinsi Riau. Analisis keragaman genetik dilaksanakan di Laboratorium Genetika dan Biomolekuler, Jurusan Biologi, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Andalas, Padang.





Gambar 2. Peta lokasi pengoleksian sampel tanaman sago

3.2. Metode Penelitian

Koleksi sampel tanaman menggunakan metode survei lapangan dan pengambilan sampel dilakukan pada lima populasi yaitu Padang Pariaman, Pesisir Selatan, Muaro Bungo, Mentawai, dan Tembilahan. Pada masing-masing lokasi dikoleksi sampel sebanyak 5-10 individu secara acak. Kajian variasi genetik tanaman menggunakan metode observasi dengan teknik *Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD)* dengan 10 primer yaitu P01, P02, P04, P17, OPG02, OPAB04, OPD08, OPAW05, OPAA17, dan OPAB18.

3.3 Alat dan Bahan

Alat yang digunakan dilapangan pada penelitian ini mencakup gunting, kantong plastik, plastik *ziplock*, kamera digital, timbangan, dan alat-alat tulis. Sedangkan bahan yang digunakan adalah silika gel. Alat yang digunakan di laboratorium meliputi *microtube*, *tube* PCR, *waterbath*, mikropipet, mesin *vortex* Maxi Mix II, inkubator BIOSAN, sentrifugator KITMAN, mesin PCR SENSOQUEST, DNA BIOSTEP dan laptop. Bahan yang digunakan di laboratorium meliputi material daun muda kelapa, nitrogen cair, *cetyl Trimethyl Ammonium Bromide* (CTAB), NaCl, EDTA, Tris-HCl, etanol 70%, kloroform, isoamilalkohol (24:1), buffer TAE, gel agarose 1,2 dan 2%, DNA *ladders* (Tris HCl ph 7,5 EDTA), *loading dye*, SYBR, MgCl₂, KCl, dNTPs, dan primer RAPD.

3.4 Prosedur Kerja

3.4.1 Pengkoleksian Sampel

Sampel daun muda sagu dikoleksi dari tanaman sagu pada meristem pucuk. Permukaan daun dibersihkan dengan kertas tisu dan kemudian dipisahkan. Daun dipotong menjadi kecil-kecil (ukuran 2 cm x 2 cm) dan potongan daun dimasukkan kedalam kertas saring dan diberi label. Kertas saring yang telah berisi sampel kemudian dimasukkan kedalam plastik *ziplock* berisi silika gel yang berfungsi sebagai pengering. Selanjutnya sampel dibawa ke laboratorium untuk dilakukan isolasi DNA.

3.4.2 Isolasi DNA

Isolasi DNA genom merupakan tahap awal yang dilakukan untuk mendapatkan DNA yang akan dianalisis. Isolasi DNA menggunakan metode Doyle and Doyle (1987). Sampel ditimbang sebanyak 15 mg dan ditambahkan nitrogen cair secukupnya yang kemudian digerus dengan lumpang dan alu. Setelah sampel digerus sampai halus dimasukkan kedalam *microtube* yang telah diisi dengan 750 μ l CTAB sebagai buffer ekstraksi. Sampel kemudian di inkubasi pada suhu 65°C dalam *waterbath* selama 45 menit dengan pengocokan interval 10 menit. Selanjutnya campuran disentrifugasi pada kecepatan 12.000 rpm selama 10 menit pada suhu ruangan.

Supernatan hasil sentrifugasi dipindahkan ke dalam *microtube* 1,5 ml dan dicampur dengan *chloroform* : *isoamyl alcohol* (24:1) dengan volume yang sama dan disentrifugasi kembali dengan kecepatan 12000 rpm selama 10 menit pada suhu ruang. Setelah disentrifugasi, supernatan kemudian diambil kembali dan dicampur dengan isopropanol dalam volume yang sama. Disentrifugasi pada kecepatan 12000 rpm selama 10 menit pada suhu 4°C dan setelah itu isopropanol dibuang. Sampel kemudian ditambahkan 200 μ l etanol 70% dan disentrifugasi kembali selama 5 menit pada suhu 4°C dengan kecepatan 12000 rpm. Setelah sentrifugasi kemudian etanol dibuang dan diganti dengan yang baru pada jumlah yang sama dan disentrifugasi kembali selama dua menit dengan suhu 4°C dan kecepatan 12000 rpm. Selanjutnya etanol dibuang dan DNA dikering-anginkan sebelum dilarutkan dalam 50 μ l TE buffer (10 mM Tris-HCl, 1mM EDTA, pH 8,0) sebanyak 50 μ l. Uji kualitas dan kuantitas DNA dilakukan pada gel elektroforesis agarose 1,2%.

3.4.3 Amplifikasi DNA dengan PCR (*Polymerase Chain Reaction*)

Amplifikasi DNA menggunakan 10 primer uji khusus RAPD dan sebelumnya dilakukan skrining (seleksi) primer untuk mendapatkan jenis primer yang sesuai (Table 1).

Tabel 1. Primer yang dipakai untuk analisis RAPD

No	Primer	Urutan Nukleotida	Referensi
1	P01	(5'-GCG GCT GGA G-3')	Abbas <i>et al.</i> (2009)
2	P02	(5'-GTG ACG CCG C-3')	Abbas <i>et al.</i> (2009)
3	P04	(5'-CGT CTG CCC G-3')	Abbas <i>et al.</i> (2009)
4	P17	(5'-ATG ACG ACG G-3')	Abbas <i>et al.</i> (2009)
5	OPG02	(5'-GGC ATC GAG G-3')	Abbas <i>et al.</i> (2009)
6	OPAB04	(5'-GGC ACG CGT T-3')	Abbas <i>et al.</i> (2009)
7	OPD08	(5'-GTG TGC CCC A-3')	Abbas <i>et al.</i> (2017)
8	OPAW05	(5'-CTG CTT CGA G-3')	Abbas <i>et al.</i> (2017)
9	OPAA17	(5'-GAG CCC GAC T-3')	Abbas <i>et al.</i> (2009)
10	OPAB18	(5'-CTG GCG TGT C-3')	Abbas <i>et al.</i> (2009)

Sampel diamplifikasikan pada mesin PCR. Untuk reaksi dengan primer disediakan 12,5 µL My *Taq* TM Red Mix Bioline sebagai pereaksi PCR (10 x Buffer w/o MgCl₂, 10 mM dNTPs, 50 mM MgCl₂, 1-unit *Taq* DNA polimerase), 2 µL primer, 6,5 µL *nuclease free water* dan 4 µL isolat DNA. Pencampuran komponen reaksi PCR dilakukan secara cepat dan berhati-hati. Amplifikasi DNA dilakukan dengan tahap denaturasi awal pada suhu 94°C selama 2 menit; diikuti 45 siklus 1 menit pada suhu 94°C; tahap *annealing* 1 menit pada suhu 34°C; 2 menit 30 detik pada suhu 72°C; dan tahap *final extension* 72°C selama 10 menit diikuti dengan pendinginan ke suhu 4°C.

3.4.4 Elektroforesis hasil PCR

Pemisahan fragmen RAPD hasil amplifikasi dilakukan dengan metode elektroforesis pada gel agarose 2% didalam larutan 10 X TBE selama 2 jam pada tegangan arus listrik 60-volt, 150 Ma dan 20 Watt. Deteksi pita DNA dilakukan dengan menambahkan 6,5 μ L *ethidium bromida* didalam komposisi gel agarose dan didokumentasi pada *gel documentation*. 100 bp DNA ladder digunakan sebagai standar untuk menentukan ukuran fragmen hasil amplifikasi (William *et al.*, 1990).

3.5 Analisis Data

Setiap pita pada hasil visualisasi DNA dianggap sebagai 1 karakter pada 1 lokus DNA. Semua pita DNA dengan laju migrasi yang sama diasumsikan sebagai lokus yang homolog. Data profil DNA selanjutnya di terjemahkan ke dalam data biner dengan ketentuan nilai nol (0) untuk tidak ada pita DNA dan satu (1) untuk adanya pita DNA pada satu porsi yang sama. Hasil matrik data biner dianalisis menggunakan software POPGENE versi 1.32 (Yeh, Yang, dan Boyle, 1997).

3.5.1 Variasi Genetik Intrapopulasi

Parameter-parameter yang diukur adalah persentase lokus polimorfik (P), indeks diversitas Shannon (I), dan heterozigositas dalam kelompok (H) (Finkeldey, 2005).

$$\text{➤ Persentase Lokus Polimorfik} = \frac{\text{jumlah lokus polimorfik}}{\text{jumlah lokus total}} \times 100\%$$

$$\text{➤ Indeks diversitas Shannon: } I = - \sum_{i=1}^S (P_i \times \ln P_i)$$

Keterangan:

I : Indeks diversitas Shanon

P_i : Frekuensi pita DNA

S : Jumlah individu yang dihitung

Σ : Jumlah individu 1 ke individu berikutnya

- Heterozigositas dalam kelompok

$$H = \sum H_j / r$$

$$h = \sum_{i=1}^m x_i^2$$

Keterangan:

h : Nilai heterozigositas pada suatu lokus

m : Banyaknya alel yang teramati untuk suatu lokus

x_i^2 : Frekuensi populasi dari alel ke-i pada lokus itu.

