

KERAGAMAN GENETIK BAMBU BERDASARKAN PENANDA *SIMPLE SEQUENCE REPEAT (SSR)* PADA AREAL KONSERVASI SUMBERDAYA GENETIK BPTH WILAYAH II DI KABUPATEN GOWA

GENETIC DIVERSITY OF BAMBOO BASED ON SIMPLE SEQUENCE REPEAT (SSR) IN THE GENETIC CONSERVATION AREA OF FOREST PLANT SEED CENTER (BPTH) REGION II IN GOWA REGENCY

MUHAMMAD FADLY MAKMUR



PROGRAM STUDI MAGISTER ILMU KEHUTANAN
FAKULTAS KEHUTANAN
UNIVERSITAS HASANUDDIN
MAKASSAR

2022

KERAGAMAN GENETIK BAMBU BERDASARKAN PENANDA *SIMPLE
SEQUENCE REPEAT (SSR)* PADA AREAL KONSERVASI
SUMBERDAYA GENETIK BPTH WILAYAH II DI KABUPATEN GOWA

Tesis

Sebagai Salah Satu Syarat untuk Mencapai Gelar Magister

Program Studi

Magister Ilmu Kehutanan

Disusun dan diajukan oleh

Muhammad Fadly Makmur

Kepada

FAKULTAS KEHUTANAN
UNIVERSITAS HASANUDDIN
MAKASSAR

2022

TESIS

KERAGAMAN GENETIK BAMBU BERDASARKAN PENANDA *SIMPLE SEQUENCE REPEAT (SSR)* PADA AREAL KONSERVASI SUMBERDAYA GENETIK BPTH WILAYAH II DI KABUPATEN GOWA

Disusun dan diajukan oleh

MUHAMMAD FADLY MAKMUR

Nomor Pokok M012182002

telah dipertahankan di depan Panitia Ujian Tesis

pada tanggal 6 Juli 2022

dan dinyatakan telah memenuhi syarat

Menyetujui

Komisi Penasihat,

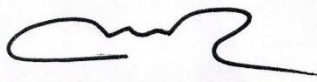
Ketua

Anggota



Prof. Dr. Ir. H. Muh. Restu, M.P.

Ketua Program Studi S2
Ilmu Kehutanan



Mukrimin, S.Hut., M.P., Ph.D.



Dr. Siti Halimah Larekeng, S.P., M.P.

Dekan Fakultas Kehutanan



Dr. A. Mujetahid M., S.Hut., M.P.

PERNYATAAN KEASLIAN TESIS

Yang bertanda tangan di bawah ini

Nama : Muhammad Fadly Makmur

Nomor Mahasiswa : M012182002

Program Studi : Ilmu Kehutanan

Menyatakan dengan sebenarnya bahwa tesis yang saya tulis ini benar-benar merupakan hasil karya saya sendiri, bukan merupakan pengambilalihan tulisan atau pemikiran orang lain. Apabila di kemudian hari terbukti atau dapat dibuktikan bahwa sebagian atau keseluruhan tesis ini hasil karya orang lain, saya bersedia menerima sanksi atas perbuatan tersebut.

Makassar, 06 Juli 2022

Yang Menyatakan



Muhammad Fadly Makmur

PRAKATA

Dengan Asma Allah yang Maha Pengasih dan Maha Penyayang, segala puji dan syukur penulis panjatkan atas berkat dan rahmat Allah SWT sehingga penulis dapat menyelesaikan tesis ini. Proses penyusunan tesis ini sempat mengalami stagnan, namun seruan motivasi dari istri tercinta dan saran komisi penasehat mendorong penulis menyelesaikan tesis ini.

Penulis menyadari bahwa dalam proses penyelesaian tesis ini telah melibatkan berbagai pihak yang telah memberikan kontribusi dalam penyusunan tesis ini. Untuk itu penulis ucapkan terima kasih dan penghargaan yang setinggi-tingginya kepada yang penulis hormati:

1. Bapak Prof. Dr. Ir. H. Muh. Restu, M.P. sebagai ketua komisi penasehat dan Ibu Dr. Siti Halimah Larekeng, S.P., M.P. sebagai anggota komisi penasehat. Beliau berdua dengan kepakaran dan keikhlasannya telah membimbing penulis dalam penyajian tesis ini secara keseluruhan. Untuk itu sekali lagi penulis menghaturkan penghormatan dan penghargaan yang setinggi-tingginya serta ucapan terima kasih dengan iringan doa semoga perhatian, kesabaran dan keikhlasan beliau dalam membimbing penulis bernilai ibadah disisi Allah SWT.
2. Bapak Mukrimin, S.Hut., M.P., Ph.D., Ibu Dr. Ir. Astuti, S.Hut., M.Si., IPU dan Dr. Ir. Sitti Nuraeni, M.P. sebagai tim penguji. Dengan

kepakaran dan keikhlasannya telah memberikan kritikan, masukan dan saran dalam penyempurnaan tesis ini.

3. Kepala BPTH Wilayah II Ibu Ir. Evi Budiaryanti, M.Si. atas dukungan kepada penulis dalam penyelesaian studi.
4. Seluruh dosen Pasca Sarjana Program Studi Ilmu Kehutanan, Fakultas Kehutanan Universitas Hasanuddin yang telah memberikan ilmunya kepada penulis semasa dalam proses studi.
5. Dr. Nirawati, S.Hut., M.P., Iswanto, S.Hut., M.Si., Amina, S.P., Jeni Oktavina, S.Hut. M.Hut., Fitriani, S.Hut, Andi Sifa Zulfiana, S.Hut., M.Hut. dan Muh. Bima Akzad S.Hut., M.Hut bersama gengnya serta adik-adikku di Laboratorium Bioteknologi dan Pemuliaan Pohon yang telah banyak membantu penulis selama penyelesaian tesis.
6. Kepada istriku tercinta Andi Nurhafni dan malaikat kecilku Andi Imtinan Atqa Fadly atas kasih sayang, motivasi dan doa yang senantiasa terpanjatkan dengan tulus dan ikhlas.

