

## Hubungan Filogenetik Molekuler Beberapa Jenis Mangrove di Pulau Penjarangan, Ujung Kulon, Provinsi Banten

*Molecular Phylogenetics Relationship among Several Mangroves  
in Penjarangan Island, Ujung Kulon, Banten Province*

Indah Riyantini<sup>1\*</sup>, Yuniar Mulyani<sup>1</sup>, dan Mochamad Untung K. Agung<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan  
Universitas Padjadjaran  
Jl. Raya Jatinangor Km 21 Sumedang UBR 40600  
E-mail korespondensi : indah.riyantini@gmail.com

### Abstrak

Penelitian ini bertujuan untuk menganalisis hubungan filogenetik secara molekuler dari Beberapa Jenis Mangrove yang terdapat di P. Penjarangan Kawasan Ujung Kulon, yang merupakan kawasan konservasi. Pengambilan sampel dilakukan di beberapa titik di P. Penjarangan dan analisis molekuler dilakukan di laboratorium Bioteknologi Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan Universitas Padjadjaran. Metode penelitian merupakan metode survey, dan dianalisis secara deskriptif kualitatif di laboratorium. Sampel daun mangrove diisolasi DNA, dan diamplifikasi dengan PCR-RAPD menggunakan 10 primer acak. DNA hasil PCR dielektroforesis pada gel agarosa 1,4% dengan menggunakan marker DNA Lambda yang telah dipotong dengan enzim *EcoRI* dan *Hind III*. Hasil elektroforesis menunjukkan pola larik yang diterjemahkan ke dalam bentuk data numerik (1/0) dan dianalisis hubungan filogenetik dan keragaman genetiknya menggunakan program NTSYS-pc. Hasil penelitian menunjukkan bahwa Metode RAPD menggunakan primer OPA 2 dan OPA 11 dapat menghasilkan polimorfisme pada DNA genom dari beberapa jenis mangrove di Pulau Penjarangan, Kawasan Ujung Kulon. Keanekaragaman genetik pada beberapa jenis mangrove cukup tinggi, dan analisis hubungan filogenetik molekuler beberapa jenis mangrove yang ada di kawasan tersebut memiliki hubungan yang tidak berbeda dengan klasifikasi morfologinya.

**Kata kunci :** Hubungan filogenetik, Mangrove, PCR-RAPD, program NTSYS-pc.

### Abstract

This study aimed to analyze the molecular phylogenetic relationships of several mangroves growth in Penjarangan Island, Ujung Kulon, which is a conservation area. Sampling was done at some point in Penjarangan Island and molecular analyzes performed in the laboratory of Biotechnology Faculty of Fisheries and Marine Sciences, University of Padjadjaran. The research method is a survey method, and analyzed by descriptive qualitative in the laboratory. DNA samples isolated mangrove leaves, and amplified by PCR-RAPD using 10 random primers. PCR DNA electrophoresed on 1.4% agarose gel using Lambda DNA marker that has been cut with *EcoRI* and *Hind III* enzyme. The results show a pattern array electrophoresis translated into numerical data (1/0) and analyzed phylogenetic relationships and genetic diversity using the program NTSYS-pc. The results showed that the method RPD using primer OPA OPA 2 and 11 can produce DNA polymorphisms in the genome of several mangrove species in Penjarangan Island, Ujung Kulon, and molecular phylogenetic relationship analysis of Mangroves in Penjarangan Island, Ujung Kulon has no different relationships with their morphological classification.

**Keywords :** mangrove, NTSYS-pc, PCR-RAPD, phylogenetic relationship

## Pendahuluan

Mangrove adalah kelompok jenis tumbuhan yang tumbuh di sepanjang pantai tropis dan sub tropis. Ekosistem mangrove memiliki fungsi ekologis yang sangat penting. Dalam hubungannya dengan komoditas perikanan pesisir, mangrove berfungsi sebagai *nursery*, *spawning*, dan *feeding ground* (Saparinto 2007). Ekosistem mangrove menjadi tempat berasosiasinya sejumlah biota air sebab pada ekosistem ini banyak pasokan nutrisi yang didaur ulang secara insitu melalui jaring-jaring makanan yang berbasis detritus (Dahuri 2003). Ekosistem mangrove memiliki peran ekologis yang sangat penting. Akan tetapi tingkat kerusakan ekosistem mangrove dunia, termasuk Indonesia, sangat mengkhawatirkan. Sebagai contoh, luas hutan mangrove di Pulau Jawa yang pada umumnya dalam kondisi rusak.