H : Heterozigositas rata-rata

H_j : Heterozigositas pada lokus ke-j

r : Banyaknya lokus yang diukur rata-ratanya

3.5.2 Variasi Genetik Interpopulasi

Parameter-parameter yang diukur seperti koefisien diferensiasi genetik antar kelompok (G_{ST}) dan nilai aliran gen (N_m) (Finkeldey, 2005).

- Diferensiasi Genetik

$$G_{ST} = \frac{D_{ST}}{H_T}$$

Keterangan:

D_{ST} : Nilai heterozigositas antar populasi

$$: (\sum_i \sum_j D_{ij}) S^2$$

$$D_{ij} : \sum (P_{ik} - P_{kj})^2 / 2$$

P_{ik} : Frekuensi pita DNA ke-k dalam kelompok ke-i

P_{jk} : Frekuensi pita DNA ke-k dalam kelompok ke-j

H_T : Heterozigositas total pada populasi

: $H_S + D_{ST}$

H_S : Heterozigositas dalam kelompok

: $1 - (\sum J_i)/S$

J_i : $\sum_k X_{ik}^2$

X_{ik} : frekuensi pita DNA ke-k didalam kelompok ke-i

S : jumlah populasi

➤ Nilai Gene Flow (N_m)

Rumus Nilai Gene Flow (N_m) = $0.5 (1 - G_{st} / G_{st})$.

Jika N_m lebih dari 1, *gene flow* tinggi, diferensiasi genetik rendah, akan menetralkan *genetic drift* di dalam populasi, dan sebaliknya.

3.5.3 Struktur Populasi

➤ Analisis Cluster

Analisis cluster dapat dihitung dengan rumus:

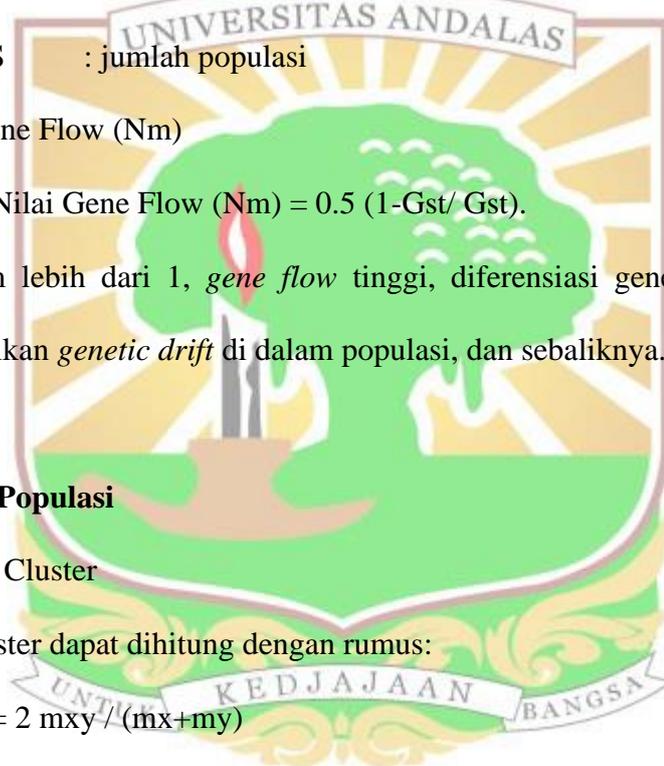
$$S_{xy} = 2 m_{xy} / (m_x + m_y)$$

Keterangan:

M_{xy} : Jumlah fragmen yang terdapat pada individu x dan individu y

m_x dan m_y : Jumlah fragmen pada masing-masing individu x dan individu

y.



Analisis cluster dan pembuatan dendogram dilakukan dengan metode *Unweighted Pair-Group Method Arithmetic* (UPGMA), menggunakan software POPGENE versi 3.2.(Yeh *et al.*,1997)

➤ Jarak Genetik (D):

$$D = -\ln I$$

$$I = \frac{\sum x_i y_i}{(\sum x_i^2 \sum y_i^2)^{0.5}}$$

Ket : X_{ij} dan Y_{ij} = frekuensi gen ke-i Pada lokus ke-j dari populasi X dan populasi Y.

3.5.4 Distribusi Populasi

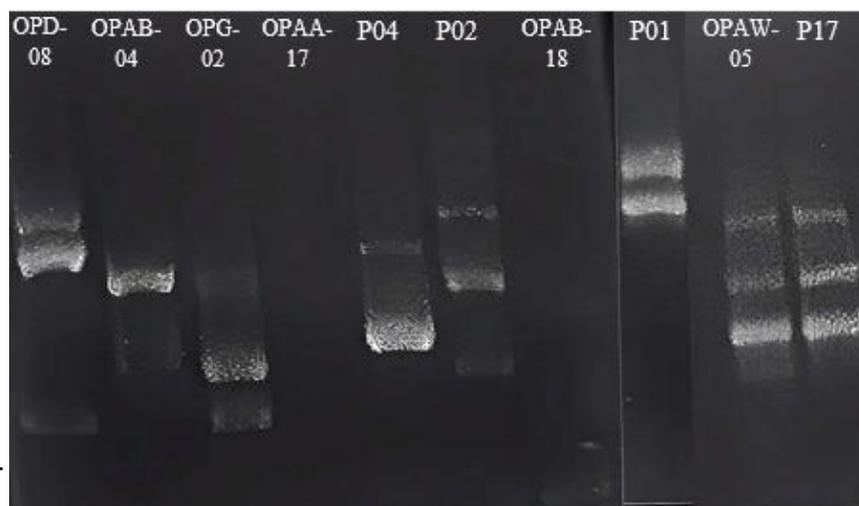
Distribusi populasi dilakukan untuk melihat bagaimana persebaran individu pada tiap populasi dan hubungan genetik setiap populasi dengan menggunakan PCoA (*Principal Coordinate Analysis*) menggunakan *software* MVSP versi 3.2.



BAB IV. HASIL DAN PEMBAHASAN

4.1 Profil Pita DNA Hasil Amplifikasi

Hasil seleksi pada 10 primer menunjukkan terdapat delapan primer yang menghasilkan pita polimorfik, dengan jumlah berkisar antara 2-4 pita (Gambar 3). Primer P02 paling banyak menghasilkan pita polimorfik yaitu empat pita, selanjutnya primer P17, OPG02, OPAW05, dan OPD08 masing-masing menghasilkan tiga pita polimorfik. Primer OPAB04, P04 dan P01 masing-masing menghasilkan dua pita polimorfik. Menurut Tingey, *et al.* (1994) jumlah dan intensitas pita DNA yang dihasilkan setelah amplifikasi DNA dengan PCR sangat tergantung pada primer untuk mengenal urutan DNA komplementernya pada cetakan DNA (DNA *template*) yang digunakan. Sulistyawati dan Widyatmoko (2017) juga melaporkan bahwa tidak adanya amplifikasi DNA di beberapa primer kemungkinan karena urutan basa primer tersebut tidak komplemen dengan urutan basa atau hilangnya potongan pada DNA *template*.



Gambar 3.