Akhir kata penulis menyadari dan berbesar hati bahwa tesis ini masih jauh dari kesempurnaan, seraya berharap semoga tesis ini dapat sedikit memberi manfaat bagi perkembangan ilmu pengetahuan khususnya dalam bidang ilmu kehutanan.

Makassar, Juli 2022

Muhammad Fadly Makmur

ABSTRAK

MUHAMMAD FADLY MAKMUR. *Keragaman Genetik Bambu Berdasarkan Penanda Simple Sequence Repeat (SSR) Pada Areal Konservasi Sumber Daya Genetik Balai Perbenihan Tanaman Hutan Wilayah II Di Kabupaten Gowa* (dibimbing oleh Muhammad Restu dan Siti Halimah Larekeng).

Bambu merupakan tanaman yang telah dimanfaatkan masyarakat Indonesia secara luas. Pemanfaatan bambu secara terus menerus tidak diiringi dengan upaya konservasi. Salah satu faktor penting dalam upaya konservasi bambu adalah adanya informasi keragaman genetik. Penelitian ini menggunakan penanda molekuler sebagai pendekatan dalam mempelajari keragaman genetik karena penanda tersebut sifatnya stabil dan tidak dipengaruhi oleh lingkungan.

Penelitian ini bertujuan untuk menganalisis keragaman genetik bambu di Areal Konservasi Sumber Daya Genetik (ASDG) BPTH Wilayah II berdasarkan penanda genetik *Simple Sequence Repeat* (SSR). Analisis keragaman genetik bambu digunakan sebagai referensi perumusan strategi konservasi bambu dan pengembangannya dalam menghasilkan bibit bambu unggul dimasa yang akan datang.

Sampel daun bambu pada penelitian ini diambil di Kelurahan Lanna Kabupaten Gowa. Sampel daun tersebut diolah dalam penelitian molekuler dan analisis keragaman genetik di Laboratorium Bioteknologi dan Pemuliaan Pohon, Fakultas Kehutanan Universitas Hasanuddin. Parameter keragaman genetik meliputi jumlah alel yang terdeteksi (N_a), nilai heterozigositas observasi (H_o), nilai heterozigositas harapan (H_e) dihitung menggunakan program GenAEx 6.5. Hasil analisis kluster diperoleh dengan menggunakan program Darwin 6.0 dengan metode Unweighted Pair-Group Methode Arithmetic (UPGMA).

Amplifikasi 17 pasang primer SSR pada DNA sembilan jenis bambu menghasilkan 14 primer polimorfik yang digunakan dalam analisis keragaman genetik. Nilai rata-rata heterozigositas yang diperoleh adalah 0,27, termasuk dalam kategori keragaman genetik sedang. Hubungan kekerabatan sembilan jenis bambu terbagi menjadi dua kluster utama.

Kata kunci: bambu, SSR, amplifikasi, polimorfik, keragaman genetik

ABSTRACT

MUHAMMAD FADLY MAKMUR. Genetic Diversity of Bamboo Based on *Simple Sequence Repeat (SSR) In the Genetic Conservation Area of Forest Plant Seed Center (BPTH) Region II in Gowa Regency* (supervised by Muhammad Restu and Siti Halimah Larekeng).

Bamboo is a plant that has been widely used by the people of Indonesia. Continuous use of bamboo is not followed by conservation efforts. One of the important factors in bamboo conservation efforts is the availability of genetic diversity information. This study uses molecular markers as an approach in studying genetic diversity because these markers are stable and not affected by the environment.

This study aims to analyze the genetic diversity of bamboo in the Genetic Conservation Area of BPTH Region II based on the genetic marker Simple Sequence Repeat (SSR). The results of the analysis of bamboo genetic diversity are used as a reference for formulating bamboo conservation strategies and also for development in producing superior bamboo seedlings in the future.

Bamboo leaf samples in this study were taken in Lanna Village, Gowa Regency. The leaf samples were processed in molecular research and analysis of genetic diversity at the Laboratory of Biotechnology and Tree Breeding, Faculty of Forestry, Hasanuddin University. Parameters of genetic diversity include the number of alleles detected (N_a), the observed heterozygosity value (H_o), the expected heterozygosity value (H_e) were calculated using the GenAEx 6.5 program. The results of the cluster analysis were obtained using the Darwin 6.0 program with the Unweighted Pair-Group Methode Arithmetic (UPGMA).

Amplification of 17 pairs of SSR primers in the DNA of nine bamboo species resulted in 14 polymorphic primers used in genetic diversity analysis. The average value of heterozygosity obtained was 0.27, which was included in the category of moderate genetic diversity. The genetic relationships of nine bamboo species are divided into two main clusters.

