

Keragaman morfologi dan genetik bambu di Arboretum Universitas Padjadjaran, Sumedang, Jawa Barat

Morphological and genetic diversity of bamboos in Arboretum Universitas Padjadjaran, Sumedang, Jawa Barat

ANNISA*, ANNISA MARDLIYYAH, JOKO KUSMORO, JOHAN ISKANDAR

Departemen Biologi, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Padjadjaran, Jl. Raya Bandung-Sumedang Km. 21 Jatinangor, Sumedang 45363, Jawa Barat. Tel.: +62-22-7796412 ext. 104, Fax.: +62-22-7795545, *email: annisa.annisa4@gmail.com

Manuskrip diterima: 22 Agustus 2017. Revisi disetujui: 17 September 2017.

Abstrak. Annisa, Mardliyyah A, Kusmoro J. 2017. Keragaman morfologi dan genetik bambu di Arboretum Universitas Padjadjaran, Sumedang, Jawa Barat. *Pros Sem Nas Masy Biodiv Indon 3: 351-360*. Bambu merupakan tanaman serbaguna yang telah dimanfaatkan sejak dahulu oleh masyarakat Indonesia dalam kehidupan sehari-hari. Pemanfaatan bambu secara terus menerus memungkinkan terjadinya pengurangan jenis maupun populasi bambu yang tersedia di alam. Penelitian keragaman morfologi dan genetik bambu dapat membantu mengumpulkan data plasma nutfah untuk keperluan pemanfaatan berkelanjutan dan konservasi bambu. Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui keragaman morfologi dan genetik bambu yang berada di Arboretum Universitas Padjadjaran. Penelitian keragaman morfologi dilakukan dengan identifikasi berdasarkan hasil pengamatan morfologi dan morfometrik organ vegetatif, sedangkan penelitian keragaman genetik dilakukan dengan menggunakan penanda molekuler SSR. Metode penelitian yang digunakan adalah metode observasi yang meliputi identifikasi morfologi dan penentuan lokasi koleksi bahan uji, koleksi bahan uji, tahap isolasi DNA, visualisasi hasil isolasi DNA dan amplifikasi dengan penanda SSR. Analisis data morfologi dan amplifikasi dilakukan secara deskriptif. Analisis kekerabatan secara genetik dilakukan dengan UPGMA pada *software* NTSYS 2.02. Hasil penelitian keragaman morfologi menunjukkan bahwa terdapat sepuluh jenis bambu di Arboretum Universitas Padjadjaran, yang terdiri dari empat marga, yaitu *Bambusa*, *Gigantochloa*, *Phyllostachys*, dan *Schizostachyum*. Hasil penelitian keragaman genetik menunjukkan bahwa sepuluh lokus penanda SSR yang dirancang dari *Phyllostachys* di Cina dan *Bambusa* di India dapat diaplikasikan pada bambu Arboretum Universitas Padjadjaran. Total alel yang dihasilkan adalah sebanyak 117 alel dengan ukuran berkisar antara 83-893bp. Nilai PIC dari kesepuluh primer berkisar antara 0,84-0,943 yang dikategorikan sangat informatif. Berdasarkan nilai koefisien kesamaan dapat disimpulkan bahwa bambu Arboretum Universitas Padjadjaran memiliki tingkat keragaman genetik yang tinggi.

Kata kunci: Arboretum, bambu, *cross-amplification*, morfologi, *simple sequence repeat (SSR)*

Abstract. Annisa, Mardliyyah A, Kusmoro J. 2017. *Morphological and genetic diversity of bamboos in Arboretum Universitas Padjadjaran, Sumedang, Jawa Barat. Pros Sem Nas Masy Biodiv Indon 3: 351-360*. Bamboos are versatile plant that have been used for a long time by Indonesian people in everyday life. The utilization of bamboo, continuously, could possibly reduced species and population of bamboos that available in nature. The study of morphological and genetic diversity can assist in gathering data for the purpose of conservation and sustainability use of bamboo's germplasm. Research aimed to identify morphological and genetic diversity of bamboos in Arboretum Universitas Padjadjaran. The research of morphological diversity was done by identification based on the result of morphological observation and vegetative organ morphometric, while the research of genetic diversity was done by using SSR molecular marker. This research used observation method which included morphological identification and determination of location for collecting plant materials, collecting plant materials, DNA isolation, visualization of DNA products, and amplification by using SSR marker. Morphology and amplification data were analysed descriptively. Clustering analysis based on genetic was done by UPGMA on Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System (NTSYS) 2.02. Result of morphological diversity research showed there were ten species of bamboos in Arboretum Universitas Padjadjaran that consisted of four genus such as *Bambusa*, *Gigantochloa*, *Phyllostachys*, and *Schizostachyum*. Result of genetic diversity research showed that ten loci of SSR markers designed from *Phyllostachys* in China and *Bambusa* in India can be applied on Arboretum's bamboos. The total alleles were 117 alleles with range size of 83-893bp. PIC value of the primers were ranged between 0.84-0.94, which categorized as very informative. Based on similarity coefficient values it can be concluded that bamboo Arboretum Universitas Padjadjaran has high level genetic diversity.

Keyword: Arboretum, bamboo, *cross-amplification*, morphology, *simple sequence repeat*

PENDAHULUAN

Tanaman rumpun bambu (Bambusoideae) telah lama digunakan dalam kehidupan sehari-hari oleh masyarakat

Indonesia. Sejak dahulu, bambu dianggap masyarakat Indonesia sebagai tanaman serbaguna. Bambu dikonsumsi sebagai sayur, dijadikan alat rumah tangga, alat musik, hingga bahan bangunan (Akmal et al. 2011). Bambu di

dunia diperkirakan ada 1200- 1300 jenis. Berdasarkan data di lapangan dan di laboratorium, bambu di Indonesia diketahui terdiri atas 143 jenis dan di Jawa diperkirakan hanya ada 60 jenis. Berdasarkan data di atas dapat dipastikan bahwa bambu merupakan sumber daya yang sangat melimpah dan memiliki keragaman yang cukup tinggi. Namun pada kenyataannya, tidak semua masyarakat mengenal jenis-jenis bambu dengan baik (Widjaja 2001). Bambu tumbuh subur di beberapa wilayah di Indonesia, dua di antaranya adalah Jawa Barat dan Bali (Akmal et al. 2011). Kabupaten Sumedang merupakan salah satu penghasil bambu yang cukup besar di Jawa Barat. Berdasarkan data dari Dinas Kehutanan dan Perkebunan Sumedang, hampir semua kecamatan di Kabupaten Sumedang memiliki luas talun bambu atau *kebon awi* yang tidak kurang dari sepuluh hektar (Dishutbun Sumedang dalam Irawan et al. 2006).

Kajian mengenai keragaman morfologi bambu di Kabupaten Sumedang telah dilakukan di empat kecamatan, yaitu Jatinangor, Sumedang Selatan, Jatigede, dan Tomo melalui struktur morfologi dan anatomi epidermis buluh bambu (Irawan et al. 2006). Hasil penelitian menunjukkan bahwa keragaman bambu tertinggi terdapat di Kecamatan Jatinangor yaitu sebanyak 12 jenis, delapan jenis dan dua varietas diantaranya terdapat di Arboretum Universitas Padjadjaran berdasarkan tata nama ilmiah sehingga dapat dikatakan sebagian besar bambu yang ditemukan di Kabupaten Sumedang berada di Arboretum Universitas Padjadjaran. Namun, penelitian keragaman genetik bambu di Kabupaten Sumedang belum pernah dilakukan.