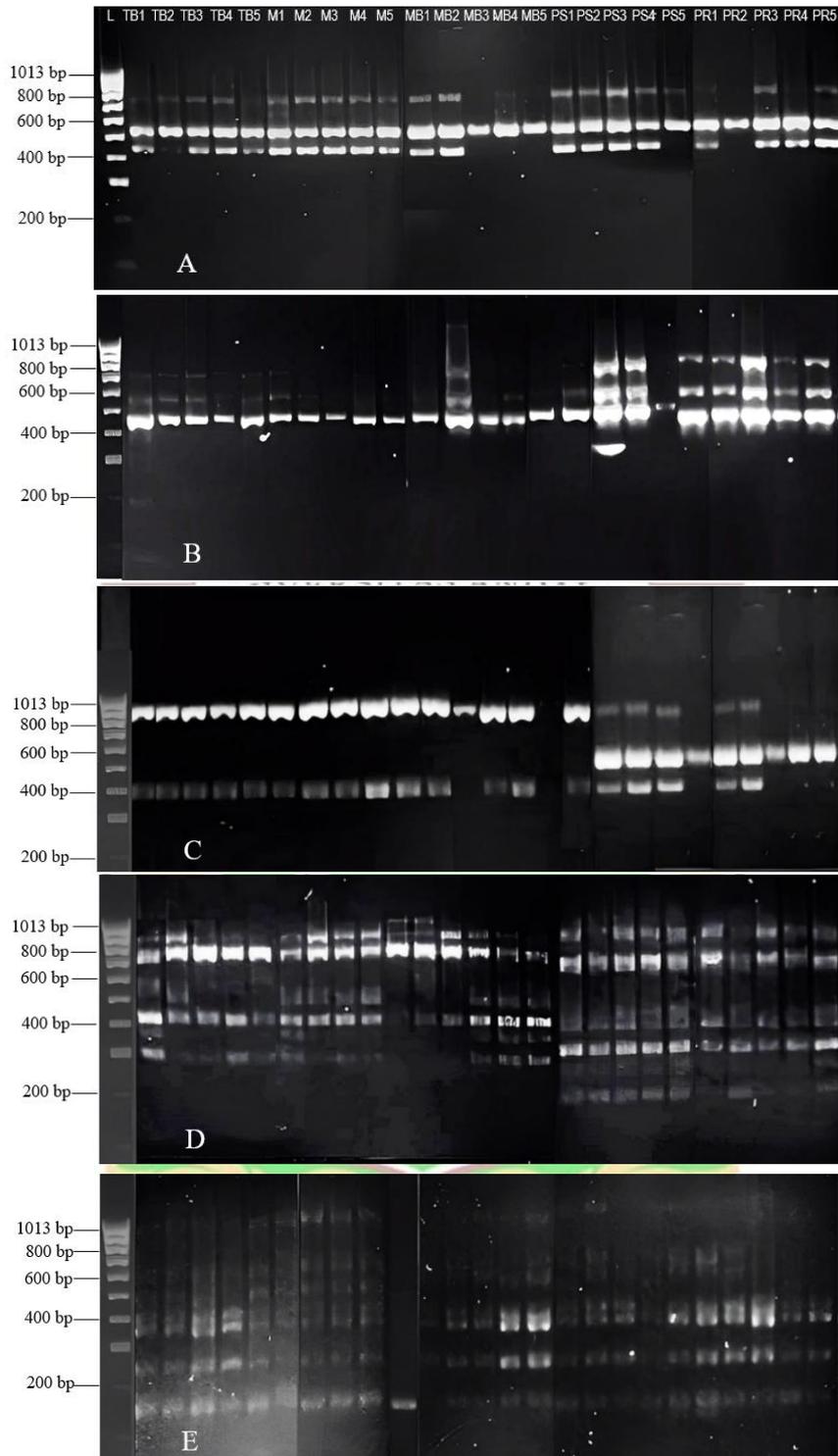
dan P02.

gu.
D08,

Berdasarkan jumlah pita polimorfik, dipilih lima primer yang menghasilkan pita polimorfik yang paling tinggi yaitu primer P17, OPG02, OPAW05, OPD08, dan P02. Hal ini menunjukkan bahwa kelima primer tersebut memiliki urutan yang sesuai untuk amplifikasi DNA tanaman sagu. Selanjutnya, dilakukan amplifikasi menggunakan kelima primer tersebut (Gambar 4).

Hasil amplifikasi menggunakan lima primer pada tanaman Sagu memperlihatkan adanya variasi ukuran pita DNA yang berkisar antara 145-1557 bp (*base pair*) serta mampu menghasilkan 91 total pita dengan rata-rata 18,2 pita per primer (Tabel 2). Pada primer P17 memiliki panjang fragmen pita yang berkisar antara 185-975 bp, primer OPG02 dengan kisaran panjang 419-868 bp, primer OPAW05 dengan kisaran panjang 402-980, primer OPD08 dengan kisaran panjang 185-1284, dan primer P02 dengan kisaran panjang 145-1550 bp. Hasil ini sesuai dengan Abbas *et al.* (2009), yang melaporkan bahwa pada tanaman sagu mampu menghasilkan panjang pita antara 150-1800 bp dengan menggunakan 10 primer.

Berdasarkan jumlah pita yang dihasilkan memperlihatkan bahwa pada kelima primer menghasilkan pita polimorfik dengan persentase 100%. Primer P02 menunjukkan jumlah pita polimorfik yang paling tinggi (24 pita), diikuti OPD08 (23 pita), P17 (20 pita), OPG02 (16 pita), dan OPAW05 (8 pita). Hal ini dilaporkan oleh Abbas *et al.* (2009) bahwa pada primer P17, OPG02, dan P02 menghasilkan pita polimorfik dengan tidak adanya pita monomorfik pada amplifikasi tanaman sagu. Abbas *et al.* (2017), melaporkan hasil amplifikasi tanaman sagu menggunakan primer OPAW05 menghasilkan pita polimorfik pada semua pita dan pada OPD08 menghasilkan 7 pita polimorfik dan 2 pita monomorfik.



Gambar 4. Profil pita DNA hasil amplifikasi pada populasi sagu menggunakan primer :
 (a) P17; (b) OPG02; (c) OPAW05 ;(d) OPD08; dan (e) P02.

Tabel 2. Data ukuran dan jumlah pita yang dihasilkan pada lima primer hasil amplifikasi dari kelima populasi tanaman sagu

No	Primer	Ukuran pita (bp)	Total pita	Pita polimorfik	Pita monomorfik	Persentase pita polimorfik (%)
1.	P17	185, 321, 435, 445, 450, 460, 465, 480, 504, 562, 580, 595, 640, 655, 670, 764, 792, 900, 958, 975 419, 422, 432, 442,	20	20	0	100
2.	OPG02	447, 523, 533, 546, 563, 581, 774, 765, 807, 847, 861, 868	16	16	0	100
3.	OPAW05	402, 430, 533, 564, 616, 938, 958, 980	8	8	0	100
4.	OPD08	185, 200, 209, 284, 296, 300, 334, 368, 373, 425, 435, 523, 610, 814, 848, 882, 944, 971, 985, 1074, 1181, 1271, 1284 145, 151, 164, 228, 234, 244, 259, 364, 388, 402, 416, 419,	23	23	0	100
5.	P02	425, 474, 568, 591, 663, 695, 727, 784, 855, 1253, 1394, 1557	24	24	0	100
Total			91	91	0	500
Rata-rata			18,2	18,2	0	100

Hasil penelitian terhadap lima populasi tanaman sagu ditemukan pita-pita spesifik pada dua populasi, yaitu Pesisir Selatan dan Padang Pariaman yang tumbuh di habitat bukan dirawa (Tabel 3). Pada populasi Pesisir Selatan terdapat tiga pita spesifik dengan ukuran pita 958 bp pada primer OPG02 serta pada primer OPD08

dengan ukuran pita 882 bp dan 1181 bp. Pada populasi Padang Pariaman juga terdapat satu pita spesifik dengan ukuran pita 1284 bp.

Tabel 3. Profil pita DNA spesifik tanaman sagu

Populasi	Primer					Jumlah
	P17	OPG02	OPAW05	OPD08	P02	
Tembilahan	-	-	-	-	-	
Mentawai	-	-	-	-	-	
Muaro Bungo	-	-	-	-	-	
Pesisir Selatan	-	958	-	882,1181	-	3
Padang Pariaman	-	-	-	1284	-	1

Keterangan (-) Tidak ada pita spesifik

Pita spesifik hanya ditemukan pada populasi sagu pada habitat yang tumbuh bukan di rawa, sedangkan pada populasi pada habitat rawa tidak ditemukan. Hal ini diduga mungkin terjadi mutasi dan adaptasi lokal pada populasi sagu dengan habitat di rawa muara sungai. Menurut Anderson *et al.* (2011), habitat yang berbeda dapat menyebabkan adaptasi lokal sehingga alel pada suatu lokus mungkin terjadi mutasi.

Adanya pita spesifik dengan menggunakan primer OPG02 dan OPD08 menunjukkan bahwa kedua primer tersebut dapat dijadikan sebagai penanda spesifik untuk populasi sagu pada habitat tumbuh bukan di rawa. Hal ini sesuai dengan Yulita dan Partomihardjo (2011), yang menyatakan bahwa keberadaan pita spesifik dapat berguna sebagai sidik jari (penanda) dan pembeda ciri pada suatu populasi dengan populasi lain.

4.2 Keragaman Genetik Tanaman Sagu

4.2.1 Keragaman Genetik Intrapopulasi Tanaman Sagu

Hasil analisis keragaman genetik intrapopulasi pada tanaman sagu dapat dilihat pada Tabel 4. Nilai keragaman genetik intrapopulasi ditunjukkan pada nilai heterozigositas (H) dan nilai Indeks Shanon (I). Nilai alel yang teramati (N_a) pada populasi Tembilahan, Mentawai, Muaro Bungo, Pesisir Selatan, dan Padang Pariaman secara berturut-turut yaitu sebesar 1,3516, 1,2747, 1,2527, 1,2967, dan 1,2198. Adapun nilai alel efektif (N_e) pada kelima populasi berturut-turut sebesar 1,1711, 1,1693, 1,1372, 1,1625, dan 1,1164. Rata-rata jumlah alel efektif per lokus (N_e) lebih rendah dari rata-rata jumlah alel yang teramati (N_a) per lokus. Hal ini mengindikasikan bahwa di dalam masing-masing populasi terdapat sejumlah alel yang frekuensinya rendah dan sedikit mempengaruhi keragaman genetik dalam populasi. Selain itu alel efektif (N_e) yang lebih rendah dari pada alel yang teramati (N_a) juga menunjukkan terjadi perubahan dalam populasi sehingga frekuensi alel semakin berkurang. Nei *et al.*, (1978); dan Li *et al.*, (2002) menyatakan bahwa pengurangan frekuensi alel ini dapat disebabkan oleh seleksi ataupun *genetic drift*. Selanjutnya, Pasaribu, *et al.* (2017) melaporkan bahwa semakin rendah nilai N_a dan N_e menunjukkan bahwa dalam populasi memiliki keragaman dan individu heterozigot (heterozigositas) yang rendah.