Keywords: bamboo, SSR, amplification, polymorphic, genetic diversity

DAFTAR ISI

	Halaman
PRAKATA	v
ABSTRAK	vii
ABSTRACT	viii
DAFTAR ISI	ix
DAFTAR TABEL	xi
DAFTAR GAMBAR	xii
DAFTAR LAMPIRAN	xiii
BAB I PENDAHULUAN.....	1
A. Latar Belakang	1
B. Rumusan Masalah	5
C. Tujuan Penelitian	5
D. Kegunaan Penelitian	6
E. Ruang Lingkup Penelitian	6
BAB II TINJAUAN PUSTAKA.....	7
A. Bambu (<i>Bambusa sp.</i>).....	7
1. Sistematika	7
2. Morfologi Bambu	8
3. Ketinggian tempat.....	10
4. Iklim	10
5. Penyebaran dan Habitat	11

6. Karakteristik Jenis Bambu	12
B. Keragaman Genetik	13
C. Konservasi Genetik	14
D. Penanda Genetik	16
E. SSR (Simple Sequence Repeats)	17
F. Kerangka Pikir Penelitian	18
BAB III METODE PENELITIAN.....	20
A. Lokasi dan Waktu.....	20
B. Alat dan Bahan.....	21
C. Prosedur.....	21
1. Pengambilan Sampel	21
2. Seleksi primer.....	22
3. Elektroforesis.....	24
4. Analisis Data SSR	24
BAB IV HASIL DAN PEMBAHASAN.....	27
A. Seleksi Primer	27
B. Analisis Keragaman Genetik	30
C. Hubungan Kekkerabatan Pada Seluruh Individu	37
BAB V PENUTUP	43
A. Kesimpulan	43
B. Saran.....	43
DAFTAR PUSTAKA.....	44
LAMPIRAN.....	52

DAFTAR TABEL

	Halaman
Tabel 1. Daftar sampel jenis bambu yang diteliti.....	22
Tabel 2. Daftar primer SSR yang digunakan untuk genotipe bambu (Bhandawat et al., 2014)	23
Tabel 3. Primer SSR hasil seleksi.....	27
Tabel 4. Parameter yang mencirikan keragaman genetik bambu	34

DAFTAR GAMBAR

	Halaman
Gambar 1. Kerangka pikir penelitian.....	19
Gambar 2. Peta lokasi ASDG bambu	20
Gambar 3. Prosedur penelitian keragaman genetik jenis bambu.....	26
Gambar 4. Elektroforegram seleksi primer DLUGMS62	29
Gambar 5. Diagram Analysis of Molecular Variance (AMOVA)	36
Gambar 6. Dendogram hubungan kekerabatan genetik bambu	39

DAFTAR LAMPIRAN

Halaman

Lampiran 1. Tabel nilai jarak genetik antar individu beserta potongan tabel dengan nilai terendah dan tertinggi.....	53
Lampiran 2. Dokumentasi pengambilan sampel daun bambu	60
Lampiran 3. Dokumentasi proses penimbangan sampel	61
Lampiran 4. Gambar proses penggerusan sampel daun bambu	62
Lampiran 5. Dokumentasi peralatan yang digunakan.....	63

BAB I

PENDAHULUAN

A. Latar Belakang

Indonesia memiliki sumberdaya alam melimpah dengan beraneka ragam jenis tanaman. Salah satu tanaman yang sudah dikenal dan banyak dimanfaatkan masyarakat sejak dulu yaitu bambu. Bambu memiliki pertumbuhan yang cepat dapat diunggulkan dalam mengatasi lahan kritis dan memiliki peranan yang sangat penting bagi kehidupan masyarakat Indonesia (Rabik and Brown, 2013; Sari et al., 2016).

Batangnya memiliki sifat-sifat yang kuat, lurus, rata, keras, mudah dibelah, mudah dibentuk dan mudah dikerjakan, serta ringan (Dahlan et al., 2018). Sistem perakaran bambu yang sangat rapat, kuat dan menyebar ke segala arah dapat berfungsi untuk memperbaiki sumber serapan air, menahan erosi dan longsor akibat gerusan air sungai. Lahan di bawah tegakan bambu sangat stabil dan mudah meresapkan air sehingga sangat cocok untuk menjaga fungsi hidrologis DAS (Budiarti et al., 2017).

Bambu memiliki beragam manfaat, namun belum mendapat prioritas utama untuk dikembangkan sebagai tanaman produktif, walaupun pada tahun 2016 tercatat sebagai momentum pencanangan 100 juta bambu nasional oleh Wakil Presiden Republik Indonesia di Provinsi Sulawesi Selatan.

Bambu secara taksonomi termasuk anggota rumput-rumputan dari suku Poaceae yang memiliki karakter morfologi tersendiri. Bambu merupakan jenis tumbuhan yang sangat penting dan bermanfaat bagi masyarakat dan memiliki keanekaragaman yang cukup tinggi (Yuliani et al., 2017). Budidaya bambu masih sangat kurang dan pengenalan terhadap jenis-jenis bambu yang ada di Indonesia masih sangat terbatas. sehingga diperlukan suatu sarana pengembangan tanaman bambu.

Bambu belum dibudidayakan secara intensif namun telah mengalami penurunan, pengrusakan dan pemusnahan ragam hayati akibat kegiatan pemanenan tanpa upaya budidaya dan mengintroduksi jenis baru. Data sebaran bambu di Sulawesi Selatan sekitar 11.881 ha (Misdarti, 2006). Hasil inventarisasi potensi bambu di Sulawesi Selatan menunjukkan luasan sebesar 11.019,67 ha (Daud et al., 2016). Data pada kisaran waktu tersebut menunjukkan telah terjadi penurunan luasan sekitar 862 ha pada hutan bambu di Provinsi Sulawesi Selatan.