Pulau Penjarangan merupakan daerah kawasan konservasi yang dilindungi oleh instansi Taman Nasional Ujung Kulon. Pulau Penjarangan merupakan bagian dari gugusan pulau-pulau karang di teluk Banten di sebelah timur laut semenanjung Ujung Kulon. Kawasan ini memiliki berbagai jenis flora dan fauna yang beragam, diantaranya yaitu berbagai jenis mangrove (bakau). Ekosistem mangrove di kawasan ini dahulu terkenal beraneka ragam, tetapi saat ini perlu dikaji kembali.

Berdasarkan hal tersebut perlu kiranya diteliti fenomena genetik yang menyangkut hubungan filogenetik dan keanekaragaman genetik mangrove yang ada di kawasan Ujung Kulon tersebut, dan Pulau Penjarangan sebagai contoh populasinya. Menurut Haymer (1994) tingkat keanekaragaman genetik dari organisme dapat dilakukan dengan analisis DNA. Haymer juga mengemukakan bahwa dengan mengetahui dan membandingkan tingkat polimorfisme DNA maka akan dapat diketahui bagaimana keanekaragaman genetiknya. Polimorfisme DNA merupakan materi yang sangat akurat dalam menganalisis genetik beberapa tipe organisme yang berbeda. Metode-metode yang menghasilkan polimorfisme DNA dapat mengidentifikasi keanekaragaman pada individu secara langsung pada tingkat DNA.

Deteksi keanekaragaman genetik secara molekular antara lain menggunakan teknik PCR. Teknik ini dapat menggunakan beberapa metode, antara lain RAPD (*Random Amplified Polymorphism DNA*), RFLP (*Restriction Fragment Length Polymorphism*) dan Mikrosatelit. Metode RAPD-PCR merupakan metode untuk mengidentifikasi polimorfisme DNA dengan

mudah, cepat dan efisien. Dengan RAPD dapat dihasilkan polimorfisme yang sangat tinggi dari DNA yang teramplifikasi lewat teknik PCR (Grosberg et al., 1993 dalam Ferraris et al., 1996).

Berdasarkan permasalahan-permasalahan di atas dan berbagai kegunaan dan kemudahan dalam penggunaan teknik PCR maka dalam penelitian ini digunakan metode RAPD-PCR untuk menganalisis Hubungan Filogenetik secara Molekular dari Beberapa Jenis Mangrove yang terdapat di Pulau Penjarangan Kawasan Ujung Kulon, yang merupakan kawasan konservasi.

## Bahan dan Metode

### Bahan

Bahan yang digunakan dalam penelitian ini meliputi bahan pada saat proses pengambilan sampel, proses ekstraksi, proses amplifikasi PCR, elektroforesis, dan analisis hasil elektroforesis. Metode penelitian ini termasuk dalam metode survei yang diawali dengan pengambilan sampel di lapangan, kemudian dilakukan analisis deskriptif kualitatif di laboratorium. Secara garis besar, penelitian ini meliputi beberapa tahap, antara lain pengambilan sampel mangrove di Pulau Penjarangan, Ujung Kulon; isolasi DNA genom; amplifikasi DNA dengan Teknik PCR; analisis hasil amplifikasi dengan elektroforesis gel agarosa; dan analisis data.

### Metode

#### Pengambilan sampel mangrove

Tempat pengambilan sampel dilakukan di beberapa titik yang ada di Pulau Penjarangan, Kawasan Ujung Kulon. Di lokasi pengambilan sampel, daun muda dari setiap jenis mangrove yang diambil, dibersihkan dari kotoran dengan menggunakan alkohol 70%. Kemudian dimasukkan ke dalam kantong plastik berisi *silica gel* yang sebelumnya telah diberi label. Kemudian sampel-sampel tersebut dibawa ke laboratorium. Di laboratorium, sampel disimpan di dalam freezer -20 °C, sambil menunggu tahap penanganan selanjutnya.