Nilai heterozigositas pada kelima populasi secara berturut-turut sebesar 0,1054, 0,0984, 0,0832, 0,0976, dan 0,0717 dan nilai Indeks Shanon pada kelima populasi berturut-turut 0,1641, 0,1470, 0,1270, 0,1488, dan 0,1100. Penentuan nilai heterozigositas mengacu pada Nei (2000), yang menyatakan bahwa jika H_e kurang dari 0,2 menunjukkan diversitas genetik rendah, $H_e = 0,2 - 0,3$ diversitas genetik

sedang, dan H_e kurang dari 0,3 diversitas genetik tinggi. Berdasarkan nilai tersebut, kelima populasi termasuk dalam kategori rendah yang mengindikasikan bahwa keragaman genetik dalam populasi rendah.

Tabel 4. Nilai variasi genetik intrapopulasi tanaman sagu

No.	Populasi	Jumlah Sampel	Na	Ne	H	I	N	PLP
1.	Tembilahan	5	1,3516	1,1711	0,1054	0,1641	32	35,16 %
2.	Mentawai	5	1,2747	1,1693	0,0984	0,1470	25	27,47 %
3.	Muaro Bugo	5	1,2527	1,1372	0,0832	0,1270	23	25,27 %
4.	Pesisir Selatan	5	1,2967	1,1625	0,0976	0,1488	27	29,67 %
5.	Padang Pariaman	5	1,2198	1,1164	0,0717	0,1100	20	21,98 %

Keterangan: Na: Alel yang teramati, Ne: Alel yang efektif, H: Nilai heterozigositas, I: Indeks Shannon, N: Jumlah lokus polimorfik, dan PLP: Persentase lokus polimorfik

Rendahnya keragaman genetik pada kelima populasi disebabkan karena perbanyakannya tanaman berlangsung secara vegetatif atau melalui tunas batang, meskipun tanaman sagu dapat bereproduksi secara seksual. Dengan berkembangnya kebutuhan akan sagu maka penduduk sudah menebang pohonnya sebelum tanaman berbunga, mengingat apabila tanaman sagu sudah berbunga maka kadar patinya menjadi rendah. Poerba (2008) melaporkan bahwa tumbuhan atau tanaman yang beregenerasi dengan organ vegetatif memiliki keragaman genetik yang rendah dibandingkan dengan tumbuhan yang menyerbuk silang.

Diantara kelima populasi tanaman sagu, Tembilahan memiliki keragaman genetik yang paling tinggi dibandingkan populasi lainnya. Tingginya keragaman genetik disebabkan karena pemanfaatan sagu di populasi tersebut masih rendah sehingga diduga masih terjadi penyerbukan silang (*outcrossing*) dalam populasi. Hal

ini menyebabkan meningkatkan proporsi heterozigositas dalam populasi sehingga keragaman genetik lebih tinggi. Behroozian *et al.* (2013), melaporkan bahwa pada tumbuhan *outcrossing* memiliki keragaman genetik yang lebih tinggi di dalam populasi.

Berdasarkan parameter persentase lokus polimorfik (PLP), dapat dilihat bahwa pada populasi Tembilahan (35,16%) memiliki nilai yang lebih tinggi dibandingkan populasi Mentawai (27,47%), Muaro Bungo (25,27%), Pesisir Selatan (29,67%), dan Padang Pariaman (21,98%). Ajambang, *et al.* (2012), melaporkan bahwa persentase lokus polimorfik menunjukkan adanya heterozigositas dan heterogenitas antara individu-individu di dalam populasi. Semakin tinggi persentase lokus polimorfik, semakin tinggi pula tingkat heterozigositas dan heterogenitasnya. Selain itu, apabila semakin tinggi tingkat polimorfik mengartikan dalam populasi tersebut memiliki jumlah alel yang lebih dari satu pada lokus tersebut

Pada populasi Mentawai nilai PLP tidak sejalan dengan nilai heterozigositas dan Indeks Shanon (Tabel 4). Hal ini disebabkan karena proporsi alel homozigot pada populasi Mentawai lebih tinggi dibandingkan populasi lain. Hal ini sesuai dengan Partomihardjo (2011) yang menyatakan bahwa fenomena tersebut disebabkan karena jumlah alel homozigot lebih tinggi proporsinya sehingga dapat mengurangi tingkat polimorfisme dalam populasi. Tidak hanya itu, jumlah individu juga dapat mempengaruhi hal tersebut, dimana dengan banyaknya jumlah individu dalam populasi menyebabkan dihasilkannya alel yang lebih beragam.

4.2.2 Keragaman Genetik Interpopulasi Tanaman Sagu

Hasil analisis keragaman genetik interpopulasi pada tanaman sagu menunjukkan bahwa nilai heterozigositas dalam populasi ($H_s = 0,0913$) relatif sama dengan nilai heterozigositas antar populasi ($D_{st} = 0,0986$) (Tabel 5). Kedua nilai tersebut tergolong rendah yang menunjukkan bahwa tingkat keragaman genetik intrapopulasi dan interpopulasi rendah. Pada intrapopulasi rendahnya nilai keragaman dipengaruhi oleh beberapa faktor seperti sistem perbanyakan secara vegetatif dan adanya individu hasil kultivasi dalam populasi. Sementara itu, rendahnya keragaman genetik antar populasi disebabkan karena rendahnya aliran gen yang menyebabkan tingginya diferensiasi genetik antar populasi.

Tabel 5. Nilai variasi genetik interpopulasi tanaman sagu

Jumlah individu	Ht	Hs	Gst	Dst	Nm
15	0.1899	0.0913	0.5194	0,0986	0.4626

Keterangan: Ht: Heterozigositas total, Hs: Heterozigositas dalam populasi, Gst: Diferensiasi genetik antar populasi, Dst: Nilai heterozigositas antar populasi, Nm: aliran gen

Nilai diferensiasi genetik antar populasi (G_{ST}) tergolong tinggi (0,5194). Nilai tersebut diartikan bahwa diferensiasi genetik yang sedang antar populasi sagu. Hal ini sesuai dengan Finkeldey (2005) yang menyatakan bahwa rentang nilai diferensiasi genetik adalah dari 0 hingga 1. Jika nilai diferensiasi genetik mendekati 0 maka perbedaan genetik antar populasi kecil sebaliknya jika nilai diferensiasi genetik mendekati 1 maka perbedaan genetik antar populasi tergolong tinggi. Berdasarkan hasil yang didapatkan, sedangkan diferensiasi genetik diduga disebabkan karena perbedaan kondisi lanskap geografis dan habitat tumbuh yang berbeda antar populasi sagu. Hal ini didukung oleh Harkingto *et al.* (2006) yang melaporkan pada populasi yang dipisahkan dengan memiliki bentangan alam yang berbeda satu sama lain dapat

mempengaruhi struktur genetik sehingga dapat menyebabkan meningkatnya diferensiasi genetik.

Nilai aliran gen antar populasi tergolong rendah (0.4626), yang menunjukkan terbatasnya aliran gen sehingga membatasi pencampuran alel antar populasi. Salah satu faktor yang menyebabkan hal tersebut karena sistem perbungaan sagu yang terjadi ketika usia tanam 12-14 tahun. Namun, sebelum mencapai masanya tanaman ini telah dipanen dan di manfaatkan oleh masyarakat. Hal ini menyebabkan penyebaran biji menjadi terhambat sehingga aliran gen tidak terjadi. Selain itu, jauhnya jarak geografis dan adanya isolasi geografis juga menyebabkan terhambatnya aliran gen antar populasi. Hal ini sesuai dengan Pratiwi (2012) yang menyatakan isolasi reproduksi dan geografis menjadi faktor yang menyebabkan rendahnya aliran gen antar populasi. Fischer and Matthies (1998), melaporkan aliran gen mungkin akan menurun karena isolasi geografis yang semakin jauh.