Strategi untuk menjaga kelestarian bambu dengan mengetahui keragaman dan besarnya variasi genetik yang ada. Besaran keragaman genetik mencerminkan sumber genetik yang diperlukan untuk adaptasi ekologi dalam jangka pendek dan evolusi dalam jangka panjang. keragaman genetik dapat diketahui melalui analisis marka molekuler. Pengembangan tanaman bambu tentu sejalan dengan program pemerintah yang fokus mengembangkan strategi nasional industri bambu rakyat

melalui pembangunan 1000 desa bambu (Kementerian Lingkungan Hidup dan Kehutanan, 2020).

Potensi penggunaan marka molekuler sebagai alat untuk melakukan karakterisasi genetik tanaman telah dikenal sejak puluhan tahun lalu. Analisis berbasis marka sangat diperlukan untuk melihat sejauh mana hubungan genetik antar individu dalam populasi. Informasi molekuler dapat digunakan sebagai dasar pemeliharaan material genetik untuk konservasi atau sebagai petunjuk untuk melakukan pemuliaan tanaman. Informasi kekerabatan genetik antar individu dan di antara spesies penting untuk perbaikan tanaman (Julisaniah, 2008).

Keragaman genetik suatu populasi dapat diukur dengan menggunakan penanda genetik. Salah satu teknik molekuler yang populer digunakan adalah *Simple Sequence Repeats* (SSR). Marka SSR memiliki keunggulan dibandingkan marka DNA karena marka SSR polimorfisme alelnya tinggi, bersifat kodominan, berdistribusi hampir merata pada genom, ekonomis dalam pengujiannya, dan mampu mendeteksi keragaman genetik aksesori dengan tingkat kekerabatan dekat (Powell et al., 1996; McCouch et al., 2002; Ting et al., 2010; EL-Bakatoushi and Ahmed, 2018).

Keragaman genetik merupakan suatu faktor yang dapat mempengaruhi dalam penyusunan strategi pemuliaan pohon. Karakter genetik jenis pohon baik dari suatu tempat tumbuh maupun berbeda provenansi dapat berbeda karena perbedaan dari genetik yang ada serta dapat menunjukkan sifat dan kekhasan suatu tegakan. Provenansi yang

memiliki genetik yang baik dapat menjadi sumber yang tepat dalam pemuliaan pohon. Keragaman genetik ini dapat diamati pula dengan melakukan pengamatan karakter genetik, sifat yang diamati adalah DNA yang sulit dipengaruhi oleh lingkungan itu sendiri. Penanda DNA mampu menyediakan polimorfisme pola pita DNA dalam jumlah lebih banyak, konsisten, dan tidak dipengaruhi oleh lingkungan serta tahap perkembangan tanaman (Pandini, 2009).

Areal Konservasi Sumber Daya Genetik (ASDG) untuk tanaman bambu dikembangkan oleh BPTH Wilayah II dalam hamparan lokasi seluas 8 Ha. Materi genetik yang ditanam dalam pembangunan ASDG tanaman bambu berasal dari hasil kultur jaringan pada salah satu perusahaan ternama di Yogyakarta, hasil stek dari kawasan hutan bambu Toraja dan hasil stek dari kawasan hutan bambu Kabupaten Gowa.

Tujuan ASDG untuk melestarikan populasi terpilih dengan susunan genetik yang representatif dan dapat berkembang sehingga mampu beradaptasi dari tekanan lingkungan yang berproses dinamis secara kontinyu (Indrioko, 2014). Menurut Widyatmoko (2014), sebagian besar kegiatan konservasi *eks situ* selain untuk konservasi, juga dimanfaatkan sebagai sumber benih untuk penyediaan benih yang mendukung kegiatan pemuliaan pohon.

Konservasi sumber daya genetik perlu dilakukan untuk menyelamatkan sumberdaya genetik, mempertahankan keragaman genetik dan menjamin ketersediaan genetik pada saat ini dan di masa

mendatang (Larekeng et al., 2015). Minimnya informasi genetik pada berbagai jenis bambu tersebut, sehingga penelitian ini sangat penting untuk menjadi acuan perumusan strategi dalam konservasi sumberdaya genetik bambu pada masa yang akan datang.

B. Rumusan Masalah

Keberadaan berbagai jenis bambu pada Areal Konservasi Sumber Daya Genetik (ASDG) Bambu Balai Perbenihan Tanaman Hutan Wilayah II (BPTH Wilayah II) merupakan potensi yang besar dalam pengembangan tanaman bambu. Konsep dan strategi pengelolaan konservasi sumberdaya genetik akan semakin akurat jika didasarkan pada hasil analisis keragaman genetik. Informasi pada tingkat keragaman genetik berbagai jenis bambu pada ASDG Bambu BPTH Wilayah II sangat diperlukan untuk budidaya dan pengembangannya, sehingga penelitian ini sangat penting untuk dilakukan dengan mengetahui keragaman genetik pada berbagai jenis bambu berdasarkan penanda SSR.

C. Tujuan Penelitian

Penelitian ini bertujuan untuk menganalisis keragaman genetik bambu di ASDG BPTH Wilayah II berdasarkan penanda genetik *Simple Sequence Repeat* (SSR).

D. Kegunaan Penelitian

Kegunaan penelitian ini adalah mengetahui hubungan kekerabatan tanaman bambu melalui marka SSR sebagai upaya melestarikan dan menghasilkan tanaman bibit unggul. Kegunaan lainnya adalah sebagai dasar untuk melakukan penelitian lanjutan tentang upaya budidaya dan pengembangan tanaman bambu.

