

ANALISIS FILOGENETIKA GANDARIA (BOUEA) INDONESIA MENGGUNAKAN MARKA MOLEKULER cpDNA *trnL-F* INTERGENIK SPACER



Tri Harsono *) dan Nuraini Harahap **)
Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Negeri Medan

*) 0031126503 **) 00100776405

E-mail: triharsonounimed@gmail.com



LATAR BELAKANG

Gandaria (*Bouea*) adalah salah satu marga dalam suku *Anacardiaceae* yang memiliki persebaran di kawasan Malesia, suatu kawasan (region) yang terbentang antara Benua Asia dan Australia dan di dalamnya tercakup sejumlah flora dan fauna yang sangat khas dan hampir tidak ditemukan di wilayah lainnya. Salah satu flora unik khas Malesia adalah Gandaria (*Bouea*) yang masih satu suku dengan Mangga (*Anacardiaceae*).

Penanda kloroplas (cpDNA) yang banyak digunakan adalah sekuen *trnL-F* intergenic spacer. Sekuen ini memiliki tingkat evolusi yang rendah sehingga memiliki keterbatasan mengamati hubungan intraspesifik.

Tujuan penelitian ini adalah untuk menganalisis hubungan kekerabatan antar kultivar gandaria berdasarkan cpDNA *trnL-F* transgenic spacer, memata-matai jalannya evolusi yang terjadi, dan memperkirakan asal persebaran dan individu yang diduga nenek moyang gandaria (*Bouea*).

METODE

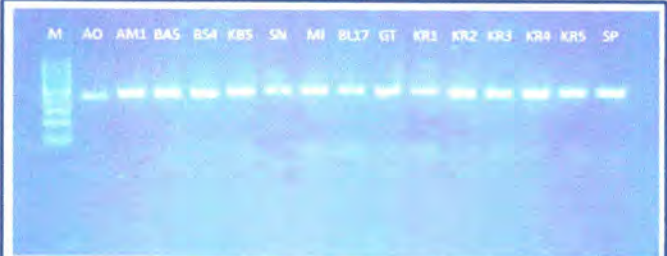
Sampel *B. macrophylla* dan *B. oppositifolia* diperoleh dari berbagai wilayah di Indonesia yang mewakili 7 wilayah yang dianalisis pada penelitian ini yaitu Ambon, Banten, Aceh, Sumatera Barat, Kalimantan Barat, Bangka Belitung, Sumatera Utara, dan aksesori dari Kebun Raya Bogor. Sampel yang digunakan berupa sampel daun segar dengan outgroup yang digunakan merupakan kerabat dekatnya yaitu *Mangifera indica* dan *Anacardium occidentale*.

Isolasi DNA dilakukan dengan metode CTAB dengan modifikasi. Selanjutnya Sekuen intergenic spacer *trnL-F* diamplifikasi dengan pasangan primer cpDNA forward 5'-GGTTCAAGTCCCTCTATCCC-3' dan cpDNA reverse 5'-ATTTGAAGTGGTGACACGAG-3'. Hasil elektroforesis yang menunjukkan hasil positif dilanjutkan dengan proses *sequencing* ke First Base Singapore. Data hasil *sequencing* sampel sekuen *trnL-F* dianalisis dengan program BioEdit 7.0.1 dan MEGA 6.06 untuk memperoleh pohon filogenetik.