Diferensiasi genetik juga dapat disebabkan oleh perubahan dalam lingkungan dan habitat yang berkaitan dengan penyesuaian makhluk hidup dalam beradaptasi dengan perubahan yang terjadi dalam lingkungan (adaptasi lokal). Adaptasi tumbuhan di habitatnya juga dapat memunculkan perbedaan secara genetik dalam kurun waktu tertentu. Hal ini sesuai dengan Magdy *et al.* (2016), yang melaporkan bahwa adaptasi lokal memiliki efek spesifik lokus untuk mengurangi keragaman genetik dalam populasi dan meningkatkan diferensiasi antar populasi. Zhao *et al* (2021), melaporkan bahwa adaptasi suatu tumbuhan dapat mempengaruhi tinggi rendahnya diferensiasi genetik antar populasi. Adaptasi sangat erat kaitannya dengan kondisi habitat, dimana pada populasi tumbuhan yang memiliki habitat dan kondisi lingkungan yang sama

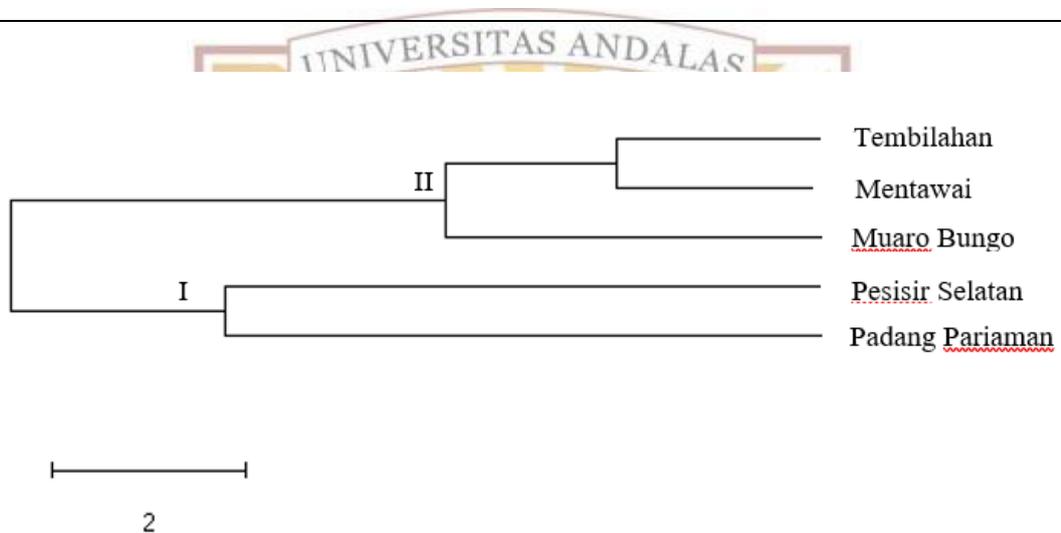
akan memiliki diferensiasi yang rendah sebaliknya jika antar populasi yang memiliki perbedaan habitat tumbuh dan kondisi lingkungan memiliki diferensiasi genetik yang tinggi.

4.2.3 Analisis Cluster dan Jarak Genetik

Hasil perhitungan jarak genetik memperlihatkan bahwa nilai jarak genetik yang paling tinggi adalah 0,2166 pada populasi Padang Pariaman dengan Tembilahan (Tabel 6). Hal ini menunjukkan bahwa hubungan kekerabatan antara populasi Padang Pariaman dan Tembilahan secara genetik terbilang jauh. Hasil ini didukung dengan perbedaan habitat antara kedua populasi. Populasi Tembilahan tumbuh di habitat yang berawa di muara sungai, sedangkan populasi Padang Pariaman memiliki tipe habitat yang tidak berawa dan jauh dari muara sungai. Nilai jarak genetik yang paling rendah adalah 0,0579 pada populasi Tembilahan dan Mentawai yang menandakan populasi Tembilahan dan Mentawai memiliki hubungan kekerabatan yang dekat. Hal ini diduga berkaitan dengan proses penyebaran biji sagu. Penyebaran biji sagu diduga berasal dari kepulauan pasifik menuju daerah bagian barat Indonesia hingga ke India. Biji sagu dibawa oleh arus air laut (hidrokori) menuju ke arah pesisir pulau Sumatera dan Mentawai. Kemudian beradaptasi sesuai habitatnya, sehingga mempengaruhi struktur genetik pada populasi tersebut. Menurut Haryjanto, *et al.* (2011), mikrohabitat telah berpengaruh penting dalam membentuk struktur genetik. Hal ini didukung oleh Baker dan Couvreur (2012) yang melaporkan bahwa arus laut berperan penting dalam membantu penyebaran jangka panjang biji *Palmae* antar pulau, termasuk di kepulauan Indo-Pasifik.

Tabel 6. Matriks jarak genetik lima populasi tanaman sagu

Populasi	Tembilahan	Mentawai	M. Bungo	Ps. Selatan	Pdg. Pariaman
Tembilahan	-				
Mentawai	0.0579	-			
Muaro Bungo	0.1014	0.0828	-		
Pesisir Selatan	0.1768	0.1786	0.1640	-	
Padang Pariaman	0.2166	0.1909	0.1628	0.1365	-

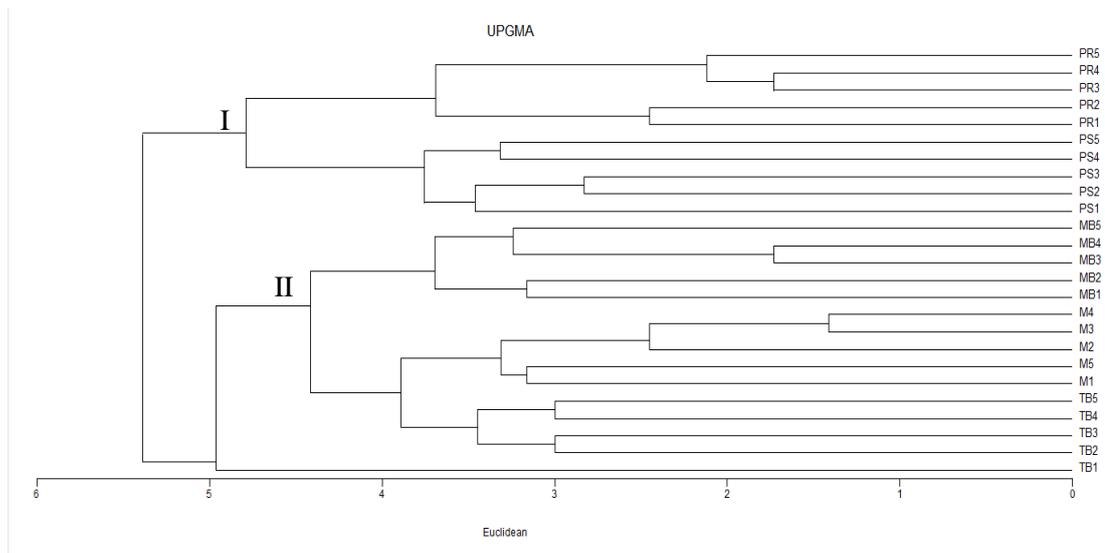


Gambar 5. Dendrogram lima populasi tanaman sagu di Sumatera berdasarkan jarak genetik Nei 1978

Analisis *cluster* dengan UPGMA (Gambar 5) menunjukkan bahwa terbentuknya dua kelompok (*cluster*). *Cluster* pertama mengelompokkan populasi Padang Pariaman dan Pesisir Selatan dalam satu kelompok. Sementara itu, *cluster* kedua mengelompokkan populasi Tembilahan, Muaro Bungo, dan Mentawai dalam satu kelompok. Pengelompokkan pada *cluster* pertama sesuai dengan kondisi habitat tumbuhnya yaitu di daerah tidak berawa dan jauh dari muara sungai. Sementara itu, *cluster* kedua dikelompokkan berdasarkan habitat yang berawa di muara sungai atau aliran sungai. Bahkan pada populasi Mentawai dan Tembilahan memiliki kekerabatan

yang lebih dekat dibandingkan populasi Muaro Bungo yang dikelompokkan dalam *sub-cluster* yang sama. Hal ini disebabkan karena habitat tumbuhnya dan kondisi lingkungan yang paling mirip pada kedua populasi yaitu daerah rawa pada muara sungai. Selain kesamaan kondisi habitat, dekatnya kekerabatan populasi tersebut diduga karena sebagai akibat dari proses evolusi dan migrasi biji sagu yang dibawa oleh arus air laut serta berasal dari tetua yang sama. Latta dan Mitton (1997) melaporkan bahwa dekatnya kekerabatan genetik dapat disebabkan oleh migrasi biji-bijian antar populasi. Hal ini didukung oleh Abbas dan Ehara (2012) melaporkan bahwa populasi sagu dengan jarak genetik yang jauh mengelompok dalam cluster yang sama yang disebabkan karena oleh proses evolusi dan aliran gen. Sementara itu Abbas, *et al.* (2009) yang melaporkan bahwa populasi dengan jarak geografis yang jauh dikelompokkan dalam satu *cluster* diperkirakan disebabkan oleh introduksi tanaman sagu di masa lalu melalui mobilisasi penduduk dari satu tempat ke tempat lain.