E. Ruang Lingkup Penelitian

Lingkup penelitian ini yaitu menganalisis hubungan kekerabatan sembilan jenis bambu. Luas areal pengambilan sampel seluas 8 ha. Pengambilan sampel dalam bentuk daun bambu di ASDG Bambu BPTH Wilayah II, Kelurahan Lanna, Kecamatan Parangloe, Kabupaten Gowa. Analisis keragaman genetik dilakukan di Laboratorium Bioteknologi dan Pemuliaan Pohon, Fakultas Kehutanan, Universitas Hasanuddin, Makassar.

BAB II

TINJAUAN PUSTAKA

A. Bambu (*Bambusa* sp.)

1. Sistematika

Klasifikasi bambu menurut Dransfield and Widjaja (1995), adalah sebagai berikut:

Regnum	: Plantae
Divisio	: Spermatophyta
Classis	: Monocotyle
Ordo	: Gramineae
Familia	: Poaceae
Genera	: <i>Bambusa</i>
Spesies	: <i>Bambusa</i> sp.

Salah satu jenis hasil hutan bukan kayu yang tersebar di berbagai daerah di Indonesia adalah bambu. Tanaman ini mudah dibudidayakan dan memiliki potensi yang cukup tinggi, hal ini dikarenakan bambu merupakan jenis tanaman serba guna yang dapat memberikan manfaat ekologis dan ekonomis bagi masyarakat (Hotimah and Latifah, 2018; Rabik and Brown, 2013).

2. Morfologi Bambu

a. Akar.

Akar rimpang yang terdapat di bawah tanah membentuk sistem percabangan yang menjadi pembeda dari kelompok bambu (Noverma et al., 2018). Bagian pangkal akar rimpangnya lebih sempit dari pada bagian ujungnya dan setiap ruas mempunyai kuncup dan akar. Kuncup pada akar rimpang ini akan berkembang menjadi rebung kemudian memanjang dan akhirnya menghasilkan buluh (Widjaja, 2001). Tanaman bambu mengeluarkan akar rambut sebagai penelisik mencari tanah gembur, ketika akar rambut menetap di tanah gembur akan mendorong terbentuknya rimpang kemudian rebung (Rabik and Brown, 2013).

b. Batang.

Batang bambu yang sudah tua, pada umumnya berongga dan keras, berbentuk silinder, memanjang dan terbagi dalam ruas-ruas (Widjaja, 2001; Noverma et al., 2018). Bagian batang terdapat organ-organ daun yang menyelimuti batang yang disebut dengan pelepah batang. Biasanya pada batang yang sudah tua pelepah batangnya mudah gugur. Ujung pelepah batang terdapat perpanjangan tambahan yang berbentuk segi tiga (Widjaja, 2001). Tidak semua spesies bambu memiliki batang berongga, kadang ditemukan spesies yang dinding batangnya sangat tebal atau bahkan tidak berongga (Wong, 2004)

c. Daun.

Daun bambu merupakan daun lengkap karena memiliki bagian-bagian seperti pelepah daun, tangkai daun dan helaian daun. Bangun daun berbentuk lanset, ujung daunnya meruncing, pangkal daun tumpul, tepi daun rata, dan daging daun tipis, pertulangan daun bambu sejajar, permukaan daun bagian atas berbulu halus dan berwarna hijau cerah sedangkan permukaan bagian bawahnya berwarna hijau gelap (Widjaja, 2001; Noverma et al., 2018). Daun bambu berperan dalam fotosintesis, memiliki ukuran, sudut dan kilap yang bervariasi sesuai dengan spesiesnya (Wong, 2004; Rabik and Brown, 2013).

d. Rebung.

Tunas atau batang-batang bambu muda yang baru muncul dari permukaan dasar rumpun dan rimpang disebut rebung. Rebung tumbuh dari kuncup rimpang di dalam tanah atau dari pangkal buluh yang tua. Rebung dapat dipakai untuk membedakan jenis dari bambu karena menunjukkan ciri khas warna pada ujungnya dan bulu-bulu yang terdapat pada pelepahnya (Widjaja, 2001). Banyak spesies bambu yang rebungnya bisa dimakan walaupun ada beberapa yang rasanya sangat pahit (Rabik and Brown, 2013).

e. Pelepah Buluh.

Pelepah buluh pada bambu merupakan hasil modifikasi daun yang menempel pada setiap ruas, yang terdiri atas daun pelepah buluh, kuping pelepah buluh dan ligulanya terdapat sambungan antara pelepah daun dan

pelelah buluh. Pelelah buluh sangat berperan penting terutama ketika masih muda. Buluh tumbuh dewasa dan tinggi, pada beberapa jenis bambu pelelahnya lurus, tetapi pada jenis lain ada pula yang pelelahnya tetap menempel pada buluh tersebut (Widjaja, 2001).

3. Ketinggian tempat

Tanaman bambu dijumpai tumbuh mulai dari dataran rendah sampai dataran tinggi 100 – 2200 m di atas permukaan laut. Walaupun demikian tidak semua jenis bambu dapat tumbuh dengan baik pada semua ketinggian tempat, namun pada tempat-tempat yang lembab atau pada tempat yang kondisi curah hujannya tinggi dapat mencapai pertumbuhan terbaik, seperti di tepi sungai dan di tebing-tebing yang curam pada daerah tertentu (Simatupang et al., 2013)

4. Iklim

Faktor iklim yang berpengaruh terhadap kemampuan tumbuh bambu adalah curah hujan dan kelembaban udara. Bambu dapat tumbuh di daerah yang beriklim kering hingga yang beriklim basah (Noverma et al., 2018), dari dataran rendah hingga ke daerah pegunungan dan biasanya di tempat-tempat terbuka yang daerahnya bebas dari genangan air (Widjaja, 2001). Menurut Rabik and Brown (2013), bahwa pada saat fase pertumbuhan rebung, bambu memerlukan kelembaban yang cukup untuk berkembang dengan benar.