Pemahaman yang baik mengenai keragaman genetik dan distribusinya adalah hal mendasar bagi konservasi dan pemanfaatan berkelanjutan. Keragaman genetik dapat membantu untuk menentukan spesies yang harus dikonservasi dan juga dapat meningkatkan pemahaman terhadap taksonomi dan asal mula evolusi suatu spesies tumbuhan (Rao and Hodgkin 2002; Annisa et al. 2013). Meskipun ketersediaan bambu di alam melimpah, pemanfaatan secara terus-menerus dikhawatirkan akan mengurangi jumlah individu maupun jumlah jenis bambu yang tersedia di alam. Eevera et al. (2008) mengatakan bahwa eksploitasi secara berlebihan dan erosi genetik pada spesies bambu menjadi alasan pentingnya pengumpulan data plasma nutfah untuk tujuan konservasi, keperluan klasifikasi, dan identifikasi bambu. Oleh karena itu, penelitian mengenai keragaman genetik bambu juga sangat dibutuhkan untuk menunjang program konservasi, pemanfaatan berkelanjutan dan taksonomi bambu.

Keragaman genetik dapat dianalisis dengan bantuan penanda molekuler. Rai et al. (2008) mengatakan penanda molekuler digunakan untuk melengkapi data penanda konvensional seperti penanda morfologi maupun penanda biokimia. Penelitian ini menggunakan penanda *simple sequence repeat* (SSR) karena menurut Thomas et al. (2016), SSR dicirikan dengan hipervariabilitas, reproduksibilitas, dapat langsung dianalisis dengan PCR, dan dapat dengan mudah dideteksi dengan *Agarose Gel Electrophoresis* (AGE) baik dalam jumlah sampel kecil maupun besar. Grover and Sharma (2014) menjelaskan bahwa SSR juga bersifat kodominan dan mampu

menunjukkan polimorfisme lebih tinggi dibandingkan sistem penanda kontemporer lainnya. Locus SSR pun memiliki kemampuan *cross-amplification*. Menurut Oliveira et al. (2013), *cross-amplification* pada primer dikembangkan untuk digunakan dalam amplifikasi locus SSR dari jenis-jenis yang dekat atau cukup jauh tingkat kekerabatannya.

Cross-amplification pada bambu telah diuji oleh Jiang et al. (2013) di Cina dan oleh Nayak and Rout (2005) di India. Jiang et al. (2013) menguji penanda SSR yang dirancang dari *Phyllostachys edulis* dan penanda tersebut mampu mengamplifikasi 71 sampel *P. edulis* dari tiga populasi berbeda. Nayak and Rout (2005) menguji penanda SSR yang dirancang dari *Bambusa arundinacea* dan penanda tersebut mampu mengamplifikasi jenis-jenis bambu dari marga yang berlainan.

Penelitian keragaman bambu di Arboretum Universitas Padjadjaran dengan cara inventarisasi secara berkala penting sebagai pembaruan data dari hasil penelitian Irawan et al. (2006) sehingga bambu Arboretum Universitas Padjadjaran dapat terus dikonservasi. Penelitian keragaman genetik dilakukan untuk menguji kemampuan *cross-amplification* penanda yang dirancang dari *P. edulis* dan *B. arundinacea* terhadap bambu Arboretum Universitas Padjadjaran. Dengan demikian, penelitian ini diharapkan dapat memberikan informasi yang saling melengkapi mengenai keragaman morfologi maupun genetik bambu di Arboretum Universitas Padjadjaran.

BAHAN DAN METODE

Lokasi penelitian

Pengambilan data morfologi dan koleksi bahan uji dilaksanakan di Arboretum Universitas Padjadjaran, Kampus Jatinangor, Kabupaten Sumedang, Jawa Barat (Gambar 1). Isolasi, uji kualitas, dan kualitas DNA serta amplifikasi dilakukan di Laboratorium Biologi Molekuler dan Laboratorium Preparasi, Departemen Biologi, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Padjadjaran, Kampus Jatinangor, Kabupaten Sumedang, Jawa Barat.

Prosedur

Metode penelitian yang digunakan adalah metode observasi yang meliputi tahap identifikasi morfologi dan penentuan lokasi koleksi bahan uji, koleksi bahan uji, isolasi DNA, visualisasi hasil isolasi DNA, amplifikasi dengan menggunakan penanda SSR, dan visualisasi hasil amplifikasi. Isolasi DNA dilakukan berdasarkan metode dari Doyle and Doyle (1987) yang dimodifikasi oleh Vijay and Uttamkumar (2013). Amplifikasi dilakukan berdasarkan metode dari Jiang et al. (2013). Elektroforesis gel agarosa dilakukan berdasarkan metode Lee et al. (2012) yang dimodifikasi.

Identifikasi dan penentuan lokasi koleksi bahan uji

Identifikasi morfologi dilakukan melalui pengamatan morfologi dan pengukuran organ vegetatif (morfometrik). Hasil pengamatan morfologi dan morfometrik dicocokkan

dengan kunci identifikasi dan deskripsi yang disusun oleh Dransfield and Widjaja (1995) dan Widjaja (2001). Lokasi rumpun bambu yang teridentifikasi sebagai spesies dan varietas berbeda ditandai titik koordinatnya menggunakan GPS. Jika ditemukan banyak rumpun bambu untuk satu jenis bambu yang sama, pemilihan titik koordinat rumpun bambu dilakukan berdasarkan keberadaan dan jumlah daun bambu muda yang memadai. Titik koordinat berfungsi sebagai acuan lokasi rumpun bambu yang akan dituju dan dikoleksi daun mudanya saat proses koleksi bahan uji untuk isolasi DNA.

Koleksi bahan uji

Proses koleksi bahan uji dilakukan berdasarkan metode dari Chase and Hills (1991) dengan menggunakan silika gel. Koleksi bahan uji dilakukan dengan cara menyusuri Arboretum Universitas Padjadjaran melalui jalan setapak menuju titik koordinat yang telah ditandai menggunakan GPS pada saat kegiatan identifikasi. Daun muda, yang ditandai dengan berwarna hijau cerah, diambil sebanyak empat sampai enam gram dari rumpun bambu yang sama untuk setiap jenisnya dan dibersihkan permukaan atas maupun bawah dengan alkohol 70%.

Daun yang telah dibersihkan dimasukkan ke dalam ziplock berisi silika gel dengan perbandingan berat daun dan silika gel adalah 1:10. Ziplock diberi keterangan nama jenis dan tanggal koleksi. Seluruh ziplock disimpan dalam styrofoam box dan dibiarkan hingga daun mengering dan siap digunakan.

Isolasi, uji kualitas dan kuantitas DNA

Mula-mula sampel daun bambu berukuran 0,5 cm x 0,5 cm ditambahkan ke dalam 500 µl buffer CTAB 3% ditumbuk hingga halus. Hasil tumbukan ditambahkan 0,005 gram PVP, 5 µl RNase, dan 3,5 µl β-mercaptoethanol. Campuran diinkubasi pada suhu 65°C selama 15 menit. 100 µl 20% SDS ditambahkan ke dalam tabung sentrifugasi dan

diinkubasi kembali selama 45 menit. Setelah diinkubasi, 7,5 M ammonium asetat ditambahkan sebanyak 150 µl, dan diinkubasi pada suhu 4°C selama 15 menit. Kloroform-isoamil alkohol (24:1) ditambahkan sebanyak 1x volume campuran dan disentrifugasi dengan kecepatan 10.000 rpm selama 5 menit. Etanol absolut ditambahkan sebanyak 2x volume *supernatant*, dihomogenisasi, lalu diinkubasi kembali pada suhu 4°C selama 30 menit. Setelah diinkubasi, campuran disentrifugasi dengan kecepatan 10.000 rpm selama 15 menit. Pelet DNA kering, *buffer* TE ditambahkan ke dalam tabung sebanyak 25 µl. DNA diinkubasi di dalam *freezer* bersuhu -20°C selama 24 jam dan setelah itu dapat disimpan untuk penggunaan jangka panjang. Uji kualitas dan kuantitas DNA dilakukan dengan elektroforesis hasil isolasi DNA menggunakan gel agarosa 0,7% dan analisis spektrofotometri dilakukan dengan mengukur nilai absorbansi untuk mengetahui kemurnian dan konsentrasi DNA hasil isolasi.