#### Isolasi DNA genom

DNA sampel diisolasi menggunakan metode CTAB (*Cationic Hexadecyl Trimethyl Ammonium Bromide*) dari Mulyani (2003) yang telah dilakukan modifikasi. Tahap pertama, jaringan

digerus menggunakan nitrogen cair pada mortar sampai halus. Ditambahkan 500 µL buffer isolasi CTAB 2X yang sudah diinkubasi dalam suhu 65 °C, 5 µL 2-merkaptotanol dan 0,005g *polyvinylpyrrolidone* (1% dari volume), ke dalam *ependorf* tersebut. Campuran kemudian dihomogenkan dengan menggunakan vorteks dan kemudian diinkubasi dalam *water bath* yang sudah diatur pada suhu 65 °C selama 1 jam. Pada masa inkubasi, agar campuran tetap homogen, tabung reaksi dibolak-balik setiap 30 menit. Campuran yang telah diinkubasi ditambah 500 µL kloroform-isoamilalkohol (C:I) (24:1) dan dihomogenkan dengan menggunakan vorteks. Campuran kemudian disentrifugasi pada kecepatan 13.000 rpm selama 15 menit untuk memisahkan fasa kloroform- isoamilalkohol (IAA) dan CTAB. Larutan fasa air dipindahkan ke dalam tabung reaksi yang baru tanpa mengikutsertakan bagian interfasa dan fasa organik. Ke dalam tabung kemudian ditambahkan P:C:I (25:24:1) sebanyak 100 µL, kemudian disentrifugasi dengan kecepatan 13.000 rpm selama 15 menit. Sentrifugasi menghasilkan tiga fasa (*layer*), yaitu fasa air di bagian atas (*supernatan*). Fasa air (*supernatan*) dipisahkan dan ditambahkan RNase (*ribonuclease*) sebanyak 3 µL, dikocok perlahan. Larutan kemudian diinkubasi pada suhu 37 °C selama 15 menit. Kemudian larutan dikocok secara perlahan tanpa vorteks dan disimpan pada suhu -20 °C selama 2 jam atau 1 malam. Tabung disentrifugasi selama 15 menit pada kecepatan

13.000 rpm. Didapatkan pemisahan antara *supernatan* dengan pelet (*endapan DNA*). Larutan *supernatan* dibuang dan pelet yang didapatkan dilarutkan dengan menambahkan etanol 80% dingin sebanyak 600 µL, bolak-balik. Tabung disentrifugasi selama 10 menit pada kecepatan 13.000 rpm. Didapatkan pemisahan antara *supernatan* dengan pelet (*endapan DNA*). *Supernatan* dibuang dan pelet dikering anginkan hingga pelet dan tabung terbebas dari sisa etanol. Pelet DNA yang telah terbebas dari sisa etanol kemudian dilarutkan dalam larutan TE 10/1 (1mM Tris-HCl, 0,1mM EDTA, pH 8) sebanyak 100 µL dan disimpan pada suhu -20 °C atau siap untuk langsung dielektroforesis.

#### *Amplifikasi DNA dengan PCR*

Amplifikasi dilakukan dengan metode PCR dengan maksud memperbanyak fragmen DNA. Template DNA yang digunakan adalah DNA genom mangrove. Amplifikasi DNA dengan menggunakan PCR dilakukan menggunakan penanda molekular RAPD, yang menggunakan 10 macam ‘arbitrary primer’ berukuran 10 nukleotida yang diproduksi oleh *Operon Technology*. Primer yang digunakan, yaitu OPA2-OPA5, OPA7, OPA8, OPA10, OPA11, OPA14, dan OPA 15. Komponen reaksi PCR yang digunakan dalam penelitian tersaji dalam Tabel 1.

