

KERAGAMAN GENETIK RUMPUT LAUT *Eucheuma* spp. DARI SUKABUMI, JAWA BARAT BERDASARKAN METODE RAPD PCR

Putri Indah Ayuningrum*, Eddy Afrianto** dan Yuniar Mulyani**

*) Alumni Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan UNPAD

**) Staf Dosen fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan UNPAD

ABSTRAK

Informasi tentang keragaman genetik plasma nutfah sangat diperlukan untuk mendukung program pemuliaan dan upaya konservasi. Metode RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*) telah digunakan untuk mengetahui keragaman genetik rumput laut *Eucheuma* spp di Sukabumi, Jawa Barat. DNA dari sampel rumput laut jenis *Eucheuma* spp diisolasi menggunakan metode CTAB dan diamplifikasi dengan PCR-RAPD menggunakan dua primer acak yaitu OPA-02 (5'- TGCGGAGCTG -3') dan OPA-03 (5'- AGTCAGCCAC -3'). Aplikasi penggunaan primer OPA-03 lebih banyak menghasilkan larik polimorfik sehingga lebih sensitif. Penelitian ini menggunakan metode survei dengan analisis deskriptif kualitatif di laboratorium. Hasil visualisasi DNA dari kedua primer menunjukkan 119 pola larik yang terdiri dari 15 pola larik polimorfik dan 104 pola larik monomorfik. Pola larik tersebut diterjemahkan ke dalam bentuk data numerik (1/0). Program NTSYS-pc digunakan untuk membangun pohon filogenetik. Hasil pohon filogenik secara umum dari kedua primer diperoleh 2 kelompok besar. Kelompok pertama terdiri dari *Eucheuma cottonii* dan *Eucheuma serra*. Di kelompok kedua terdiri dari *Eucheuma denticulatum*. Secara umum keragaman genetik dari 9 sampel rumput laut *Eucheuma* spp dari Sukabumi, Jawa Barat memperlihatkan hubungan kekerabatan yang rendah. Populasi-populasi yang berdekatan mempunyai kecenderungan untuk membentuk satu sub-kelompok.

Kata kunci : *Eucheuma* spp, genetik, RAPD

ABSTRACT

GENETIC DIVERSITY OF MACROALGAE *Eucheuma* spp FROM SUKABUMI, WEST JAVA USING RAPD PCR

Information on genetic diversity in *Eucheuma* germplasm is necessary to support breeding programs and effort of conservation. RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) method had been used to identify the genetic relationship level of *Eucheuma* spp in Sukabumi, West Java. DNA samples from *Eucheuma* spp were isolated by using CTAB method then amplified with two random primers, OPA-02 (5'- TGCGGAGCTG -3') and OPA-03 (5'- AGTCAGCCAC -3'). Application of primer use OPA-03 generate more polymorphic array so that more sensitive. Survey with qualitative descriptive analysis in the laboratory was used in this research. The results of DNA visualization identified 119 bands consisted of 15 polymorphic bands and 104 monomorphic bands. All bands were developed and translated into numeric data (1/0). genetic relationship was used phylogenetic tree by using NTSYS-pc program. The phenogram results from two primers were clustered into 2 groups. The first group consisted of *Eucheuma cottonii* and *Eucheuma serra*. Second group consisted of *Eucheuma denticulatum*. In general, the genetic relationship among nine sample of macroalgae (*Eucheuma* spp) from Sukabumi, West Java were close. Adjacent populations had a tendency to form a sub-group.

Keyword : *Eucheuma* spp, genetic, RAPD

PENDAHULUAN

Rumput laut mempunyai keanekaragaman jenis yang sangat bervariasi dan mudah dijumpai hampir di seluruh perairan pantai Indonesia. Keragaman genetik serta varietas yang ada di Indonesia belum tertata dengan baik sebagai kekayaan milik bangsa. Maka dari itu identifikasi untuk mengetahui karakteristik genetik, sebagai koleksi varietas rumput laut dari beberapa sentra budidaya serta benih dari alam perlu dilakukan guna koleksi plasma nutfah rumput laut yang dilindungi dan dilestarikan.