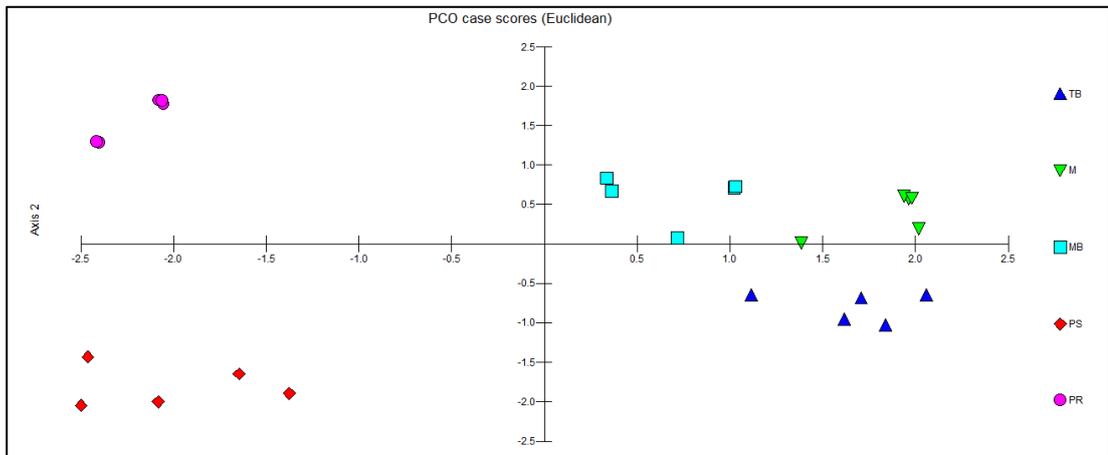
Berdasarkan Gambar 6 memperlihatkan bahwa pada masing-masing aksesi mengelompok secara spesifik pada populasi yang sama dan tidak terdapat aksesi yang tersebar acak dengan populasi lain. Secara keseluruhan pengelompokan dibagi menjadi dua kelompok besar. Kelompok pertama terdiri dari populasi Pesisir Selatan dan Padang Pariaman, sedangkan kelompok kedua terdiri dari populasi Muaro Bungo, Mentawai dan Tembilahan. Dari data tersebut menunjukkan bahwa aksesi pada setiap populasi merupakan aksesi indigenus (aksesi asli dan tidak ada percampuran dengan populasi lain) yang artinya tidak terjadinya migrasi populasi.



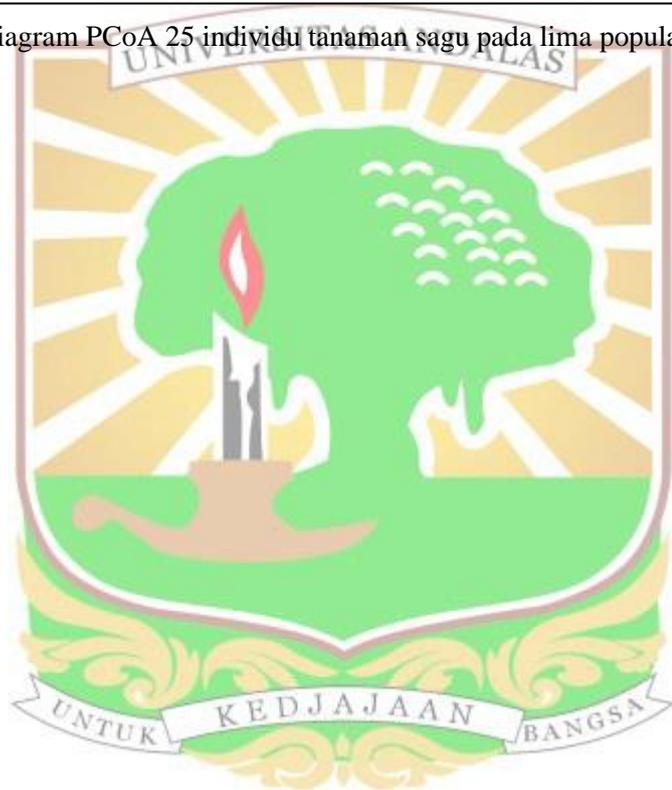
Gambar 6. Dendrogram 25 individu tanaman sagu pada lima populasi di Sumatera

4.2.4. Distribusi Populasi

Hasil *Principal Coordinate Analysis* (PCoA) menggambarkan distribusi aksesori sesuai dengan dendrogram pada kelima populasi (Gambar 7). Aksesori sagu pada populasi Padang Pariaman memiliki pola distribusi yang mengelompok dan berdekatan satu sama lain. Hal tersebut mengartikan bahwa rendahnya nilai heterozigositas yang membuat rendahnya keragaman genetik dalam populasi tersebut. Individu pada populasi Tembilahan, Muaro Bungo, dan Mentawai terdistribusi dengan pola yang berdekatan. Hal tersebut disebabkan karena nilai jarak genetik pada populasi yang dekat serta juga diduga terdapat kesamaan faktor lingkungan dan habitat pada kedua populasi tersebut. Menurut Mc Donald dan Mc Dermott (1993), struktur genetika dari suatu populasi dipengaruhi oleh beberapa faktor seperti lingkungan, kondisi alam, besarnya populasi, cara reproduksi dan seleksi alam. Fadillah *et al.* (2022) melaporkan bahwa populasi dengan nilai heterozigositas rendah memiliki pola persebaran yang lebih sempit dibandingkan populasi dengan heterozigositas yang tinggi.



Gambar 7. Diagram PCoA 25 individu tanaman sagu pada lima populasi di Sumatera



BAB V. KESIMPULAN DAN SARAN

5.1 Kesimpulan

Berdasarkan hasil penelitian yang telah dilakukan menunjukkan bahwa keragaman genetik intrapopulasi rendah, namun populasi Tembilahan memiliki keragaman genetik yang lebih tinggi. Keragaman genetik intrapopulasi dan interpopulasi relatif sama dengan nilai diferensiasi genetik tergolong sedang.

5.2 Saran

Berdasarkan nilai keragaman genetik, maka dapat direkomendasikan tindakan konservasi melalui strategi pohon induk agar dapat meningkatkan keragaman genetik populasi sagu di habitat aslinya.



DAFTAR PUSTAKA

- Abbas, B., M.H. Bintoro, Sudarsono, M. Surahman, H. Ehara. 2009. Genetic relationship of sago palm (*Metroxylon sagu* Rottb.) in Indonesia based on RAPD markers. *Biodiversitas Journal of Biological Diversity*. 10 (4) : 168-174.
- Abbas. B. dan Ehara, H. 2012. Assessment genetic variation and relationship of sago palm (*Metroxylon sagu* Rottb.) in Indonesia based on specific expression gene (Wx genes) markers. *African Journal of Plant Science*. 6(12), pp. 314-320.
- Abbas, B., M. Dailami, B. Santoso, Munarti. 2017. Genetic variation of sago palm (*Metroxylon sagu* Rottb.) progenies with natural pollination by using RAPD markers. *Natural Science*. 9 (4).
- Ajambang, W., Sudarsono, D. Asmono, N. Toruan. 2012. Microsatellite markers reveal Cameroon's wild oil palm population as a possible solution to broaden the genetic base in the Indonesia-Malaysia oil palm breeding programs. *African Journal of Biotechnology*. 11 (69): 13244-13249.
- Aktrinisia, M. 2010. Keragaman genetik plasma nutfah sagu (*Metroxylon* sp.) berdasarkan karakter morfologis dan molekuler RAPD (Random amplified polymorphic DNA) di Sumatera Barat. *Thesis*. Program Pasca Sarjana Unand. Padang.
- Anderson, J.T, J.H. Willis, dan T. Mitchell-Olds. 2011. Evolutionary genetics of plant adaptation. *Trends Genet*. 27(7): 258–266.
- Baker, W.J. dan T.L.P. Couvreur. Biogeography and distribution patterns of southeast Asian palms. In *Biotic Evolution and Environmental Change in Southeast Asia*, eds D. J. Gower et al. Published by Cambridge University Press, pp. 164-185.
- Bardakci, F. 2000. Random amplified polymorphic DNA (RAPD) Markers. *Turk. Journal. Biot*. 25: 185-196.
- Behroozian M., A. Jafari, M. Farsi. 2013. RAPD analysis of genetic variation within and among natural populations of two species of *Dianthus* L. (Caryophyllaceae) in the Iran. *Iran. J. Bot*. 19 (2) :194-201
- Budianto J. 2003. Teknologi sagu bagi agribisnis dan ketahanan pangan. Di dalam: Rahawarin H. Akuba et al., penyunting. *Sagu untuk Ketahanan Pangan, Prosiding Seminar Nasional Sagu*; Manado, 6 Okt 2003. Bogor: Pusat Penelitian dan Pengembangan Perkebunan. hlm 5-15.
- Cintamulya, I. 2013. Analisis variasi genetik varian jati arboretum dengan penanda mikrosatelit. *Jurnal Pendidikan Sains*. 1 (2): 109-114.
- Culley, T.M. 2004. Population genetic analysis of ISSR data. *Molecular Ecology*. 16: 3760-3770.