**Tabel 1.** Komponen reaksi PCR

**Table 1.** *PCR cocktails*

Komponen PCR	Volume (per reaksi)	Konsentrasi Final
<i>Master mix</i>	12,5µl	2x
Primer <i>Forward</i>	1,0µl	25 pmol
Primer <i>Reverse</i>	1,0µl	25 pmol
DNA	2,0µl	5-10 ng/µl
NFW	Ditambahkan s.d. 25µl	

Seluruh sampel yang sudah dicampur dalam campuran reaksi, diamplifikasi menggunakan *Thermal Cycler*. Menurut Sahoo *et al.* (2007), pertama dilakukan denaturasi awal pada suhu 94 °C selama lima menit, selanjutnya dilakukan 44 siklus pengaturan suhu dengan satu siklus terdiri dari : 94 °C selama 1 menit untuk denaturasi DNA, 37 °C selama 1 menit untuk penempelan primer (*annealing*), 72 °C selama 2 menit untuk pemanjangan (*extension*) DNA. Tahap terakhir proses pemanjangan pada 72 °C dilakukan selama 8 menit dan dilanjutkan dengan inkubasi pada 4 °C

hingga pengambilan tabung dari mesin *Thermal Cycler*. Sampel DNA yang sudah diamplifikasi kemudian disimpan pada suhu -20 °C untuk kemudian dianalisis.

#### *Analisis hasil amplifikasi dengan elektroforesis gel agarosa*

Sampel DNA yang telah diamplifikasi dianalisis dengan melakukan elektroforesis menggunakan gel agarosa. Gel agarosa dengan konsentrasi 1,4% dibuat dengan mencampurkan bubuk agarose

sebanyak 0.56 g dalam TBE 40 ml (*Tris-Borate* EDTA). Gel agarosa direndam secara *sub marine* atau terendam seluruhnya dalam *running buffer* yaitu TBE. 10µL DNA hasil PCR dan penanda berat molekul yang terdiri dari 5µL buffer pemuat (*Loading buffer*) serta 3µl *Loading dye* dimasukkan kedalam sumur-sumur gel. Voltase yang digunakan untuk proses elektroforesis adalah 75 volt, dengan kuat arus 100 mA selama 90 menit.

#### Analisis data pita elektroforesis

Setiap pita yang tervisualisasi melalui elektroforesis merupakan representasi dari fragmen DNA yang teramplifikasi. Panjang fragmen DNA teramplifikasi tersebut dapat diketahui berdasarkan jarak migrasinya dengan membandingkannya dengan jarak migrasi DNA standar yang digunakan. Pita-pita diinterpretasikan sebagai data kualitatif berdasarkan kehadiran dan ketidakhadirannya. Kehadiran pita memiliki arti

numerik satu (1) sedangkan ketidakhadiran memiliki arti numerik nol (0). Pita yang dianalisis adalah pita yang dapat dibedakan secara nyata. Interpretasi pita-pita tersebut ditampilkan dalam sebuah matriks biner yang kemudian akan dianalisis lebih lanjut untuk mencari hubungan filogenetik antar sampel. Hubungan setiap sampel DNA kemudian ditentukan dengan menghitung indeks ketidaksamaannya berdasarkan data numerik pita yang teramplifikasi. Indeks ini dihitung dengan menggunakan program NTSYS-pc. Indeks ketidaksamaan dari perhitungan ini disusun dalam matriks ketidaksamaan antar setiap sampel.

### Hasil dan Pembahasan

Sebanyak 20 sampel mangrove dikoleksi dari Pulau Panjaringan, kawasan Ujung Kulon. Hasil identifikasi morfologi tersaji dalam Tabel 2.

**Tabel 2.** Hasil identifikasi morfologi koleksi sampel mangrove dari Pulau Panjaringan  
*Table 2. Morphological identification of mangroves collected from Panjaringan Island*