RAPD merupakan salah satu penanda molekuler yang digunakan untuk mengevaluasi hubungan genetik populasi organisme. Informasi penggunaan penanda RAPD untuk analisis hubungan genetik antara *Eucheuma* hasil budidaya dan yang tumbuh liar di perairan Sukabumi, Jawa Barat belum pernah dilaporkan. Karena itu perlu dilakukan analisis hubungan genetik dalam upaya mendapatkan informasi genetik yang komprehensif mengenai potensi rumput laut jenis *Eucheuma* ini dalam rangka menambah informasi (database) keragaman genetik *Eucheuma* spp.

Tujuan dari penelitian ini adalah untuk mendapatkan informasi keragaman genetik dan melihat kekerabatan individu antar spesies melalui peta sidik jari (*fingerprint*) dari rumput laut jenis *Eucheuma* spp yang berasal dari kawasan budidaya dan liar yang terdapat Sukabumi, Jawa Barat dengan teknik RAPD PCR (*Random Amplified Polymorphic DNA - Polymerase Chain Reaction*).

BAHAN DAN METODE PENELITIAN

Penelitian dilakukan mulai dari bulan April sampai dengan Juni 2012. Sampel Rumput Laut diambil dari perairan Sukabumi, Jawa Barat. Analisis data dilakukan di Laboratorium Bioteknologi Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan Universitas Padjadjaran Jatinangor.

Penelitian menggunakan metode survei dengan analisis deskriptif kualitatif.

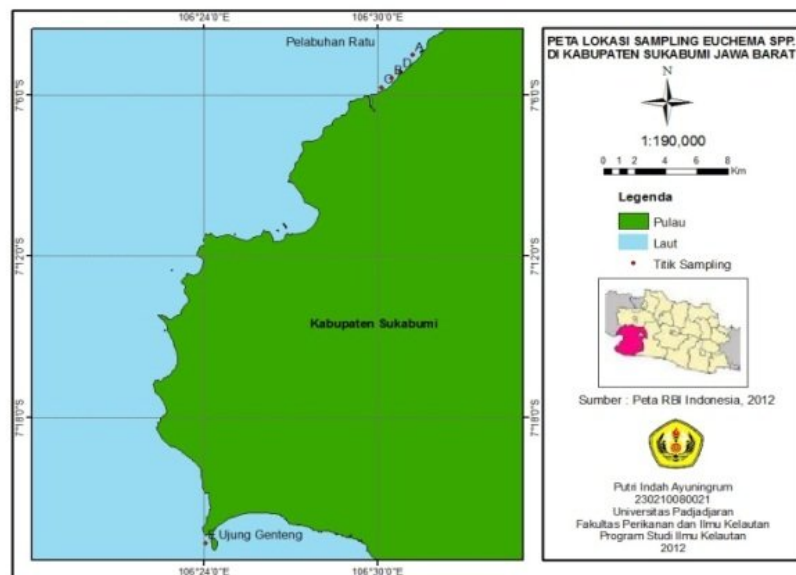
Penelitian dilakukan dalam beberapa tahap yakni pengambilan sampel, penelitian di laboratorium dan selanjutnya analisis data. Sebelum pelaksanaan penelitian ini dilakukan uji pendahuluan guna menentukan primer yang akan digunakan untuk siklus PCR dengan jenis sampel rumput laut *Eucheuma* spp.

Bahan penelitian : Sampel rumput laut, larutan preservasi {Ethanol : gliserol (4:1)}, akuades, es batu, buffer CTAB (*Cationic Hexadecyl Trimethyl Ammonium Bromide*), merkaptotanol, kloroform : isoamilalkohol (24:1), Isopropanol, fenol (P) : kloroform (C) : isoamilalkohol (I) 25 : 24 : 1, Ethanol 80% dingin, TE 10:1 (1mM Tris-HCL, 0,1mM EDTA, pH 8), *Go Taq® green master mix* (Promega), primer RAPD OPA-02, OPC-03, OPC-04, OPA-13, OPA-15, DNA template, *nuclease free water* (NFW), gel agarose, *loading dye*, larutan tris borate EDTA (TBE), ethidium bromide (EtBr), lamda DNA / EcoR I / Hind III Markers, 1kb Ladder Marker, buffer pemuat (*loading buffer*).