Amplifikasi dan visualisasi hasil amplifikasi

DNA diamplifikasi dengan 10 pasang primer yang dirancang berdasarkan Jiang et al. (2013) dan Nayak and Rout (2005) (Tabel 1). PCR dilakukan dengan volume total reaksi sebanyak 20 µl yang terdiri dari 37,5 ng DNA *template*, 10 µl 2x GoTaq Green Master Mix, 2,5 mM MgCl₂, 0,48 µM primer reverse dan forward, dan ditambahkan *nuclease free water* hingga mencapai volume 20 µl. Siklus PCR diulang sebanyak 35 kali dengan pengaturan suhu sebagai berikut: 94°C selama 5 menit; 94°C selama 30 detik, 62°C diturunkan hingga 50°C selama 30 detik, 72°C selama 30 detik; 72°C selama 5 menit, dan dilanjutkan dengan suhu 4°C untuk waktu yang tidak ditentukan. Setelah proses amplifikasi selesai, DNA hasil amplifikasi dielektroforesis menggunakan gel agarosa 2%, diwarnai dengan *Diamond Nucleic Acid* (PROMEGA).

Tabel 1. Urutan primer yang digunakan berdasarkan Jiang et al. (2013) dan Nayak and Rout (2005)

No.	Lokus	Sekuen Primer (5'-3')	Motif Ulangan	Estimasi Ukuran Alel (bp)	Suhu <i>Annealing</i> (°C)
1	APhe 01	F: CACCTCTTTTCGTCATCAACC R: ATCTAACGGCCCAAATGC	(AG) 29	219-255	54,5
2	APhe 10	F: TAAGGCCACGTTGCCAG R: CGCTGAAATCCACCCAGAAG	(AG) 19	191-227	57
3	APhe 13	F: TCGCCATCCCTTATCCAC R: GCAACGACGCACCTCCTA	(CT) 17	160-178	56
4	APhe 28	F: CCTCCGATGAAGCTGAAC R: CGGGTCCTTGGACAAACT	(TC) 14	243-261	54
5	APhe 32	F: CCTCAAGGCCAGGGTAAG R: CTCGGTTTCTTTGGTTTGTT	(CT) 13	96-112	52,5
6	APhe 98	F: TCTCCATGCCGAATGTGAT R: CGTCTAGTGCTAGGGTTTGT	(CCA) 8	168-189	53
7	APhe 100	F: GACATTAGGCGAGGTTCGG R: GGGAGATGGACAGGTTTGTCT	(CTT) 8	189-204	56,5
8	APhe 141	F: AGGCCATAAGGAACCTGCT R: GCTTCCAAACCTCCCATC	(CGT) 7	321-336	54,5
9	ABa10	F: GGTGGGGTCTAGCACCTAAG R: TACCAGCATGTAACGGTCCG	(GT)12C(TA)10	146	57
10	ABa20	F: TTGATTGCCCTACTCTGTCTG R: TCAACGGTGGATGACCTAGG	(AC)31(AT)7	169	55

Keterangan : A = Adenin, G = Guanin, C = Sitosin, T = Timin. bp: base pair (pasang basa). Nomor 1-8: Primer sumber Jiang et al. (2013). Nomor 9 dan 10: Primer sumber Nayak and Rout (2005)

Analisis data

Analisis data dilakukan secara deskriptif, yaitu mendeskripsikan hasil identifikasi, hasil isolasi DNA, hasil uji kualitas dan kuantitas DNA, serta hasil amplifikasi yang diperoleh untuk mengetahui keragaman morfologi dan genetik bambu di Arboretum Universitas Padjadjaran. Hasil amplifikasi dianalisis dari segi ukuran alel, jumlah alel, jumlah pita polimorfik, dan *Polymorphic Information Content* (PIC). Jumlah alel dan jumlah pita polimorfik dapat diketahui melalui elektroforegram hasil amplifikasi PCR. Ukuran alel dapat diketahui melalui Gel Analyzer 2010a.

Informativitas sebuah penanda molekuler yang digunakan dapat diketahui berdasarkan nilai PIC. Nilai PIC dapat diketahui dengan algoritma dari Smith et al. (1997). Kategori informativitas penanda molekuler berdasarkan nilai PIC berdasarkan Musyoki et al. (2015) tersaji pada Tabel 2.

$$PIC = 1 - \sum_{i=1}^n f_i^2$$

dengan, f_i^2 merupakan frekuensi alel i , $i=1,2,3, \dots, n$ (Smith et al. 1997)

Analisis kekerabatan secara genetik dilakukan dengan *Unweighted-Pair Group Method with Arithmetic* (UPGMA) pada *software Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System* (NTSYS) 2.02 menggunakan koefisien kesamaan Dice (Bao et al. 2007) dengan cara memasukkan matriks biner (1-0) yang telah dibuat berdasarkan kemunculan pita pada elektroforegram. Bila ada pita diberi nilai 1, jika tidak ada pita diberi nilai 0, jika penampilan pita meragukan diberi nilai 999 (*null allele atau missing data*). Matriks ini selanjutnya dimasukkan ke dalam program NTSYSpc 2.02 untuk membuat dendrogram.

Dice (1945) menjelaskan bahwa nilai koefisien 1 menunjukkan bahwa kedua taksa memiliki kesamaan unit bersama pada seluruh unit, sedangkan koefisien yang nilainya lebih kecil daripada 1 menunjukkan bahwa kedua taksa memiliki lebih sedikit kesamaan unit bersama. Wijayanto et al. (2013) mengemukakan bahwa semakin kecil nilai koefisien kemiripan (mendekati nol), maka hubungan kekerabatannya semakin jauh, dan sebaliknya semakin besar nilai koefisien kemiripan (mendekati satu), maka hubungan kekerabatannya semakin dekat.

Tabel 3. Nama Jenis dan Titik Koordinat Lokasi Bambu

Nama ilmiah	Nama daerah	Kode bambu	Titik koordinat
<i>Bambusa glaucophylla</i> Widjaja	Bambu Putih	NJ	S 06°55.872' E 107°46.377'
<i>Bambusa vulgaris</i> Schard. ex Wendl. var. <i>striata</i>	Haur Koneng	HK	S 06°55.764' E 107°46.402'
<i>Bambusa vulgaris</i> Schard. ex Wendl. var. <i>vulgaris</i>	Haur Hejo	HJ	S 06°55.629' E 107°46.288'
<i>Bambusa</i> sp.	Haur	BS	S 06°55.715' E 107°46.400'
<i>Gigantochloa apus</i> (J.A. & J.H. Schultes) Kurz	Awi Tali	TL	S 06°55.630' E 107°46.320'
<i>Gigantochloa pseudoarundinacea</i> (Steud.) Widjaja	Awi Surat	SR	S 06°55.617' E 107°46.279'
<i>Gigantochloa atroviolacea</i> Widjaja	Awi Hideung	HD	S 06°55.697' E 107°46.349'
<i>Gigantochloa atter</i> (Hassk.) Kurz	Awi Kekes	KS	S 06°55.746' E 107°46.374'
<i>Phyllostachys bambusoides</i> Siebold et Zuccarini	Pring Cendani	PB	S 06°55.722' E 107°46.293'
<i>Schizostachyum iraten</i> Steud.	Awi Tamiyang	TM	S 06°55.605' E 107°46.276'

HASIL DAN PEMBAHASAN

Keragaman morfologi

Hasil identifikasi morfologi menunjukkan bahwa terdapat sepuluh bambu di Arboretum Universitas Padjadjaran. Bambu tersebut terdiri dari satu bambu yang dapat diidentifikasi hingga tingkat marga, tujuh bambu yang dapat diidentifikasi hingga tingkat jenis, dan dua bambu yang dapat diidentifikasi hingga tingkat varietas berdasarkan tata nama ilmiah. Jenis bambu yang diidentifikasi, kode bambu, dan titik koordinat lokasi bambu tersaji dalam Tabel 3. Peta lokasi tanaman bambu tersaji pada Gambar 1.