- Deinum, H.K. 1948. *Sago*. Dalam: C.J.J. van Hall & C. van de Koppel, De Landbouw in de Indische Archipel. Deel IIA. N.V. Uitgeverij W. Van Hoeve. 's-Gravenhage. h 604- 621.
- Ditjenbun. 2021. *Statistik Perkebunan Indonesia*. Direktorat Jendral Perkebunan, Departemen Pertanian. Jakarta.
- Doyle, J. J. and J. L. Doyle. 1987. A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. *Phytochem. Bull.* 19: 11-15.
- Fadillah, J., Mansyurdin, T. Maideliza. 2022. Genetic diversity of *Flacourtia rukam* Zoll. & Moritzi a local fruit tree using Random Amplified Polymorphic DNA Markers. *RRJOB*. 10 (5).
- Fatah, A., A. Rahmi, M.P. Biantary. 2015. Tinjauan potensi tanaman sago sebagai komoditas unggulan di kabupaten Paser. *Media sains*, 8: 158-167.
- Finkeldey, R. 2005. *An Introduction to Tropical Forest Genetiks: Molekuler Basic The Gene As A Function Unit*. Institute Of Forest Genetiks and Forest Tree Breeding. Germany.
- Fischer, M. and M. Diethart. 1998. Effects of population Size on performance in the rare plant *Gentianella germanica*. *Journal of Ecology*. 86: 195-204.
- Flach, M. 1997. Yield potential of the sago palm, *Metroxylon sago* Rottb., and its realisation. *Sago-76: Papers of the First International Sago Symposium*. Kuala Lumpur (ed. Koonlin Tan). h 157-177.
- Flach, M.F. 1983. *The sago palm: Domestication, exploitation and products F.A.O. palm production and protection paper*. AGPC/MISC/PREPRINT. A development paper presented at the FAO sponsored expert consultation on the sago palm and its product. F.A.O. Rome.
- Fukuoka, S., K. Hosaka and O. Kamijima, 1992. Use of Random Amplified Polymorphic DNAs (RAPDs) for identification of rice accessions. *Japanese J. Genet.* 67: 243-252.
- Hariyanto, B. 2011. Manfaat tanaman sago (*Metroxylon* sp) dalam penyediaan pangan dan pengendalian kualitas lingkungan. *Teknologi Lingkungan*, 12, 143-152.
- Harkingto., A. Purwantoro, D. Prajitno, dan A. Widyatmoko. 2006. Keragaman genetik lima populasi Ulin di Kalimantan Timur berdasarkan penanda RAPD. *Jurnal Ilmu Pertanian*, 13(1):1-10.
- Haryjanto, L., Prastyono, dan B. Ismail. 2011. Keragaman genetik empat populasi *Arenga pinnata* berdasarkan penanda isozim. *J. Pemuliaan Tanaman Hutan*. 5 (1): 13-21.

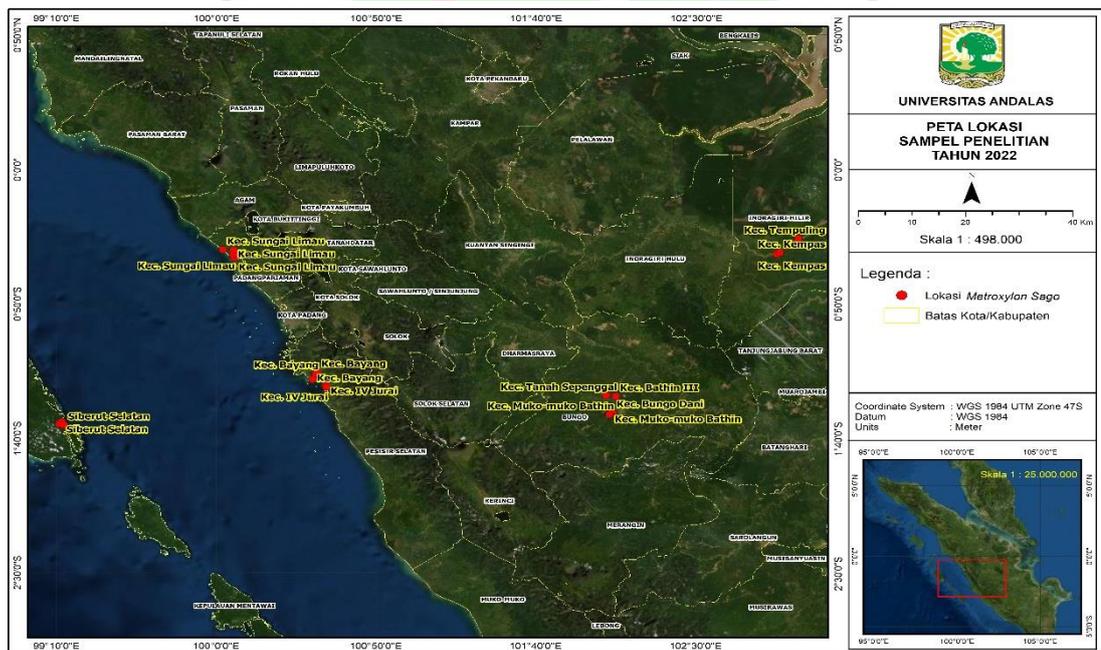
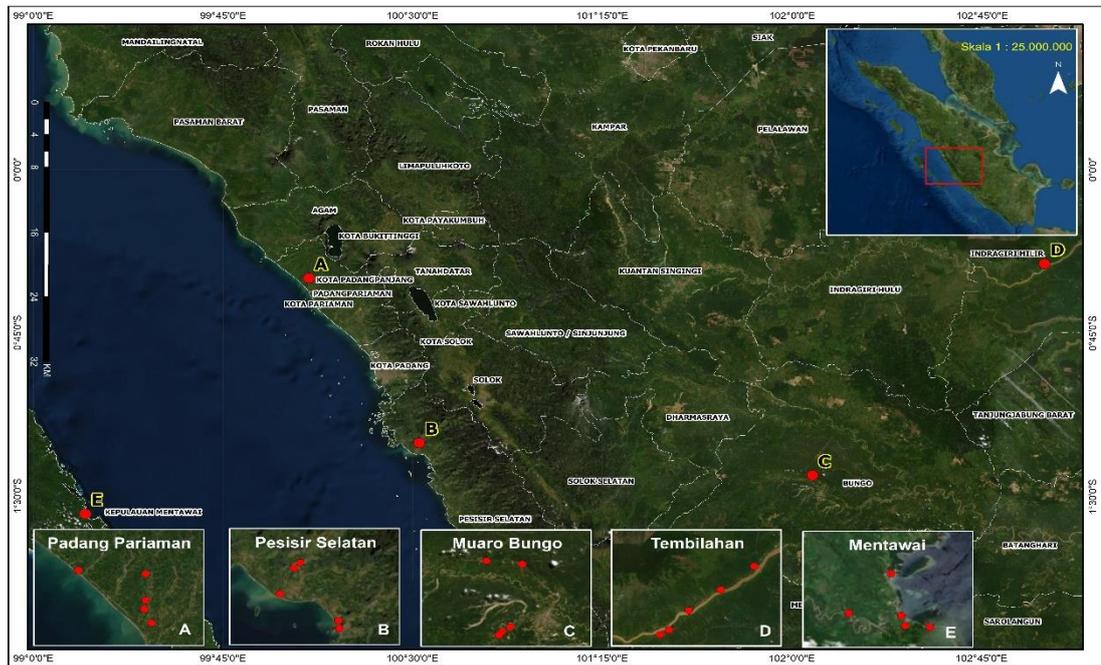
- Haryanto, B., & P. Pangloli. 1988. *Sagu, manfaat dan kegunaannya*. BPPT. 182 h.
- Haryanto, B dan P. Pangloli. 1992. *Potensi dan Pemanfaatan Sagu Kanisius*. Yogyakarta. 140 hlm.
- Harsanto, P.B. 1986. *Budidaya dan Pengolahan Sagu*. Kanisius: Yogyakarta
- Heyne, K. 1950. *De nuttige planten van Indonesie. Deel I*. N.V. Uitgeverij W. van Hoeve's-Gravenhage. 1450 h.
- Indrawan, M., R.B. Primack, J. Supriatna. 2007. *Biologi Konservasi*.: Yayasan Obor Indonesia. Jakarta.
- Integrated Taxonomic Information System (ITIS). 2010. *Arecaceae of North America update, database*. www.itis.gov.
- Johnson, D. 1977. Distribuibon of sago making in the old world. Sago-76: *Papers of the First International Sago Symposium*. Kuala Lumpur.
- Khanuja, S.P.S., A.K. Shasany, M.P. Daroker, S. Kumar. 1998. DNA fingerprinting of plant genetic resources: the need of time. *J. Med. Arom. Pl. Sci.* 20, 348–351.
- Latta, R.G., Mitton, J.B., 1997. A comparison of population differentiation across four classes of gene marker in Limber pine (*Pinus flexilis* James). *Genetics*. 146, 1153–1163.
- Li, Y.C., A.B. Korol, T. Fahima, A. Beiles, E. Nevo. 2002. Microsatellite: genomic distribution, putative and mutational mechanisms: a review. *Mol. Ecol.* 11:2453-2465.
- Magdy, M., O. Werner, S.F. McDaniel, B. Goffinet, R.M. Ros. (2016). Genomic scanning using AFLP to detect loci under selection in the moss *Funaria hygrometrica* along a climate gradient in the Sierra Nevada Mountains, Spain. *Plant Biology*. 18(2): 280–288.
- McDermott, J.M. and B.A. McDonald. 1993. Gene flow in plant pathosystems. *Ann. Rev. Phytopathology*. 31: 353-373.
- Na'iem, M. 2000. *Training course on basic forest genetics: Charecteristic of forest genetic variation*. Fakultas Kehutanan Universitas Gadjah Mada. Yogyakarta.
- Nei, M. 1978. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics*. 89:583-590.