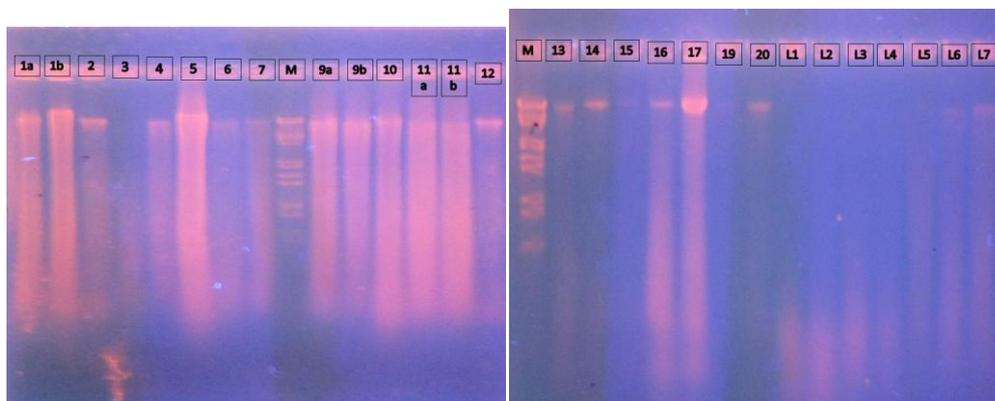
Sampel No :	Hasil Klasifikasi Morfologi :
1	<i>Bruguiera gymnorhiza</i>
2	Malapari (nama daerah)
3	<i>Soneratia alba</i>
4	<i>Ceriops decandra</i>
5	<i>Aegiceras corniculatum</i> (L.) Blanco
6	<i>Rhizophora mucronata</i>
7	<i>Xylocarpus moluscensis</i>
8	-tidak teridentifikasi-
9	Ki Getah (nama daerah)
10	<i>Avicennia marina</i>
11	<i>Bruguiera parviflora</i>
12	<i>Rhizophora stylosa</i>
13	<i>Excoecaria agallocha</i>
14	<i>Ceriops decandra</i>
15	Asem Kranji (nama daerah)
16	-tidak teridentifikasi-
17	-tidak teridentifikasi-
18	-tidak teridentifikasi-
19	<i>Soneratia sp</i>
20	<i>Heriteria littoralis</i>

Terhadap kedua puluh sampel mangrove tersebut kemudian dilakukan isolasi DNA genom. Metode yang dipakai dalam isolasi DNA yaitu metode CTAB (*Cationic Hexadecyl Trimethyl Ammonium Bromide*) dengan beberapa modifikasi. Jaringan dari mangrove yang diambil adalah jaringan daun. Isolasi DNA diawali dengan penggerusan daun dengan N<sub>2</sub> cair, yaitu pemecahan dinding sel

secara fisik. Proses isolasi DNA dilanjutkan dengan proses elektroforesis sebagai salah satu cara untuk menentukan kualitas isolat DNA. Elektroforesis dilakukan pada beda potensial 75 volt selama 90 menit dengan konsentrasi gel agarose 1,4%. Hal ini karena pada voltase dan waktu tersebut pita DNA dari hasil visualisasi sudah bisa terlihat pita DNAny dengan baik.

Hasil elektroforesis dilihat dibawah sinar UV dengan panjang gelombang 312 nm. Gel diwarnai dengan cara merendamnya dalam aquades yang mengandung *etidium-bromida* berfungsi untuk mengikat DNA sehingga DNA dapat berpendar bila disinari UV, dengan konsentrasi 5 µL/100 ml selama 10 menit, kemudian gel tersebut dicuci

dengan aquades selama 10 menit. Hasil elektroforesis kemudian divisualisasikan di sinar UV seperti pada Gambar 2. Hasil elektroforesis DNA Genom ini memperlihatkan pita yang bervariasi, dari yang cukup tebal sampai tidak terlihat.



**Gambar 1.** Visualisasi hasil isolasi DNA genom  
**Figure 1.** Visualisation of genomic DNA isolation

Setelah proses isolasi DNA selesai dilanjutkan dengan mengukur kemurnian dan konsentrasi DNA dengan spektrofotometer. Kemurnian DNA dilihat dari nilai rasio absorbansi  $A_{260}/280$  (R)

sedangkan konsentrasi DNA ditunjukkan dengan nilai konsentrasi (C). Pengamatan terhadap kemurnian dan konsentrasi DNA memberikan hasil seperti yang terlihat pada Tabel 3.