Irawan et al. (2006) sebelumnya telah melakukan kajian mengenai jenis-jenis bambu di Kabupaten Sumedang yang meliputi empat kecamatan, yaitu Jatinangor, Sumedang Selatan, Jatigede, dan Tomo berdasarkan struktur morfologi dan anatomi epidermis buluh bambu. Hasil penelitian menunjukkan keragaman bambu tertinggi terdapat di Kecamatan Jatinangor dengan ditemukannya 12 jenis bambu, delapan jenis dan dua varietas diantaranya terdapat di Arboretum Universitas Padjadjaran. Jenis-jenis bambu di Arboretum Universitas Padjadjaran yang diidentifikasi oleh Irawan et al. (2006) antara lain *Bambusa vulgaris* Schard. var. *vittata*, *B. vulgaris* Schard. var. *vulgaris*, *B. multiplex* (Lour.) Raeusch, *B. tuldooides* Munro, *Gigantochloa apus* (J.A. & J.H. Schultes) Kurz, *G. atroviolacea* Widjaja, *G. atter* (Hassk.) Kurz, *G. pseudoarundinacea* (Steud.) Widjaja, *Phyllostachys bambusoides* Siebold et Zuccarini, dan *Schizostachyum silicatum* Widjaja. Jenis-jenis yang ditemukan dan diidentifikasi oleh Irawan et al. (2006) berbeda dengan jenis-jenis yang ditemukan dan diidentifikasi pada penelitian ini. *B. tuldooides*, *B. multiplex*, dan *S. silicatum* tidak ditemukan pada penelitian ini, tetapi ditemukan jenis baru, yaitu *Bambusa* sp., *B. glaucophylla* dan *S. iraten*. Perbedaan hasil identifikasi bambu ini disebabkan oleh adanya penambahan koleksi bambu di Arboretum Universitas Padjadjaran.

Tabel 2. Kategori Informativitas Penanda Molekuler Berdasarkan Nilai PIC (Musyoki et al. 2015)

Nilai PIC	Kategori
Kurang dari 0,25	Kurang Informatif
0,25 - 0,5	Cukup Informatif
Lebih dari 0,5	Sangat Informatif



Skala 1: 239 m

Gambar 1. Peta Lokasi Bambu di Arboretum Unpad (Google Earth, 2017). Keterangan: NJ: *B. glaucophylla*; HK: *B. vulgaris* var. *striata*; HJ: *B. vulgaris* var. *vulgaris*; BS: *Bambusa* sp.; TL: *G. apus*; SR: *G. pseudoarundinacea*; HD: *G. atroviolacea*; KS: *G. atter*; PB: *P. bambusoides*; TM: *S. iraten*

Bambusa glaucophylla

Nama daerah : Bambu putih (Indonesia) (Widjaja 2001)

Rumpun simpodial dan agak padat. Buluh berbuku-buku berwarna hijau kusam tertutupi bulu putih atau coklat kehitaman dengan tinggi 2 m, diameter 1-1,5 cm, panjang ruas 10-19 cm, memiliki 4 cabang dengan satu cabang yang lebih besar. Pelelepah buluh mudah luruh dengan panjang 4 cm dan lebar 10,5 cm dengan bulu coklat pada permukaannya, terdapat kuping pelelepah dengan panjang 0,2 cm dengan bulu kejur sepanjang 0,1 cm. Daun pelelepah buluh tegak dengan panjang 3 cm dan lebar 0,5 cm, berbentuk menyegitiga dengan pangkal gundul. Helaian daun berwarna hijau bergaris putih dengan panjang 9-12,5 cm dan lebar 1,4-2 cm, dan memiliki kuping pelelepah.

Bambusa vulgaris var. *striata*

Nama daerah: bambu kuning (Indonesia), pring kuning (Jawa), awi koneng, haor koneng (Sunda) (Widjaja 2001), haur koneng.

Rumpun simpodial dan rapat. Buluh agak berbuku-buku berwarna kuning dengan garis hijau, tinggi 5,5-6 m, diameter 6-8 cm, panjang ruas 23-29 cm, memiliki 5 cabang dengan satu cabang lebih besar. Pelelepah buluh mudah luruh, panjang pelelepah 30 cm dengan lebar 13 cm, permukaan pelelepah berbulu coklat, terdapat kuping pelelepah dengan panjang 1 cm dengan bulu kejur 0,4 cm. Daun

pelelepah buluh tegak dengan panjang 5 cm, lebar 5,5 cm, bentuk menyegitiga dengan pangkal gundul. Helai daun berwarna hijau tua dengan panjang 16,5-22 cm, lebar 2,4-3,3 cm, serta memiliki kuping pelelepah daun.

Bambusa vulgaris var. *vulgaris*

Nama daerah: bambu ampel (Indonesia), pring ampel, aor, haor, (Jawa), awi ampel, aor, haor (Sunda) (Widjaja 2001), haur hejo.

Rumpun simpodial dan rapat. Buluh berbuku-buku berwarna hijau mengkilap dengan tinggi 17 m, diameter 4-8,5 cm, panjang ruas 30-36 cm. Sistem percabangan memiliki 5 cabang dengan satu cabang lebih besar. Pelelepah buluh mudah luruh dengan panjang 9 cm dan lebar 14 cm, permukaannya tertutupi bulu coklat, terdapat kuping pelelepah dengan tinggi 1,8 cm dengan bulu kejur sepanjang 0,2 cm. Daun pelelepah buluh tegak dengan panjang 5,7 cm dan lebar 2,5 cm, berbentuk menyegitiga, dan berpangkal gundul. Helai daun berwarna hijau dengan panjang 14-18,5 cm dan lebar 2-2,3 cm, serta memiliki kuping pelelepah daun.

Bambusa sp.

Nama daerah: Haur (Sunda)

Rumpun simpodial dan padat. Buluh berbuku-buku berwarna hijau kusam kekuningan tertutupi bulu coklat

dengan tinggi 9-10 m, diameter 7-8 cm, panjang ruas 35-37 cm, memiliki 9 cabang dengan satu cabang yang lebih besar. Pelepeh buluh mudah luruh dengan panjang 47 cm dan lebar 32 cm dengan bulu coklat pada permukaannya, terdapat kuping pelepeh dengan panjang 0,3 cm dengan bulu kejur sepanjang 0,3 cm. Daun pelepeh buluh tegak dengan panjang 9 cm dan lebar 5 cm, berbentuk menyegitiga dengan pangkal bergerigi. Helaian daun berwarna hijau dengan panjang 21,5-31 cm dan lebar 3,5-3,9 cm, dan memiliki kuping pelepeh.

Gigantochloa apus

Nama daerah: Bambu tali (Indonesia), pring tali, pring apus (Jawa), awi tali (Sunda) (Widjaja 2001).