5. Penyebaran dan Habitat

Menurut Maxim et al. (2007), terdapat 37 juta hektar bambu di dunia (1% dari total hutan di dunia), 24 juta di antaranya terdapat di 16 negara di Asia yang menjadikan Benua Asia sebagai daerah penyebaran bambu terbesar di dunia. Penyebarannya meliputi wilayah Indonesia, Cina, India, Banglades, Kamboja, Laos, Malaysia, Myanmar, Pakistan, Papua Nugini, Filipina, Korea, Sri Langka, Thailand, Vietnam, Laos dan Jepang.

Indonesia memiliki 161 jenis bambu dari 1.439 jenis di dunia yang terdiri atas 12 marga asli Indonesia, yaitu *Bambusa*, *Dendrocalamus*, *Dinochloa*, *Fimbribambusa*, *Gigantochloa*, *Nastus* (*Chloothamnus*), *Neololeba*, *Parabambusa*, *Pinga*, *Schizostachyum*, *Racemobambos*, *Sphaerobambos*) dan 10 marga introduksi (*Chimonobambusa*, *Guadua*, *Melocanna*, *Otatea*, *Phyllostachys*, *Pleioblastus*, *Pseudosasa*, *Semiarundinaria*, *Shibataea*, *Thyrsostachys*) yang berasal dari Columbia, Thailand, dan Jepang (Widjaja et al., 2014). Data penyebaran bambu berdasarkan marga dalam penelitian Damayanto and Fefirenta (2021), telah menambahkan marga *Thyrsocalamus* dan *Widjajachloa* dalam daftar marga bambu yang tersebar di Indonesia sehingga menjadi 24 marga.

Bambu di Indonesia tersebar dalam beberapa pulau yaitu Sumatra, Jawa, Kalimantan, Sulawesi, Bali, Lombok, Sumbawa, Flores, Sumba, Timor, Maluku dan Papua (Damayanto and Fefirenta, 2021). Pembentukan bambu di dalam kawasan hutan tropis dapat terjadi dengan cepat karena ekologi yang invasif secara alami yang didorong oleh reproduksi

vegetatif. Penyebaran bambu yang cepat dapat mempengaruhi struktur hutan, melalui regenerasi tanaman dan mengurangi keanekaragaman hayati lokal (Rother et al., 2016)

6. Karakteristik Jenis Bambu

Bambu termasuk tanaman cepat tumbuh dan mempunyai daur yang relatif pendek sekitar 3-4 tahun merupakan salah satu sumber daya alam yang cukup menjanjikan sebagai bahan substitusi kayu (Krisdianto et al., 2000; Rabik and Brown, 2013). Pertumbuhan bambu pada kondisi normal lurus keatas dengan ujung batang melengkung karena menopang berat daun, tinggi tanaman bambu bisa mencapai 30 m, diameter bambu dapat mencapai 25 cm dan ketebalan dinding mencapai 25 mm (Priyanto, 2015).

Bambu memiliki berat struktur cukup ringan dengan kekuatan lentur cukup tinggi, sehingga mempunyai ketahanan cukup tinggi terhadap gempa. Faktor kekuatan yang cukup, menjadikan bambu memiliki potensi semakin besar untuk dijadikan sebagai bahan bangunan. Bambu memiliki kekurangan, yaitu mudah sekali rusak dan diserang kumbang bubuk karena secara alami memiliki kandungan *amylum* yang sangat disenangi oleh kumbang bubuk tersebut sehingga barang atau perabot yang terbuat dari bambu tidak awet (Misdarti, 2006).

B. Keragaman Genetik

Tantangan terbesar dalam upaya melestarikan keanekaragaman genetik spesies pohon adalah belum adanya estimasi jumlah total spesies pohon yang ada. Data para ahli yang telah dipublikasi menjelaskan setidaknya ada sekitar 60.065 spesies. Pelestarian keanekaragaman genetik pohon memiliki tantangan berupa konservasi untuk semua spesies pohon jauh lebih besar dari pada menilai status konservasi spesies pohon dunia karena tidak adanya informasi dasar tentang banyaknya spesies, kurangnya sumberdaya dan kemauan yang memadai dan adanya sifat desentralisasi ilmu konservasi tanaman. Tingginya keanekaragaman tanaman merupakan hadiah bagi seluruh umat manusia yang diwariskan kepada kita melalui proses evolusi selama jutaan tahun, sehingga penting untuk bertindak untuk memastikan masa depan kelestarian tanaman (Potter et al., 2017).

Keragaman genetik diperlukan untuk mengetahui besarnya variasi genetik yang ada. Besarnya keragaman genetik mencerminkan sumber genetik yang diperlukan untuk adaptasi ekologi dalam jangka pendek dan evolusi dalam jangka panjang (Lande and Shannon, 1996). Suatu jenis tanaman seharusnya mempunyai dasar keragaman genetik yang cukup untuk dapat beradaptasi dengan perubahan lingkungan (Rimbawanto and Widyatmoko, 2006). Menurut Direktorat Perbenihan Tanaman Hutan (2015), menjelaskan penyusunan strategi konservasi sumberdaya genetik akan semakin akurat jika didasarkan pada hasil analisis keragaman genetik.