**Tabel 3.** Hasil pengukuran konsentrasi DNA genom  
**Table 3.** Genomic DNA concentration measurement

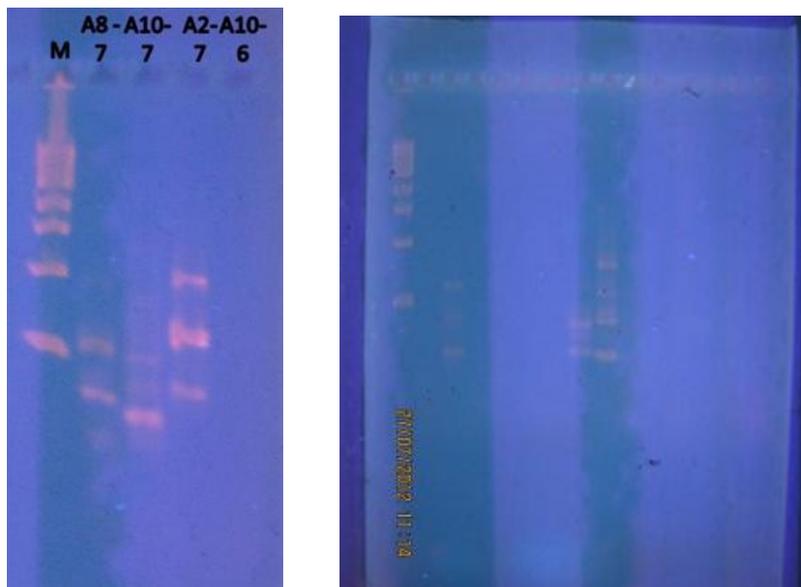
Sampel	Panjang Gelombang (nm)			Konsentrasi/C (µg/ml) x 50	Rasio Absorbansi (R)
	$A_{260}$	$A_{280}$	$A_{260}$		
1a	0,511	0,375	0,535	26,75	1,363
1b	0,779	0,603	0,778	38,90	1,292
2	0,626	0,525	0,624	31,20	1,192
3	0,429	0,354	0,427	21,35	1,212
4	0,160	0,102	0,140	7,00	1,569
5	0,713	0,472	0,700	35,00	1,511
6	0,121	0,069	0,093	4,65	1,754
7	0,070	0,036	0,047	3,00	1,944
9a	0,411	0,321	0,398	19,90	1,280
9b	0,168	0,120	0,160	8,00	1,400
10	0,214	0,114	0,203	10,15	1,877
11a	0,584	0,481	0,582	29,10	1,214
11b	0,747	0,610	0,734	36,70	1,225
12	0,103	0,062	0,084	4,20	1,661
13	0,109	0,072	0,158	7,90	1,514

14	0,067	0,033	0,068	3,40	2,030
15	0,258	0,188	0,238	11,90	1,372
16	0,036	0,016	0,044	2,20	2,250
17	0,255	0,171	0,245	12,25	1,491
19	0,104	0,067	0,102	5,10	1,552
20	0,641	0,548	0,641	32,05	1,170

Nilai konsentrasi dari hasil isolasi DNA genom yang telah dimurnikan (Tabel 3) menunjukkan konsentrasi pada rentang 2,20-38,90 µg/ml. Sampel yang memiliki konsentrasi terbesar adalah sampel 1a, sedangkan sampel dengan konsentrasi yang paling rendah adalah sampel 16. Konsentrasi yang dihasilkan berada dalam jumlah yang beragam bagi setiap sampel. Hal ini dapat terjadi karena dalam proses pengerjaan isolasi DNA yang tidak dapat dikontrol konsistensinya, sehingga konsentrasi DNA yang didapatkan berbeda-beda. Konsentrasi DNA yang tinggi akan dipergunakan sebagai template untuk PCR. Nilai konsentrasi (C) yang baik untuk PCR berkisar antara 0,5 sampai 6,5 µg/ ml (Wilkerson et al. 1993 dalam Haryanto 2005).