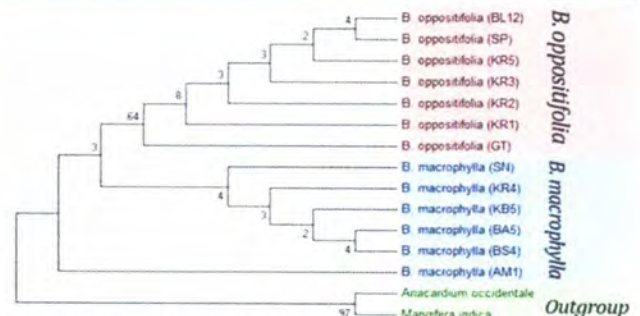
Gambar. Wilayah pengambilan sampel

HASIL DAN PEMBAHASAN

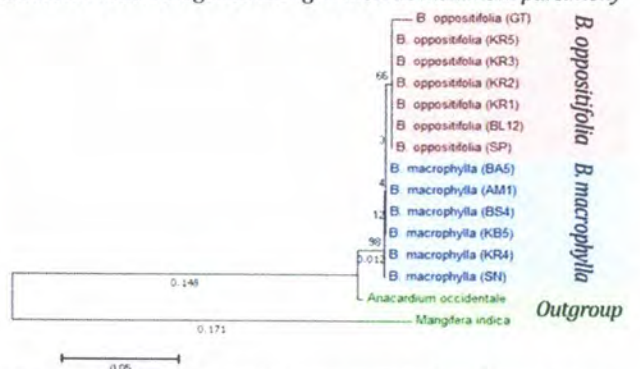


Gambar. Visualisasi hasil PCR dengan agarose 1%; AO = *A. occidentale*, AM1 = Ambon (*B. macrophylla*), BA5 = Banten (*B. macrophylla*), BS4 = Batu Sangkar, Sumatera Barat (*B. macrophylla*), KB = Kalimantan Barat (*B. macrophylla*), SN = Lhoksukon, Aceh (*B. macrophylla*), MI = *Mangifera indica*, BL17 = Bangka Belitung (*B. oppositifolia*), GT = Gunung Tua, Sumatera Utara (*B. oppositifolia*), KR1, KR2, KR3, dan KR5 = Kebun Raya Bogor (*B. oppositifolia*), KR4 = Kebun Raya Bogor (*B. macrophylla*), SP = Sipiongot, Sumatera Utara (*B. oppositifolia*)

Sampel	T	C	A	G	Total (bp)	%AT	%GC
<i>B. macrophylla</i> (BA5)	32,2	22,6	28,8	16,4	451,0	61,0	39,0
<i>B. macrophylla</i> (AM1)	32,4	22,9	28,5	16,2	445,0	60,9	39,1
<i>B. macrophylla</i> (BS4)	31,9	22,2	29,4	16,4	445,0	61,3	38,7
<i>B. macrophylla</i> (KB5)	32,3	22,6	29,0	16,2	452,0	61,3	38,7
<i>B. macrophylla</i> (KR4)	32,2	22,8	28,9	16,2	426,0	61,0	39,0
<i>B. macrophylla</i> (SN)	32,1	22,2	29,5	16,3	455,0	61,5	38,5
<i>B. oppositifolia</i> (BL12)	32,2	22,5	29,1	16,3	454,0	61,2	38,8
<i>B. oppositifolia</i> (GT)	32,1	23,1	28,5	16,3	424,0	60,6	39,4
<i>B. oppositifolia</i> (KR1)	32,1	22,8	28,8	16,4	452,0	60,8	39,2
<i>B. oppositifolia</i> (KR2)	32,1	22,8	29,0	16,2	452,0	61,1	38,9
<i>B. oppositifolia</i> (KR3)	32,2	22,7	28,9	16,1	453,0	61,1	38,9
<i>B. oppositifolia</i> (KR5)	32,1	22,8	29,0	16,2	452,0	61,1	38,9
<i>B. oppositifolia</i> (SP)	31,9	22,8	29,0	16,2	451,0	61,0	39,0
<i>Anacardium occidentale</i>	31,3	22,5	30,2	16,0	457,0	61,5	38,5
<i>Mangifera indica</i>	33,7	21,5	32,0	12,8	413,0	65,6	34,4
Rata-rata	32,2	22,6	29,2	16,0	445,5	61,4	38,6



Gambar. Pohon filogenetik dengan metode maximum parsimony



Gambar. Pohon filogenetik dengan metode Neighbour joining

KESIMPULAN

Penulis berterima kasih kepada Kementerian RISTEK DIKTI yang telah memdanai penelitian ini melalui skema Hibah Penelitian Fundamental. Tabel di bawah ini.

UCAPAN TERIMA KASIH

Penulis berterima kasih kepada Kementerian RISTEK DIKTI yang telah memdanai penelitian ini melalui skema Hibah Penelitian Fundamental.



DIREKTORAT JENDERAL PENGUATAN RISET DAN PENGEMBANGAN
KEMENTERIAN RISET, TEKNOLOGI, DAN PENDIDIKAN TINGGI

Hiagam Penghargaan

Nomor : 0490 /E3.1/LT/2016

diberikan kepada

TRI HARSONO

(Universitas Negeri Medan)

Atas Partisipasinya sebagai:

POSTER TERBAIK

**Pada Seminar Hasil Program Riset Dasar (Skema Fundamental)
yang sudah selesai tahun 2015**

di selenggarakan pada tanggal, 11 - 12 Februari 2016 di Padang

Jakarta, 16 Februari 2016

Direktur Riset dan Pengabdian Masyarakat,



Prof. Dr. Ocky Karna Radjasa, MSc.

NIP. 196510291990031001