Keragaman genetik suatu populasi tergantung pada apakah populasi tersebut merupakan generasi bersegregasi dari suatu persilangan, pada generasi ke berapa, dan bagaimana latar belakang genetiknya (Syukur et al., 2010). Variasi genetik dapat digunakan untuk persilangan yang dapat meningkatkan heterozigositas yang dapat menutupi terjadinya mutasi yang merusak. Aliran gen antar populasi dengan variasi genetik yang berbeda dipertahankan sehingga tidak terjadi *inbreeding*. *Inbreeding* merupakan gambaran terjadinya persilangan antar kerabat dekat yang mengakibatkan homozigositas gen resesif. Gen-gen resesif yang muncul dapat membawa sifat baik dan buruk, sehingga akan menyebabkan menurunnya kualitas individu baru (Cintamulya, 2013).

C. Konservasi Genetik

Keragaman genetik sangat penting untuk spesies tanaman hutan karena memberikan dasar untuk adaptasi dan ketahanan terhadap tekanan dan perubahan lingkungan, menurunnya keragaman genetik dapat mengakibatkan rusaknya kelangsungan hidup suatu spesies karena tekanan lingkungan yang berat (Potter et al., 2017).

Tingkat degradasi lingkungan saat ini dan meningkatnya tekanan aktivitas manusia pada ekosistem alami membutuhkan tindakan segera untuk konservasi spesies tanaman yang berada di ambang kepunahan atau telah dengan cepat menurunkan ukuran populasi. Walaupun konservasi yang didasarkan pada sudut pandang ekosistem memiliki banyak

keuntungan, pendekatan spesies tunggal harus sering diimplementasikan dalam perencanaan konservasi (Volis, 2015).

Keragaman sumber daya genetik merupakan suatu hal yang sangat penting bagi manusia karena dapat menjadi sumber pangan, sandang, papan, pakan, bahan bakar dan obat-obatan serta dapat menjaga keseimbangan lingkungan (Hunter and Fanzo, 2013). Upaya perlindungan sumber daya genetik dari kepunahan dapat dilakukan melalui kegiatan konservasi baik secara *in situ* maupun *ex situ*. Konservasi *ex situ* merupakan cara pelestarian koleksi plasma nutfah yang mengandung beragam kombinasi gen untuk dimanfaatkan secara efisien dalam kegiatan pemuliaan dan penelitian (Callow et al., 1997).

Dalam pengelolaan sumber daya genetik tanaman diperlukan adanya informasi keanekaragaman. Koleksi sumber daya genetik diperlukan sebagai duplikasi agar terhindar dari kepunahan karena akan tersimpan di tempat yang lain, namun untuk mewujudkan kelestarian sumber daya genetik tersebut dibutuhkan manajemen pengelolaan yang baik (Rokhmah et al., 2015).

Pemahaman mengenai keragaman genetik dan distribusinya adalah hal mendasar bagi konservasi dan pemanfaatan berkelanjutan. Keragaman genetik dapat membantu menentukan spesies yang harus dikonservasi dan juga dapat meningkatkan pemahaman terhadap taksonomi dan asal mula evolusi suatu spesies tumbuhan (Annisa et al., 2017).

Pemahaman tentang ekologi dan struktur genetik populasi alami suatu jenis pohon tropis sangat penting untuk menentukan strategi terhadap konservasi, pembibitan, dan pengelolaan berkelanjutan (Konzen, 2014). Studi genetika lebih diperlukan untuk jenis-jenis yang menghadapi resiko kepunahan, jenis dengan distribusi terbatas, dan frekuensi langka di hutan alam. Informasi genetik membantu memetakan daerah dengan variabilitas genetik yang lebih tinggi, alat untuk pelaksanaan program konservasi spesies dan identifikasi jenis.

D. Penanda Genetik

Penggunaan marka molekuler dapat membantu program pemuliaan karena dapat digunakan untuk pemetaan genetik, identifikasi genotipe, menduga keragaman genetik dan kekerabatan inter dan antar spesies dan juga dapat membantu menjelaskan filogenetiknya (Weising et al., 2005). Penanda molekuler didasarkan pada variasi asam nukleat dimana pengamatannya langsung pada bagian DNA (Direktorat Perbenihan Tanaman Hutan, 2015).

Penanda molekuler menjadi pilihan terdepan untuk studi keragaman genetik tanaman yang merupakan teknik yang menjanjikan, cepat dan tergolong murah. Penanda molekuler yang ideal harus mampu memenuhi kriteria, yaitu tingkat polimorfik yang tinggi, bersifat kodominan, selektif, reproduksibilitas tinggi, murah dan mudah dilakukan (Kumar et al., 2013). Penanda molekuler dibagi atas marka dominan dan marka kodominan.

Marka kodominan adalah salah satu marka yang dapat mengidentifikasi semua alel yang ada pada suatu lokus tertentu, sedangkan marka dominan hanya mengungkapkan alel dominan tunggal saja tetapi pada lokus yang sama (Purnomo and Ferniah, 2018). Data penanda kodominan umumnya lebih tepat dari pada data penanda dominan tetapi data dominan lebih mudah didapatkan dan biasanya membutuhkan waktu lebih cepat (Al-Samarai and Al-Kazaz, 2015).