Tahapan selanjutnya setelah isolasi DNA adalah amplifikasi DNA atau disebut juga *Polymerase Chain Reaction* (PCR). PCR

merupakan suatu reaksi *in vitro* untuk menggandakan jumlah molekul DNA pada target tertentu dengan cara mensintesis molekul DNA baru yang berkomplemen dengan nukleotida target tersebut melalui bantuan enzim dan oligonukleotida sebagai *primer* dalam suatu *termocycler* (Muladno 2010). Pada penelitian ini digunakan DNA *template* dengan konsentrasi 5 ng/µl. jumlah ini sesuai dengan konsentrasi DNA *template* yang dipakai pada penelitian sebelumnya (Gurdebeke dan Maelfait 2002 dalam Haryanto 2005). Konsentrasi DNA *template* yang tepat akan menghasilkan produk amplifikasi yang baik. Adapun hasil amplifikasi pada tahap penelitian ini tersaji pada gambar 2.

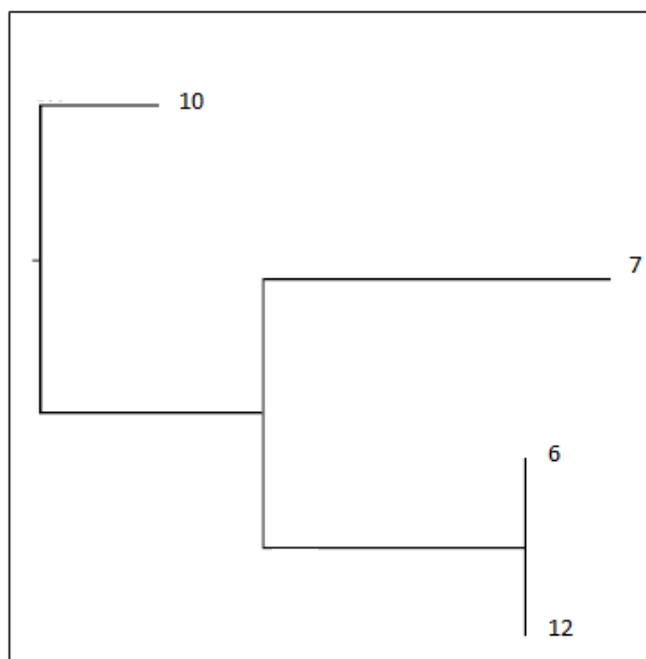


**Gambar 2.** Hasil amplifikasi DNA dengan variasi primer OPA  
*Figure 2.* DNA amplification results using OPA primers

Kehadiran dan ketidakhadiran larik DNA pada elektroferogram (Gambar 2) membentuk pola larik yang karakteristik. Pola larik dihasilkan karena adanya perbedaan urutan nukleotida pada tempat penempelan primer. Harris (1995) mengemukakan bahwa tempat penempelan primer terdistribusi secara random di sepanjang genom dan polimorfismenya pada daerah ini menghasikan produk amplifikasi yang berbeda-beda. Pola larik yang dihasilkan RAPD dapat terjadi karena adanya substitusi nukleotida yang dapat menciptakan atau menghilangkan tempat penempelan primer atau insersi, delesi pada daerah antar primer yang dapat mengubah ukuran fragmen yang dihasilkan (Black 1993, Caetano-Anolles 1996, William et al. 1993 dalam Harris 1995).

Gambar 2 menunjukkan pola larik hasil amplifikasi DNA. Pola larik tersebut diterjemahkan kedalam data numerik untuk dianalisis lebih lanjut. Larik yang hadir diterjemahkan ke dalam angka satu (1) dan larik yang tidak hadir diterjemahkan ke angka nol (0). Penerjemahan pola larik ke dalam data

numerik dilakukan tanpa membedakan intensitas (tebal tipisnya larik DNA), walaupun demikian ada beberapa peneliti beranggapan bahwa intensitas merupakan suatu karakter yang perlu diperhitungkan. Data numerik yang dihasilkan dihitung koefisien kesamaannya menggunakan koefisien kesamaan "simple matching". Koefisien kesamaan ( $C_{ij}$ ) memiliki nilai  $0,00 \leq C_{ij} \leq 1,00$  dengan pengertian bahwa nilai kesamaan mendekati angka 1,00 menunjukkan kedua objek yang dibandingkan identik atau sama sedangkan nilai kesamaan yang mendekati 0,00 menunjukkan kedua objek tidak identik atau tidak sama. Koefisien kesamaan simple matching memperhitungkan kehadiran dan ketidakhadiran larik pada dua objek yang dibandingkan. (Marmey 1994 dalam Haryanto 2005). Berdasarkan hasil perhitungan koefisien kesamaan *simple matching* tersebut dibangun fenogram dengan metode UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Averages*) menggunakan program NTSYS-pc. Hasil fenogram tersebut ditunjukkan pada Gambar 3 berikut ini.