- Nybom, H. and I.V. Bartish. 2000. Effects of life history traits and sampling strategies on genetic diversity estimates obtained with RAPD markers in plants. *Urban & Fischer Verlag*. 3 (2): 93-114.
- Orsini, L., M. Joachim, J. Vanoverbeke, L.D. Meester. 2013. The role of selection in driving landscape genomic structure of the waterflea *Daphnia magna*. *Molecular Ecology*, 22: 583–601.
- Pasaribu, A., L.A.P. Putri, Suryanto. 2015. Analisis awal keragaman molekuler kelapa sawit (*Elais guineensis* Jacq.) menggunakan lima primer SSR (Simple Sequences Repeat). *Jurnal Pertanian Tropik*. 4(1): 47-56.
- Poerba, Y.S. dan D. Martanti. 2008. Genetic variability of *Amorphophallus muelleri* Blume in Java based on Random Amplified Polymorphic DNA. *Biodiversitas*, 9(4):245-249.
- Pratiwi, P. 2012. Analisis variasi genetik beberapa populasi *Globba leucantha* Miq. di Sumatera Barat dengan RAPD. *Thesis*. Program Pasca Sarjana Unand. Padang.
- Rahayu, E.S., dan S. Handayani. 2010. Keragaman genetik pandan asal Jawa Barat berdasarkan penanda inter simple sequence repeat. *Makara Sains*. 14: 158-162.
- Ruddle, K., D. Johnson, P.K. Townsend, J.D. Rees. 1978. *Palm Sago a Tropical Starch From Marginal Lands*. The University Press of Hawaii, Honolulu.
- Schuilng, D.L., and M. Flach. 1985. *Guidelines for the cultivation of sago palm*. Dept. of Tropical Crop Science. Agric. Univ. of Wageningen. The Netherlands.
- Sulistiyawati, P. & AYPBC. Widyatmoko. 2017. Keragaman genetik populasi kayu merah (*Pterocarpus indicus* Willd) menggunakan penanda RAPD. *Jurnal Pemuliaan Tanaman Hutan*. 11 (1): 67-76.
- Tarigan, D.D. 2001. Sagu memantapkan swasembada pangan. *Warta Penelitian dan Pengembangan Pertanian*. 23 (5):1-3. Jakarta [ID]: Badan Litbang Pertanian.
- Tingey, S.V., J.A. Rafalski, M.K. Hanafey. 1994. Genetic analysis with RAPD markers: In *Plant Molecular Biology*. C. Coruzzi & P. Puidormenech (Eds.) p.491-498.
- Tenda, E.T., R.T.P. Hutapea dan M. Syakir. 2009. *Sagu tanaman perkebunan penghasil bahan bakar nabati*. Pusat Penelitian dan Pengembangan Perkebunan. Hlm, 143-160.
- Tenda, E. T., H. Novianto, and J. Limbongan. 2006. Biodiversity of sago palm in Indonesia and conservation strategy. *Proceeding of the eight International sago palm symposium*. Pp. 239.

- Verstappen, H.T. 1975. On palaeoclimates and landform development in Malaysia. pp. 3-36. In: G.J. Bartstra & W. A. Casparie (eds.) *Modern Quaternary Research in Southeast Asia*. Rotterdam: Balkema.
- Wang, R.R.C., J. Chen, & L.R. Joppa. 1995. Production and identification of chromosome specific RAPD markers for Langdon Durum wheat disomic substitution lines. *Crop Science*. 35:886-888.
- Widjono, A.Y., Mokay, Amisnaipa, H. Lakuy, A. Rouw, P. Wihyawari. 2000. *Jenis-jenis sagu beberapa daerah Papua*. Pusat Penelitian dan Pengembangan Sosial Ekonomi Pertanian Bogor.
- William, J. G. K., A. R. Kubelik, K.J. Livak, J.A Rafalski & S. V. Tingey. 1990. DNA Polymorphism Amplified by arbitrary primers are useful as genetik markers. *Nucleic Acids Research*. 18: 6531-6535.
- Yeh, F. C., R.C. Yang & T. Boyle. 1997. *POPGENE, the user-friendly shareware for population genetik analysis*. Molecular Biology and Biotechnology Centre University of Alberta. Canada.
- Yulita, K.S. dan T. Partomihardjo. 2010. Keragaman genetica populasi pelahlar [Dipterocarpus littoralis (Bl.) Kurz] di Pulau Nusakambangan berdasarkan profil Enhanced Random Amplified Polymorphic DNA. *Berita Biologi*. 10(4): 541-548.
- Yu, L.X. & H.T. Nguyen. 1994. Genetic variation detected with RAPD markers among upland and lowland rice cultivars (*Oryza sativa* L.) *Theor. Appl. Genet.* 87: 668-672.
- Zainab, N., A.R.K.A. Azlin, S. Nazlina, H. Hasnain, S. Norhaizat. JX. Teng, V. Lawai. 2013. Production of fire-retardant sound-absorbing. *Journal of Tropical Forest Science*, 25(4), pp. 510-515.
- Zhao, W. X. Wang, L. Li, J. Li, H. Yin, Y. Zhao, X. Chen. Evaluation of environmental factors affecting the genetic diversity, genetic structure, and the potential distribution of *Rhododendron aureum* Georgi under changing climate. *Ecology and Evolution*.11: 12294-12306.

LAMPIRAN

Lampiran 1. Peta lokasi pengoleksian sampel tanaman sagu



Lampiran 2. Tabel lokasi pengoleksian sampel lima populasi tanaman sagu di Sumatera

No	Populasi	Lokasi	Kode Sampel	Titik Koordinat
1	Padang Pariaman	Kec. Sungai Limau	PR1	S 0°29'45.671" E 100°02'02.694"

		Kec. Sungai Limau	PR2	S 0°29'57.876"	E 100°05'21.990"
		Kec. Sungai Limau	PR3	S 0°31'29.052"	E 100°05'21.402"
		Kec. Sungai Limau	PR4	S 0°32'00.000"	E 100°05'17.328"
		Kec. Sungai Limau	PR5	S 0°32'47.460"	E 100°05'38.514"
2	Pesisir Selatan	Kec. Bayang	PS1	S 1°15'22.565"	E 100°31'34.235"
		Kec. Bayang	PS2	S 1°15'50.322"	E 100°31'07.170"
		Kec. Bayang	PS3	S 1°18'00.000"	E 100°30'07.241"
		Kec. IV Jurai	PS4	S 1°20'53.321"	E 100°34'22.841"
		Kec. IV Jurai	PS5	S 1°20'13.859"	E 100°34'18.948"
3.	Muaro Bungo	Kec. Ps. Muaro Bungo	MB1	S 1°31'00.894"	E 102°02'54.893"
		Kec. Ps. Muaro Bungo	MB2	S 1°30'41.604"	E 102°03'10.920"
		Kec. Bathin III	MB3	S 1°30'15.012"	E 102°03'50.910"
		Kec. Bathin III	MB4	S 1°24'14.340"	E 102°04'49.530"
		Kec. Tanah Sepenggal	MB5	S 1°23'55.908"	E 102°01'52.745"
4	Tembilahan	Kec. Tempuling	TB1	S 0°28'21.036"	E 102°58'12.834"
		Kec. Tempuling	TB2	S 0°25'38.874"	E 103°01'47.034"
		Kec. Tembilahan Hulu	TB3	S 0°22'36.756"	E 103°05'30.035"
		Kec. Kempas	TB4	S 0°30'49.475"	E 102°56'00.251"
		Kec. Kempas	TB5	S 0°31'26.171"	E 102°55'01.157"
5	Mentawai	Siberut Selatan	M1	S 1°34'58.944"	E 99°12'18.714"
		Siberut Selatan	M2	S 1°34'44.442"	E 99°11'48.234"
		Siberut Selatan	M3	S 1°34'41.183"	E 99°10'52.289"
		Siberut Selatan	M4	S 1°34'56.711"	E 99°11'40.548"
		Siberut Selatan	M5	S 1°33'52.487"	E 99°11'37.595"

Lampiran 3. Gambar tanaman sagu pada lima populasi di Sumatera



Keterangan: A (Sagu Mentawai); B (Sagu Tembilahan); C (Sagu Muaro Bungo);
 D (Sagu Padang Pariaman); E (Sagu Pesisir Selatan)



SKRIPSI_JUPRIADI.docx

ORIGINALITY REPORT

7 %	6 %	2 %	1 %
SIMILARITY INDEX	INTERNET SOURCES	PUBLICATIONS	STUDENT PAPERS

PRIMARY SOURCES

1	journalpasca.unipa.ac.id Internet Source	2 %
2	ejournal.forda-mof.org Internet Source	2 %
3	ejurnal.litbang.pertanian.go.id Internet Source	1 %
4	Submitted to Universitas Bung Hatta Student Paper	1 %
5	issuu.com Internet Source	1 %
6	Repository.umy.ac.id Internet Source	1 %

Exclude quotes On

Exclude matches < 1%

Exclude bibliography On