Rumpun simpodial dan rapat. Buluh tegak berwarna hijau tua kusam dengan tinggi 11 m, diameter 6-7 cm, panjang ruas 30-40 cm, memiliki 2-4 cabang dengan satu cabang lebih besar. Pelepeh buluh tidak mudah luruh dengan panjang 18 cm dan lebar 25 cm serta memiliki permukaan yang berbulu coklat. Daun pelepeh buluh terkeluk balik dengan panjang 20 cm dan lebar 2,5 cm, berbentuk menyegitiga dengan pangkal bulat. Helaian daun berwarna hijau dengan panjang 40-48 cm dan lebar 5-8 cm.

Gigantochloa atroviolacea

Nama daerah: Bambu hitam (Indonesia), pring wulung, pring ireng (Jawa), awi hideung (Sunda) (Widjaja 2001).

Rumpun simpodial dan rapat. Sistem percabangan yaitu memiliki banyak cabang dengan satu cabang lebih besar. Cabang berwarna hijau kehitaman. Helaian daun berwarna hijau dengan panjang 24-29 cm dan lebar 3,2-4 cm, memiliki bulu kejur dengan panjang 0,1 cm.

Gigantochloa atter

Nama daerah: Bambu ater (Indonesia), awi ater, awi temen (Sunda), pring legi (Jawa) (Widjaja 2001), awi kekes (Sunda).

Rumpun simpodial dan padat. Buluh tegak berwarna hijau kusam dengan tinggi 8-20 m, diameter buluh 6,2-10 cm, panjang ruas 29-35 cm, permukaan buluh ditutupi bulu putih. Jumlah cabang sebanyak 9 dengan salah satu cabang lebih besar. Pelepeh buluh mudah luruh dengan panjang 39 cm dan lebar 23 cm yang ditutupi bulu coklat, terdapat kuping pelepeh dengan panjang 0,5 cm. Daun pelepeh buluh tegak dengan panjang 6,5 cm dan lebar 4,5 cm, berbentuk menyegitiga, dan berpangkal bergerigi. Helai daun berwarna hijau dengan panjang 35-37 cm dan lebar 3,9-6,1 cm tanpa bulu kejur.

Gigantochloa pseudoarundinacea

Nama daerah: Bambu gombong (Indonesia), pring gombong, pring andong, pring surat (Jawa), awi andong, awi gombong (Sunda) (Widjaja 2001), awi surat.

Rumpun simpodial dan rapat. Buluh tegak berwarna hijau dengan garis-garis kuning ditutupi bulu berwarna abu-abu, tinggi 12 m, diameter 8-12 cm, panjang ruas 35-45 cm, memiliki 9 cabang dengan satu cabang yang lebih besar. Pelepeh buluh mudah luruh dengan panjang 42 cm dan lebar 31 cm yang ditutupi bulu coklat, memiliki kuping

pelepeh dengan tinggi 1 cm. Daun pelepeh buluh terkeluk balik dengan panjang 17 cm dan lebar 5,7 cm, bentuk menyegitiga dengan pangkal bergerigi. Helaian daun berwarna hijau tua dengan panjang 29-33 cm dan lebar 3,5-4,3 cm, dan dilengkapi kuping pelepeh.

Phyllostachys bambusoides

Nama daerah: pring cendani (Jawa) (Widjaja 2001)

Rumpun monopodial dan jarang. Buluh tegak berwarna hijau cerah sesekali berbintik hitam dengan tinggi 4,6 m, diameter 1,8-2 cm, panjang ruas 8-16 cm dengan ruas di buluh bagian bawah lebih pendek daripada buluh bagian tengah dan atas. Buku berwarna putih. Tipe percabangan dikotom atau terdiri dari dua cabang yang sama besar. Pelepeh buluh mudah luruh. Helaian daun berwarna hijau dengan panjang 7,5-9,5 cm dan lebar 1,3-1,7 cm, terdapat kuping pelepeh dengan panjang bulu kejur 0,5 cm.

Schizostachyum iraten

Nama daerah: Bambu suling (Indonesia), pring wuluh (Jawa), awi tamiyang (Sunda) (Widjaja 2001)

Rumpun simpodial dan rapat. Buluh tegak berwarna hijau dengan tinggi 3,2 m, diameter 0,8-1,1 cm, panjang ruas 52 - 72 cm, memiliki cabang yang sama besar. Pelepeh buluh tidak mudah luruh, lebar pelepeh 14,5 cm, permukaan pelepeh berbulu coklat, terdapat kuping pelepeh dengan tinggi 0,5 cm dan bulu kejur dengan panjang 1 cm, daun pelepeh buluh terkeluk balik dengan panjang 3,5 cm dan lebar 0,5 cm, bentuk menyegitiga, pangkal menggerigi. Helai daun berwarna hijau tua memiliki panjang 33 - 35 cm, lebar 4,7 - 5,5 cm, dan panjang bulu kejur 1 cm.

Keragaman genetik

Penelitian ini menggunakan sepuluh pasang primer SSR yang diujikan ke sepuluh bambu di Arboretum Universitas Padjadjaran. Hasil amplifikasi tersaji pada Tabel 4. Secara umum, seluruh penanda yang dirancang oleh Jiang et al. (2013) pada penelitian ini dapat mengamplifikasi seluruh jenis dan varietas bambu yang diuji, baik pada marga *Bambusa*, *Gigantochloa*, *Phyllostachys*, maupun *Schizostachyum*, kecuali lokus APhe 01 tidak dapat mengamplifikasi *G. atter* dan lokus APhe 100 tidak dapat mengamplifikasi *G. pseudoarundinacea*. Lokus ABa10 pada penelitian ini diketahui dapat mengamplifikasi seluruh jenis dan varietas bambu uji yang di antaranya terdapat jenis *B. vulgaris* var. *vulgaris* dan *B. vulgaris* var. *striata*. Penelitian Nayak and Rout (2005) juga menjelaskan bahwa lokus ABa 10 dapat mengamplifikasi *B. vulgaris* var. *striata*. Namun, ukuran pita yang diamplifikasi memiliki perbedaan, yaitu 146 bp pada *B. vulgaris* var. *striata* di India dan 154 bp pada *B. vulgaris* var. *striata* di Arboretum Universitas Padjadjaran. Perbedaan ukuran alel pada kedua bambu tersebut disebabkan oleh jumlah pengulangan motif yang berbeda. Hal ini yang disebut dengan variasi alel. Penelitian ini mendukung pernyataan Thomas et al. (2016) bahwa salah satu karakter penting dari lokus SSR adalah variasi alel yang tinggi.

Tabel 4. Hasil amplifikasi pada sepuluh bahan uji

Lokus SSR	Bahan uji									
	NJ	HK	HJ	BS	TL	SR	HD	KS	PB	TM
APhe 01	+	+	+	+	+	+	+	-	+	+
APhe 10	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
APhe 13	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
APhe 28	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
APhe 32	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
APhe 98	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
APhe 100	+	+	+	+	+	-	+	+	+	+
APhe 141	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
ABa 10	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+
ABa 20	+	+	+	+	+	+	+	+	+	+

Keterangan: (+): Dapat diamplifikasi (-): Tidak dapat diamplifikasi; APhe: Primer yang dirancang dari *P. edulis* di Cina (Jiang et al., 2013); ABa: Primer yang dirancang dari *B. arundinacea* di India (Nayak and Rout, 2005); NJ: *B. glaucophylla*; HK: *B. vulgaris var. striata*; HJ: *B. vulgaris var. vulgaris*; BS: *Bambusa sp.*; TL: *G. apus*; SR: *G. pseudoarundinacea*; HD: *G. atroviolacea*; KS: *G. atter*; PB: *P. bambusoides*; TM: *S. iraten*

Selain itu, lokus ABa 20 pada penelitian ini dapat mengamplifikasi seluruh jenis dan varietas bambu uji, baik pada marga *Bambusa*, *Gigantochloa*, *Phyllostachys*, maupun *Schizostachyum*. Nayak and Rout (2005) menjelaskan bahwa lokus ABa 20 dapat mengamplifikasi *Dendrocalamus strictus*, *B. nana*, dan *B. multiplex*. Hasil penelitian bambu di Arboretum Unpad mendukung penelitian Nayak and Rout (2005) bahwa lokus ini dapat mengamplifikasi jenis-jenis pada marga *Bambusa* maupun jenis-jenis dari marga selain *Bambusa*.