**Gambar 3.** Fenogram kesamaan genetik hasil analisis UPGMA berdasarkan gabungan primer OPA-02 dan OPA-11

**Figure 3.** Phenogram schematic of genetic identity of UPGMA analysis using OPA-02 and OPA-11 primers pair

Berdasarkan fenogram hasil analisis UPGMA yang ditunjukkan pada Gambar 3 dengan menggunakan gabungan primer OPA-02 dan OPA 11, dari 20 isolat DNA genom yang berhasil di amplifikasi hanya 4, yaitu sampel 6, 7, 10, dan 12. Sampel 6 dan 12 termasuk ke dalam genus *Rhizophora* dari famili Rhizophoraceae, sampel 7 merupakan genus *Xylocarpus* dari famili Meliaceae, dan sampel 10 termasuk ke dalam genus *Avicennia* famili Verbenaceae.

### **Simpulan**

Berdasarkan hasil penelitian dan analisis data yang dilakukan ini maka dapat disimpulkan sebagai berikut :

1. Metode *Random Amplified Polymorphic DNA* (RAPD) dapat menghasilkan polimorfisme pada DNA genom dari beberapa jenis mangrove di P. Penjarangan, Kawasan Ujung Kulon.
2. Primer OPA 02 dan OPA 11 dapat digunakan untuk melihat polimorfisme jenis mangrove yang berbeda famili.
3. Keanekaragaman genetik pada beberapa jenis mangrove cukup tinggi, dan analisis Hubungan Filogenetik Molekuler Beberapa Jenis Mangrove di Pulau Penjarangan Kawasan Ujung Kulon tersebut memiliki hubungan yang tidak berbeda dengan klasifikasi morfologinya.

### **Daftar Pustaka**

Dahuri R, J. Rais, S.P.Ginting dan M.J. Sitepu. 1996. *Pengelolaan Sumberdaya Wilayah Pesisir dan Lautan Secara Terpadu*. Jakarta: P.T. Saptodadi.

Liu, Ben-H. 1998. *Statistical Genomic : Linkage, Mapping, and QTL Analysis*. CRC Press LCC, United States of America.

Muhamaze. 2008. *Mengenal Ekosistem Mangrove*. *Error! Hyperlink reference not valid.*

Muladno. 2010. *Teknologi Rekayasa Genetika Edisi Kedua*. IPB Press, Bogor.

Mulyani, Yuniar. 2003. *Isolasi dan Karakterisasi Mikrosatelit pada Mangga*. Thesis. Jurusan Biologi. Institut Teknologi Bandung. Tidak dipublikasi.

Sahoo, P., S. Jena, S. Mohanty & A. Bandhu Das. 2007. Molecular phylogenetic relationships among four species of the mangrove tree genus *Bruguiera* (Rhizophoraceae), as revealed by chromosome and RAPD markers *Rev. Biol. Trop. (Int. J. Trop. Biol. ISSN-0034-7744) Vol. 55 (2): 437-448.*

Saparinto, Cahyo. 2007. *Pendayagunaan Ekosistem Mangrove*. Semarang: Dahara Prize.

Setyawan, Ahmad Dwi, Ari Susilowati, dan Sutarno. 2002. *Biodiversitas Genetik, Spesies dan Ekosistem Mangrove di Jawa Petunjuk Praktikum Biodiversitas; Studi Kasus Mangrove*. Kelompok Kerja Biodiversitas Jurusan Biologi FMIPA Universitas Sebelas Maret Surakarta.

Susanto, Agus Hery. 2011. *Genetika*. Graha Ilmu. Yogyakarta.