Alat penelitian : botol film, gunting, kamera, *cool box*, plastik bening, alat tulis, label, GPS, Termometer, *autoclave*, *eppendorf*, *microtube*, rak mikrotube, mortar/penggerus, pinset, *centrifuge*, *water bath*, mikropipet dan mikrotips, *vortex-mixer*, kulkas/freezer, *timer*, timbangan analitik, gelas ukur, erlenmeyer, spatula, *mesin thermal cycler*, cetakan agarose, *hot plate magnetic stirrer*, alat elektroforesis, *power supply*, *ultraviolet illuminator*, wadah gelap dan tertutup, sendok pipih, kamera digital, komputer.

Sampling

Tempat pengambilan sampel (Gambar 1) dilakukan pada lima titik sampling yang ada di perairan Sukabumi, Jawa Barat dengan metode purposive sampling. Pada proses pengambilan sampel, jaringan target yakni berupa bagian ujung cabang dari tubuh rumput laut sekitar + 8cm, dipotong dan dimasukkan ke dalam botol plastik yang sudah berisi larutan preservasi (campuran etanol dengan gliserol 4:1).



Gambar 1. Peta Lokasi Pengambilan Sampel di Kabupaten Sukabumi

Titik Lokasi Pengambilan Sampel :

- Lokasi (A) : Rumput Laut Budidaya 1 (Kp Pamipiran) S : 07°04'55,6" & E : 106°30'59,9"
- Lokasi (B) : Rumput Laut Budidaya 2 (Kp Sagorayang) S : 07°05'17,8" & E : 106°30'33,2"
- Lokasi (C) : Rumput Laut Budidaya 3 (Kp Cipeundeuy) S : 07°05'40,2" & E : 106°30'20,1"
- Lokasi (D) : Rumput Laut Liar 4 (Kp Pamipiran) S : 07°04'59,2" & E : 106°31'64,9"
- Lokasi (E) : Rumput Laut Liar 5 (Ujung Genteng) S : 07°22'40,6" & E : 106°24'04,9"

Isolasi DNA rumput laut menggunakan metode CTAB (*Cationic Hexadecyl Trimethyl Ammonium Bromide*) yang telah dimodifikasi (Mulyani 2011). Tahapan Isolasi DNA yaitu pemecahan sel, ekstraksi DNA, presipitasi DNA, dan pencucian DNA. Untuk mengetahui keberhasilan metode ekstraksi yang digunakan, campuran 5µL genom DNA dan 3µL loading dye dielektroforesis dalam 1,4% gel agarose dalam 10x TBE (Tris-Boric acid-EDTA) pada tegangan 50 volt. Gel distaining dengan 5 µg/100mL larutan ethidium bromida. Marker Lambda DNA/EcoRI + HindIII digunakan sebagai standar marker genom DNA yang diekstraksi.

Berdasarkan uji pendahuluan skrining primer yang sesuai, dua primer

(OPA-02 dan OPA-03) yang memperlihatkan amplifikasi DNA yang bersih dipilih untuk digunakan pada semua sampel. Amplifikasi PCR dalam 12,5µl Go Taq® Green Master Mix (Promega), 1µl Primer RAPD 25 pmol, 2µl DNA sampel sebagai template, dan *nuclease free water* steril sampai volume total 25µl yang diprogram berlangsung sebanyak 44 siklus setelah pra-PCR selama 5 menit 94°C untuk denaturasi, 60 detik 37°C untuk annealing, hingga pra-PCR diakhiri dengan 120 detik 72°C untuk extension. Sementara untuk siklus PCR masing-masing siklus terdiri dari: 5 detik 94°C untuk denaturasi, 30 detik 35°C untuk penempelan primer pada DNA cetakan, dan 50 detik 72°C untuk pemanjangan fragmen DNA. Reaksi amplifikasi diakhiri dengan pasca-PCR selama 5 menit 72°C.

Marker Lambda DNA/EcoRI + HindIII dan 1kb DNA Ladder digunakan sebagai standard untuk menentukan ukuran fragmen hasil amplifikasi genom DNA. Untuk mengetahui keberhasilan amplifikasi DNA masing-masing primer yang dicobakan, 6 µL hasil PCR dielektroforesis pada 1,4% agarose gel dalam 10xTBE buffer selama 60 menit pada tegangan 75 volt. Gel distaining dengan ethidium bromida pada konsentrasi 5 µg/100mL. Hasil yang diperoleh diamati di bawah UVtransluminator dan didokumentasikan dengan dokumentasi digital.