Penanda yang digunakan pada penelitian ini, yaitu penanda yang dirancang dari *P. edulis* di Cina dan *B. arundinacea* di India menunjukkan bahwa keduanya memiliki kemampuan *cross-amplification*. Hal ini ditunjukkan oleh kemampuan penanda yang dapat mengamplifikasi jenis-jenis lain, terutama jenis-jenis pada marga yang sama dengan asal primer dirancang, yaitu *Phyllostachys* dan *Bambusa*. Kemampuan *cross-amplification* diperlihatkan juga pada penelitian Li et al. (2016) yang menyimpulkan bahwa lokus yang dirancang dari *Amentotaxus formosana* dapat digunakan untuk mengamplifikasi jenis-jenis lain dari marga *Amentotaxus*.

Detail perolehan ukuran alel, jumlah alel per lokus, jumlah pita polimorfik, dan penghitungan PIC (*Polymorphic Information Content*) tersaji pada Tabel 5. Amplifikasi DNA bambu menggunakan sepuluh lokus SSR pada penelitian ini menghasilkan jumlah alel keseluruhan sebanyak 117 alel. Jumlah alel per lokus adalah tujuh hingga 19 alel. Jiang et al. (2013) dalam penelitiannya menyebutkan bahwa alel yang dihasilkan pada setiap lokus berkisar antara 2-10 alel. Penelitian yang dilakukan oleh Nayak and Rout (2005) menunjukkan setiap lokus menghasilkan alel sebanyak 2-13 alel. Pancoro et al. (2016) mengemukakan bahwa jumlah alel yang berbeda setiap lokus dapat digunakan untuk mengetahui tingkat polimorfisme. Semakin banyak alel yang dimiliki oleh suatu lokus, maka lokus tersebut memberikan informasi yang lebih baik tentang polimorfisme.

Jumlah alel tiap spesies pada penelitian ini berkisar antara 1-3 alel. Hal ini mengindikasikan bahwa bambu

Arboretum Universitas Padjadjaran diduga merupakan organisme poliploid. *Grass Phylogeny Working Group dalam Yeasmin (2015)* mengemukakan bahwa kromosom bambu pada dasarnya berjumlah 12 kromosom ($x=12$) pada bambu pohon, sedangkan sebelas kromosom pada bambu herba ($x=11$). Clark et al. dalam Yeasmin (2015) menambahkan bahwa terdapat dua kelompok poliploid yang berbeda pada bambu pohon. Bambu pohon pada daerah tropis merupakan organisme heksaploid ($2n=6x=72$) dan bambu pohon pada daerah beriklim sedang merupakan organisme tetraploid ($2n = 4x = 48$). Ukuran alel yang diperoleh pada penelitian ini bervariasi, yaitu 83-893 bp. Hal ini berbeda dengan hasil penelitian dari Jiang et al. (2013) dan Nayak and Rout (2005) yang masing-masing memperoleh ukuran alel dengan rentang 96-336 bp dan 146-261 bp. Sugiantari, et al. (2015) menjelaskan bahwa perbedaan ragam alel yang dihasilkan kemungkinan disebabkan oleh perbedaan populasi yang diuji.

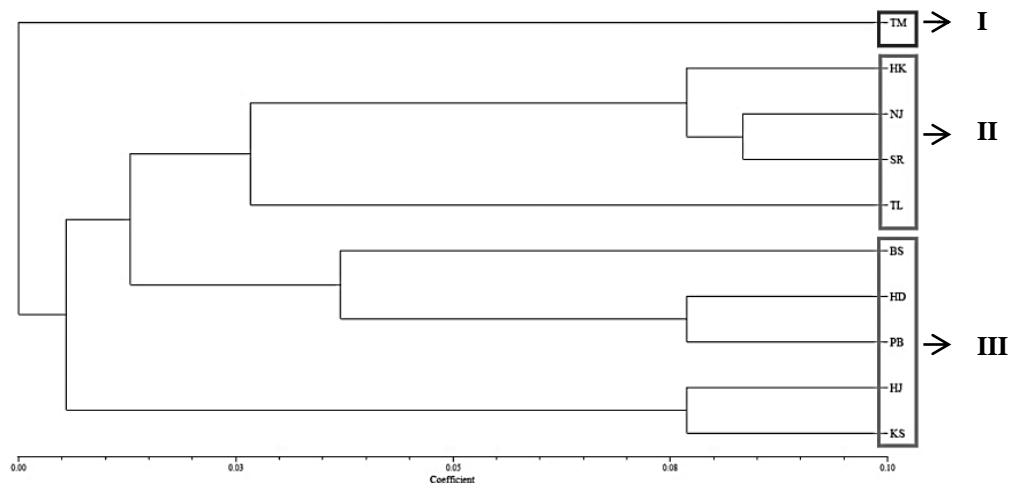
Polymorphic Information Content (PIC) merupakan sebuah ukuran keragaman alel pada suatu lokus. Nilai PIC yang didapatkan pada penelitian ini adalah berkisar antara 0,84-0,943. Nilai PIC pada penelitian Nayak and Rout (2005) adalah 0,864 untuk ABa 10 dan 0,860. untuk ABa 20. Berdasarkan kategori menurut Musyoki et al. (2015), dapat dikatakan bahwa seluruh primer yang digunakan sangat informatif. Zargar et al. (2016) menjelaskan bahwa PIC merupakan ciri penting pada primer yang mengindikasikan potensi primer untuk digunakan dalam membedakan beragam individu. Hal ini menunjukkan bahwa semakin besar nilai PIC, primer tersebut akan semakin baik dalam membedakan berbagai individu yang diuji.

Hasil amplifikasi DNA menggunakan sepuluh penanda molekuler SSR telah dibuat matriks biner untuk digunakan dalam analisis kluster menggunakan *Unweighted-Pair Group Method with Arithmetic (UPGMA)* pada *software NTSYSpc 2.02* untuk mengetahui kelompok serta hubungan kekerabatan sepuluh bambu yang diuji. Hasil pengelompokan didasarkan kepada koefisien kesamaan Dice. Hasil pengelompokan disajikan dalam bentuk dendrogram (Gambar 2).

Tabel 5. Data alel, pita DNA, dan polimorfisme DNA bambu Arboretum Unpad

Lokus SSR	Ukuran Alel (bp)	Alel per Lokus	Jumlah Pita Polimorfik	PIC
APhe 01	143-471	15	14	0,929
APhe 10	174-695	15	15	0,933
APhe 13	124-219	8	5	0,859
APhe 28	224-278	9	8	0,880
APhe 32	83-117	10	10	0,900
APhe 98	117-455	13	13	0,923
APhe 100	140-699	11	11	0,909
APhe 141	310-355	7	4	0,840
ABa 10	143-793	10	10	0,900
ABa 20	130-893	19	17	0,943
Total	83-893	117	108	

Keterangan: bp: base pair (pasang basa); APhe: Primer yang dirancang dari *P. edulis* di Cina (Jiang et al. 2013); ABa: Primer yang dirancang dari *B. arundinacea* di India (Nayak and Rout 2005).



