

I. PENDAHULUAN

A. Latar Belakang

Tanaman Kepel (*Stelechocarpus burahol* (Blume) Hook.f & Thomson) merupakan tanaman indigenous Indonesia dan merupakan flora identitas Provinsi Yogyakarta (Kehati DIY, 2017). Kepel memiliki nilai ekonomi yang kurang tinggi karena daging buahnya yang tipis dan beraroma seperti labu dengan mawar sehingga buah ini kurang menggugah selera (Angio *et al.*, 2021). Saat ini kepel termasuk golongan *conservatory dependent* yang berarti tanaman ini sudah sangat sulit ditemukan dan apabila tidak dilakukan konservasi maka statusnya akan meningkat menjadi rawan (Mogea *et al.*, 2001). Koleksi spesimen kepel dari berbagai populasi untuk konservasi telah dilakukan di LIPI Herbarium Biogorinesis, namun belum ada upaya untuk mengkonservasi dalam bentuk tegakan kepel dari seluruh populasi yang ada di Indonesia. Usaha konservasi ex-situ kepel telah dibangun di Mangunan, Bantul pada tahun 2013 dari populasi Karanganyar dan Magelang, Jawa Tengah (Fiani *et al.*, 2018). Namun konservasi kepel dari populasi di Yogyakarta belum banyak dilaporkan.

Program konservasi sangat diperlukan untuk menjaga keberlanjutan populasi alami tanaman kepel. Manajemen program konservasi yang bertujuan untuk melestarikan variasi genetik di dalam dan di antara populasi tanaman kepel memerlukan pemahaman tentang pola keragaman genetiknya. Menentukan program konservasi yang optimal pada tanaman kepel diperlukan eksplorasi keragaman genetik dari populasi yang tersisa saat ini (Jian *et al.*, 2010; Lone *et al.*, 2018; Nag *et al.*, 2015). Pengetahuan mengenai informasi genetik tanaman kepel akan membantu dalam upaya pelestarian maupun upaya pemuliaan kepel sebagai dasar penentuan langkah untuk perbaikan kualitas dan kuantitas kepel (Rosidiani *et al.*, 2013). Analisis keragaman genetik dapat dilakukan dengan marka morfologi dan molekuler. Keragaman genetik dari populasi tanaman menggunakan marka morfologi memiliki beberapa kelemahan antara lain memerlukan waktu yang lama, serta tidak memadai untuk menentukan keragaman genetik di antara berbagai populasi tanaman. Kekurangmampuannya dalam memperkirakan keragaman genetik pada tanaman karena dalam ekspresi karakter tanaman sangat tergantung pada lingkungan (Andiego *et al.*, 2019; Shahzadi *et al.*, 2013). Marka molekuler

memiliki kelebihan yaitu dapat mengetahui perbedaan untuk identifikasi kultivar karena kestabilannya pada kondisi lingkungan yang berbeda, sehingga selanjutnya akan mempercepat proses pemuliaan dengan memilih kultivar unggul dengan melacak gen tertentu diantara populasi yang diuji. Dengan demikian marka molekuler merupakan alat bantu yang lebih efektif untuk identifikasi kultivar dan program pemuliaan tanaman (Dar *et al.*, 2019).

Marka *random* merupakan marka yang sering digunakan untuk menilai keragaman genetik antar spesies tanaman (Dar *et al.*, 2019). Marka ini berbasis *Polymerase Chain Reaction* (PCR) yang menggunakan 10 basa primer untuk mengamplifikasi bagian dari genom secara acak. Hasil fragmen kemudian divisualisasikan pada gel dan polimorfisme antara genotipe mencerminkan perbedaan sifat yang diwariskan pada genom (Schnell *et al.*, 1995). PCR dapat dilakukan dengan menggunakan DNA sampel dari berbagai jaringan dan organisme. Metode PCR hanya memerlukan DNA sampel dalam jumlah sedikit untuk menghasilkan salinan DNA yang cukup untuk deteksi dan identifikasi sekuens gen (Garibyan & Avashia, 2013).

Analisis menggunakan marka *random* memiliki efisiensi waktu yang singkat, dapat menghasilkan pita DNA polimorfisme yang banyak, serta mudah memperoleh primer acak yang diperlukan untuk menganalisis genom semua jenis organisme. Teknik ini dapat diterapkan pada hampir seluruh jenis tanaman, serta dapat diterapkan untuk program pemuliaan tanaman karena dapat mengkarakterisasi dan mengidentifikasi tetua yang memungkinkan untuk memulihkan keragaman dengan dilakukan persilangan dengan sifat-sifat unggul yang diinginkan (Suratman *et al.*, 2015). Marka *random* tidak didesain untuk mengamplifikasi target sekuens yang spesifik sehingga situs amplifikasi tidak diketahui dan diasumsikan menyebar dalam genom. Kelebihan penggunaan marka ini adalah tidak memerlukan informasi awal mengenai nukleotida sekuens dari sampel yang akan diuji. Kelemahan marka ini adalah karena tidak diketahui sekuennya sehingga tidak ada jaminan suatu primer mampu memproduksi pita yang mampu menggambarkan perbedaan antar sampel yang diuji (Grosberg *et al.*, 1996; Kumari & Thakur, 2014). Sehingga seleksi primer merupakan salah satu parameter penting keberhasilan penggunaan marka ini (Power, 1996). Analisis keragaman

genetik menggunakan marka *random* sudah pernah dilakukan pada tanaman dengan famili yang sama antara lain pada beberapa kultivar *Annona* (Ronning *et al.*, 1995), *Annona crassiflora* (Cota *et al.*, 2011), serta *Annona muricata* (Suratman *et al.*, 2015). Akan tetapi analisis keragaman genetik dengan marka *random* pada kepel masih belum banyak dilaporkan sehingga belum diketahui primer yang mampu mengamplifikasi DNA kepel. Dengan latar belakang tersebut diperlukan seleksi kesesuaian primer untuk selanjutnya dapat digunakan untuk analisis keragaman genetik pada kepel.

B. Rumusan Masalah

Primer apa yang mampu menghasilkan polimorfisme tinggi yang digunakan untuk analisis keragaman genetik tanaman kepel di Yogyakarta?

C. Tujuan

Menentukan primer yang mampu menghasilkan polimorfisme tinggi untuk analisis keragaman genetik tanaman kepel di Yogyakarta.