Data penanda genetik digunakan untuk identifikasi individu yang berbeda dan pengakuan individu yang digandakan serta telah digunakan untuk memperkirakan ukuran populasi dan kelimpahan spesies sehingga sangat penting dikembangkan dalam penelitian di bidang ekologi, biologi evolusi, biologi konservasi dan forensik (Wang, 2016)

E. SSR (Simple Sequence Repeats)

Penggunaan *Simple Sequence Repeats* adalah suatu teknik dalam menganalisis DNA yang populer dilakukan saat ini. Marka mikrosatelit atau Simple sequence repeats (SSR) banyak digunakan dalam pembelajaran taksonomi dan keragaman (Jatoi et al., 2006), karena marker ini dapat mengidentifikasi alel dengan reabilitas tinggi dan reproduktifitas (Gutierrez et al., 2005) dan telah terbukti sebagai salah satu marker yang paling tepat untuk keragaman genetik (Lee et al., 2007).

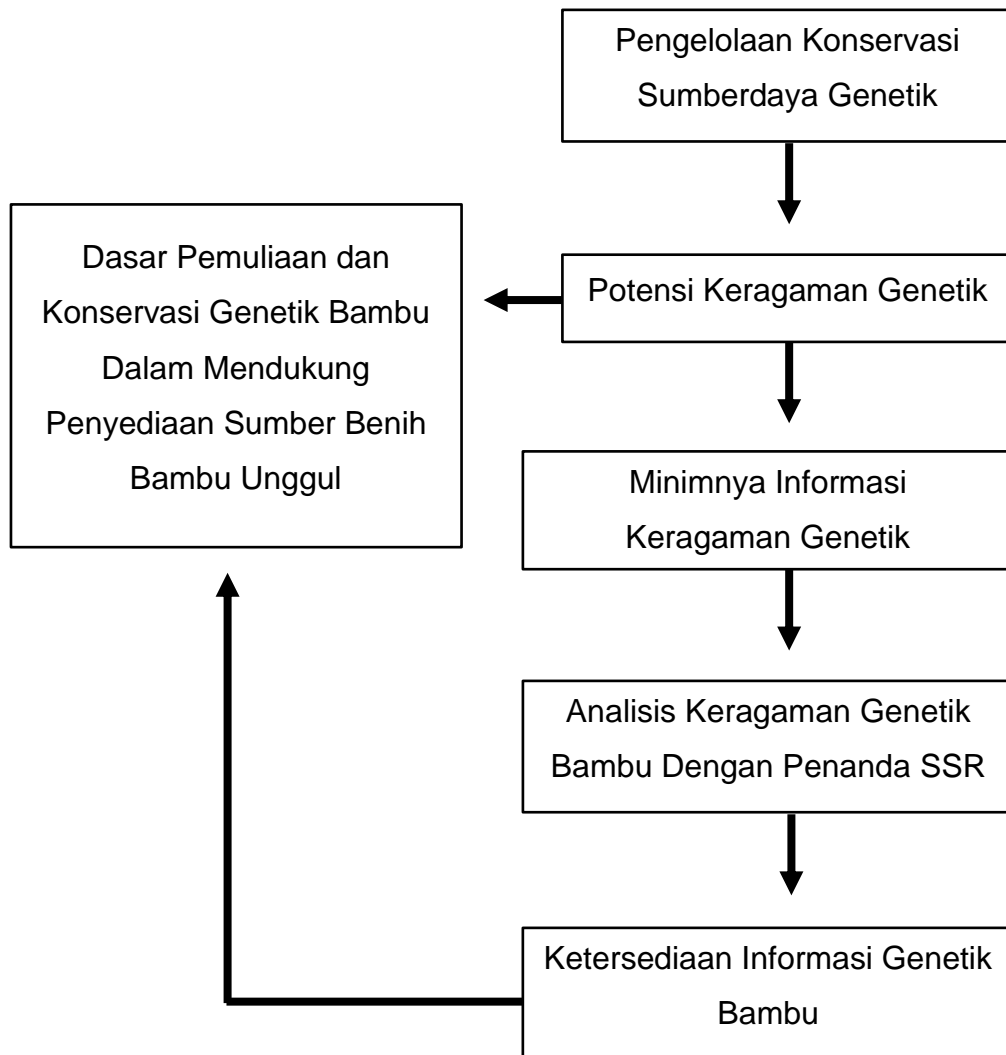
Marka SSR adalah salah satu marka molekuler sederhana yang paling banyak digunakan karena berbagai kelebihanannya dibandingkan

dengan jenis marka lainnya. Marka SSR terdiri dari sekuen-sekuen DNA dengan unit ulangan yang pendek (1-6 bp) merupakan tipe umum repetitif DNA yang sering disebut dengan mikrosatelit (Ting et al., 2010).

Mikrosatelit sangat bermanfaat sebagai penanda genetik karena bersifat kodominan, memiliki polimorfisme alel sangat tinggi, lokasinya yang terdistribusi pada seluruh genom, mampu mendeteksi keragaman genetik pada tanaman yang memiliki tingkat kekerabatan yang dekat dan ekonomis dalam pengujiannya (Park et al., 2009; Ting et al., 2010). Mikrosatelit atau SSR dapat dipakai sebagai alat dalam program pemuliaan karena kemampuannya yang tinggi dalam mendeteksi perbedaan urutan basa, sampai satu pasang basa (Wicaksono, 2017). Penggunaan penanda molekuler mikrosatelit pada program pemuliaan tanaman merupakan salah satu cara untuk mendapatkan kultivar unggul baru (Cintamulya, 2011).

F. Kerangka Pikir Penelitian

Keberadaan berbagai jenis bambu pada areal konservasi sumber daya genetik BPTH Wilayah II sebagai langkah konservasi genetik bambu. Salah satu upaya dalam konservasi genetik jenis bambu adalah dengan melengkapi informasi jenis bambu tersebut pada tingkat genetik berdasarkan penanda genetik *simple sequence repeat* (SSR).



Gambar 1. Kerangka pikir penelitian