Gambar 2. Dendrogram tingkat kesamaan genetik berdasarkan koefisien kesamaan. Keterangan: NJ: *B. glaucophylla*; HK: *B. vulgaris* var. *striata*; HJ: *B. vulgaris* var. *vulgaris*; BS: *Bambusa* sp.; TL: *G. apus*; SR: *G. pseudoarundinacea*; HD: *G. atroviolacea*; KS: *G. atter*; PB: *P. bambusoides*; TM: *S. iraten*

Berdasarkan tingkat kesamaan genetik, bambu Arboretum Universitas Padjadjaran dapat dikelompokkan menjadi tiga kelompok. Kelompok I terdiri dari *S. iraten* (TM). Kelompok II terdiri dari *B. vulgaris* var. *striata* (HK), *B. glaucophylla* (NJ), *G. pseudoarundinacea* (SR), dan *G. apus* (TL). Kelompok III terdiri dari *Bambusa* sp. (BS), *P. bambusoides* (PB), *G. atroviolacea* (HD), *B. vulgaris* var. *vulgaris* (HJ), dan *G. atter* (KS). Hasil dendrogram menunjukkan bahwa bambu uji belum dapat dikelompokkan berdasarkan marga atau jenis, melainkan dikelompokkan berdasarkan *subtribe*. Berdasarkan Ohrnberger (1999), *Tribe* Bambuseae memiliki sepuluh *subtribe*. *Subtribe* yang mengelompokkan marga-marga yang diujikan pada penelitian ini terdapat tiga *subtribe*, yaitu Bambusinae, Melocanninae, dan Shibataeinae. *Subtribe* Bambusinae terdiri atas marga *Bambusa* dan *Gigantochloa*. *Subtribe* Melocanninae terdiri dari marga

Schizostachyum. *Subtribe* Shibataeinae terdiri dari marga *Phyllostachys*.

Hasil penelitian ini mendukung pengelompokkan *Tribe* Bambuseae menjadi tiga *subtribe* yang berisi marga-marga yang bersesuaian. *Subtribe* Melocanninae yang berisi jenis *S. iraten* dari marga *Schizostachyum* telah terpisah sendiri pada kelompok I. Menurut Liese and Kohl (2015), secara morfologi *subtribe* ini memiliki ciri khas, yaitu memiliki ruas yang sangat panjang. Panjang ruas ini merupakan fenotip yang merupakan hasil ekspresi dari faktor genetik. Kelompok II dan III terlihat adanya kemiripan. Kedua kelompok ini sama-sama terdiri dari kombinasi marga *Bambusa* dan *Gigantochloa* dimana keduanya tergabung dalam *subtribe* yang sama, yaitu Bambusinae. Menurut Liese and Kohl (2015), secara morfologi *subtribe* ini memiliki ciri khas, yaitu rimpangnya berleher pendek, buluh berongga atau padat, dan ruasnya memiliki panjang

Tabel 6. Nilai koefisien kesamaan genetik

	NJ	HK	HJ	BS	TL	SR	HD	KS	PB	TM
NJ	1,000									
HK	0,077	1,000								
HJ	0,000	0,000	1,000							
BS	0,000	0,000	0,000	1,000						
TL	0,000	0,000	0,000	0,000	1,000					
SR	0,083	0,077	0,077	0,000	0,000	1,000				
HD	0,000	0,074	0,000	0,074	0,000	0,000	1,000			
KS	0,000	0,000	0,077	0,000	0,000	0,000	0,000	1,000		
PB	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,077	0,000	1,000	
TM	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	0,000	1,000

Keterangan: NJ: *B. glaucophylla*; HK: *B. vulgaris* var. *striata*; HJ: *B. vulgaris* var. *vulgaris*, BS: *Bambusa* sp.; TL: *G. apus*; SR: *G. pseudoarundinacea*; HD: *G. atroviolacea*; KS: *G. atter*; PB: *P. bambusoides*; TM: *S. iraten*

yang hampir sama. Perbedaan antara kelompok II dan III terletak pada keberadaan marga *Phyllostachys* di kelompok III. *Phyllostachys* yang merupakan anggota *Subtribe* Shibataeinae, bergabung di kelompok III bersama beberapa jenis dari marga *Bambusa* dan *Gigantochloa* yang tergabung dalam *Subtribe* Bambusinae. Fenomena tersebut dapat terjadi karena kemungkinan kesepuluh primer yang digunakan belum dapat membedakan ketiga *subtribe* secara tepat, melainkan hanya dapat memisahkan dua *subtribe* (Melocanninae dan Bambusinae) dan satu *subtribe* masih tergabung bersama *Subtribe* Bambusinae. Penambahan jumlah primer diperlukan untuk dapat memisahkan *Subtribe* Bambusinae dan *Subtribe* Shibataeinae, bahkan membedakan hingga ke tingkat marga dan jenis. Reflinur dan Lestari (2015) mengemukakan bahwa semakin banyak marka DNA polimorfis yang mencakup semua lokasi genom suatu individu, semakin besar peluang mendapatkan peta genetik yang lebih lengkap dan akurat.

Tabel 6. menunjukkan nilai-nilai koefisien kesamaan genetik berdasarkan nilai koefisien kesamaan Dice antar bahan uji. Unit yang dijadikan patokan dalam menentukan koefisien kesamaan Dice pada penelitian keragaman genetik adalah kepemilikan alel. Nilai koefisien Dice yang didapatkan pada penelitian ini adalah berkisar dari 0-0,083. Hal ini menunjukkan bahwa bambu-bambu Arboretum Universitas Padjadjaran memiliki kesamaan hingga 8,3% yang artinya memiliki keragaman hingga 91,7%. Kekerabatan terjauh terjadi antara *S. iraten* (TM) dengan sembilan bahan uji lainnya, yaitu sebesar 0. Hal ini ditunjukkan elektroforegram hasil amplifikasi seluruh lokus bahwa tidak ada alel yang berukuran sama yang terdapat pada *S. iraten* (TM) dan kesembilan bahan uji lainnya. Kekerabatan terdekat terjadi pada *G. pseudoarundinacea* (SR) dengan *B. glaucophylla* (NJ) sebesar 0,083. Hal tersebut terjadi karena terdapat alel berukuran sama yang ditemukan pada kedua jenis bambu tersebut, yaitu 500 bp pada lokus ABa 20. Nilai koefisien kesamaan dengan rentang 0-0,083 menunjukkan bambu-bambu Arboretum Universitas Padjadjaran memiliki kesamaan genetik yang rendah, sehingga dapat dikatakan memiliki tingkat keragaman genetik yang tinggi. Menurut McDonald dan McDermott (1993), struktur genetik dari

suatu populasi dipengaruhi pula oleh beberapa faktor seperti besarnya populasi, cara reproduksi, individu yang diteliti, aliran gen, dan seleksi alam.

Penelitian ini menunjukkan bahwa penanda yang dirancang oleh Jiang et al. (2013) dari *P. edulis* dan primer yang dirancang Nayak and Rout (2005) dari *B. arundinacea* dapat diaplikasikan pada bambu Arboretum Universitas Padjadjaran untuk mengetahui tingkat keragaman genetik pada bambu-bambu tersebut. Fiani (2015) mengatakan bahwa informasi keragaman genetik suatu jenis penting untuk mendukung program konservasi maupun program pemuliaan. Pengkajian keragaman genetik antar individu atau antar populasi merupakan aspek penting dalam upaya pelestarian dan pemanfaatan sumber daya genetik tanaman. Berdasarkan hasil penelitian dapat disimpulkan bahwa terdapat sepuluh jenis bambu yang ada di Arboretum Universitas Padjadjaran yang dapat diidentifikasi berdasarkan karakter morfologi. Bambu Arboretum Universitas Padjadjaran memiliki tingkat keragaman genetik yang tinggi berdasarkan nilai koefisien kesamaan.

UCAPAN TERIMA KASIH

Peneliti berterima kasih kepada semua pihak yang membantu pengerjaan penelitian ini, terutama masyarakat yang berada di sekitar Arboretum Universitas Padjadjaran, Jatinangor, Kabupaten Sumedang, Jawa Barat dan Universitas Padjadjaran melalui *Academic Leadership Grant* (ALG).

DAFTAR PUSTAKA

- Akmal I, Arimbi N, Primasanti N, Sawitri W, Kusumawardhani D, Soraya D. 2011. Bambu untuk Rumah Modern. Gramedia Pustaka Utama, Jakarta. [Indonesia]
- Annisa, Chen S, Cowling WA. 2013. Global genetic diversity in oilseed *Brassica rapa*. *Crop Pasture Sci* 64: 993-1007.
- Bao L, Chen K, Zhang D, Cao Y, Yamamoto T, Teng Y. 2007. Genetic diversity and similarity of pear (*Pyrus* L.) cultivars native to East Asia revealed by SSR (simple sequence repeats) markers. *Genet Resour Crop Ev* 54: 959-971.

- Chase MW, Hills HH. 1991. Silica gel: an ideal material for field preservation of leaf samples for DNA studies. *Taxon* 40: 215-220.
- Dice LR. 1945. Measure of the amount of Ecologic Association Between Species. *Ecological Society of America* 26: 297-302.
- Dransfield S, Widjaja EA. 1995. *Plant Resources of South-East Asia (PROSEA) 7: Bamboos*. Prosea Network Office, Wageningen.
- Eevera T, Rajandran K, Saradha S, Lashmi A. 2008. Analysis of genetic variation in selected bamboo species using RAPD. *Tree For Sci Biotech* 2: 54-56.
- Fiani A. 2015. Review: Strategy for genetic resources conservation of sugar palm (*Arenga pinnata*). *Proceeding of National Seminar of Society for Indonesian Biodiversity*. 1: 687-690. [Indonesian]
- Grover A, Sharma PC. 2014. Development and use of molecular markers: past and present. *Crit Rev Biotechnol* 36: 1-13.
- Irawan B, Rahayuningsih SR, Kusmoro J. 2006. *Keanekaragaman Jenis Bambu di Kabupaten Sumedang Jawa Barat*. Perpustakaan Nasional Republik Indonesia, Jakarta. [Indonesian]
- Jiang W-X, Zhang W-J, Ding Y-L. 2013. Development of polymorphic microsatellite markers for *Phyllostachys edulis* (Poaceae), an important bamboo species in China. *Appl Plant Sci* 1: 1-3.
- Lee PY, Costumbrado J, Hsu CY, Kim YH. 2012. Agarose gel electrophoresis for the separation of DNA fragments. *J Vis Exp* 62: 3-5.
- Li C-Y, Chiang T-Y, Chiang Y-C, Hsu H-M, Ge X-J, Huang J-J, Chen C-T, Hung K-H. 2015. Cross-species, amplifiable EST-SSR markers for *Amentotaxus* species obtained by next-generation sequencing. *Molecules* 21: 1-11.
- Liese W, Kohl M. 2015. *Bamboo: The Plant and Its Uses*. Springer, Hamburg.
- McDonald BA, McDermott JM. 1993. Population genetic of plant pathogenic fungi, electrophoretic markers give unprecedented precision to analysis of genetic structure of population. *Biol Sci* 43: 311-319.
- Musyoki MA, Kioko WF, Mathew NP, Muriira KG, Wavinya ND, Felix M, Chemtai LR, Mwenda, NS, Kiambi MJ, Ngithi NL. 2015. Genetic diversity studies on selected rice (*Oryza sativa* L.) genotypes based on amylose content and gelatinization temperature. *Advances in Crop Science and Technology* 3: 193. doi:10.4172/2329-8863.1000193
- Nayak S, Rout GR. 2005. Isolation and characterization of microsatellites in *Bambusa arundinacea* and cross species amplification in other bamboos. *Plant Breed* 124: 599-602.
- Ohrnberger D. 1999. *The Bamboos of The World*. Elsevier, Amsterdam.
- Oliveira GAF, Padua JG, Costa JL, Jesus OND, Carvalho FMD, Oliveira EJD. 2013. Cross-species amplification of microsatellite loci developed from *Passiflora edulis* Sims. in related *Passiflora* species. *Braz Arch Biol Technol* 56: 785-792.
- Pancoro A, Septiyani TA, Indriyani NLP, Santoso PJ. 2016. Analisis progen F1 hasil persilangan intra dan inter-spesies durian (*Durio* sp.) menggunakan marka SSR. *Jurnal Hortikultura* 26: 171-180.
- Rai IN, Wijana G, Semarang CGA. 2008. Identifikasi variabilitas genetik wani Bali (*Mangifera caesia* Jack.) dengan analisis penanda RAPD. *Jurnal Hortikultura* 18: 125-134. [Indonesian]
- Rao VR, Hodgkin T. 2002. Genetic diversity and conservation and utilization of plant genetic resources. *Plant Cell Tiss Org* 68: 1-19.
- Reflinur, Lestari P. 2015. Penentuan lokus gen dalam kromosom tanaman dengan bantuan marka DNA. *Jurnal Litbang Pertanian* 34: 177-186. [Indonesian]
- Smith JSC, Chin ECL, Shu H, Smith OS, Wall SJ, Senior ML, Mitchell SE, Kresovich S, Ziegler J. 1997. An evaluation of the utility of SSR loci as molecular markers in maize (*Zea mays* L.): comparisons with data from RFLPS and pedigree. *Theor Appl Genet* 95: 163-173.
- Sugiantari NLPR, Junitha IK, Kriswiyanti E. 2015. Analisa keragaman genetik kelapa rangda (*Cocos nucifera* L.) di Bali berdasarkan penanda DNA SSR. *Jurnal Simbiosis* 3: 334-337.
- Thomas B, Murray BG, Murphy DJ. 2016. *Encyclopedia of Applied Plant Sciences*. Academic Press, Oxford.
- Vijay WN, Uttamkumar BS. 2013. Random amplified polymorphic DNA based genetic characterization of four important species of Bamboo, found in Raigad district, Maharashtra State, India. *Afr J Biotechnol* 12: 4446-4452.
- Widjaja EA. 2001. *Identikit Jenis-Jenis Bambu di Jawa*. Puslitbang Biologi-LIPI, Bogor. [Indonesian]
- Wijayanto T, Boer D, Ente L.. 2013. Hubungan kekerabatan aksesi pisang kapok (*Musa paradisiaca* Formatypica) di Kabupaten Muna berdasarkan karakter morfologi dan penanda RAPD. *Jurnal Agrotekno* 3: 163-169. [Indonesian]
- Yeasmin L.; Ali MN, Gantait S, Chakraborty S. 2015. Bamboo: an overview on its genetic diversity and characterization. *3 Biotech* 5: 1-11.
- Zargar SM, Farhat S, Mahajan R, Bhakhri A, Sharma A. 2016. Unraveling the efficiency of RAPD and SSR markers in diversity analysis and population structure estimation in common bean. *Saudi J Biol Sci* 23: 139-149.