Setiap pita DNA hasil amplifikasi pada laju elektroforesis tertentu dianggap sebagai satu lokus, sehingga pita DNA yang sama dari beberapa individu tanaman diinterpretasikan sebagai satu lokus yang homolog. Lokus tersebut diubah ke dalam bentuk data biner dengan memberi nilai satu (1) jika pita ada dan nol (0) jika tidak ada pita.

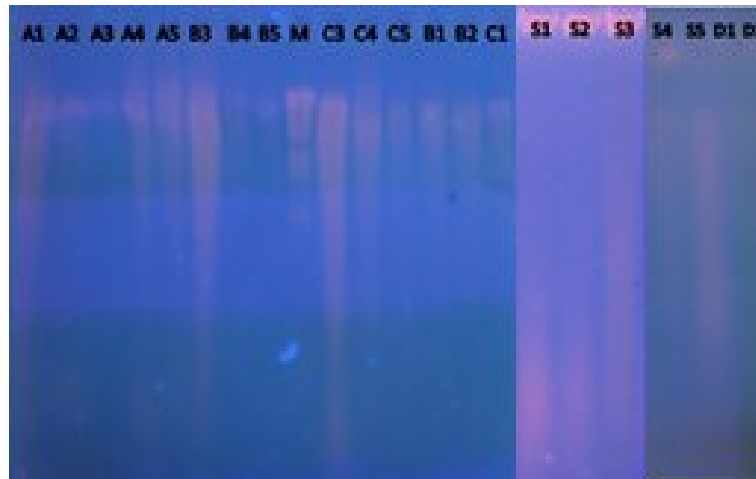
Hubungan setiap sampel DNA kemudian ditentukan dengan menghitung indeks kesamaannya berdasarkan data numerik larik yang teramplifikasi. Indeks kesamaan ini dimasukkan kedalam program komputer *Numerical Taxonomy*

and Multivariate Analysis System (NTSYS-pc) dan dihitung menggunakan koefisien Simple Matching (SM) sehingga menghasilkan matriks kemiripan genetik.

HASIL DAN PEMBAHASAN

Total 22 Genom rumput laut jenis *Eucheuma* spp diisolasi dengan metode CTAB (*Cationic Hexadecyl Trimethyl Ammonium Bromide*) yang telah dimodifikasi (Rogers et al. 1997 dalam Mulyani 2011).

- Isolasi DNA Genom



Gambar 1. Elektrofenogram DNA sampel *Eucheuma* spp.

Keterangan :

- A1-A5: Sampel *Eucheuma cottonii* dari lokasi budidaya 1
- B1-B5 : Sampel *Eucheuma cottonii* dari lokasi budidaya 2
- C1-C5 : Sampel *Eucheuma cottonii* dari lokasi budidaya 3
- S1-S5: Sampel *Eucheuma serra* yang tumbuh liar di lokasi 1
- D1-D2: Sampel *Eucheuma denticulatum* yang tumbuh liar di lokasi 2

Berdasarkan elektrofenogram hasil isolasi DNA (Gambar 1) terlihat adanya "smear" pada hasil elektroforesis, artinya DNA masih belum murni atau terjadi degradasi DNA. Ketidakmurnian DNA

tersebut terjadi karena masih banyak kontaminan yang belum tercuci saat ekstraksi DNA. Karena kurang bagusnya kualitas DNA yang didapat saat pengambilan sampel yakni terdegradasinya DNA yang menyebabkan DNA jadi terpotong sehingga ukuran DNA menjadi sangat beragam. Untuk memastikan kualitas DNA dilakukan pengukuran kemurnian dan konsentrasi DNA dengan spektrofotometer. Pengamatan terhadap kemurnian dan konsentrasi DNA spektrofotometer (Tabel 1)

Tabel 1. Hasil Spektrofotometri DNA *Eucheuma* spp.

Sampel	Panjang Gelombang (nm)		Konsentrasi/ C (µg/ml) (50x)	Konsentrasi/ C (µg/ml)	Rasio Absorbansi (R)
	A ₂₆₀	A ₂₈₀			
A1	0,106	0,061	5,350	267,5	1,738
A2	0,101	0,064	4,900	245	1,578
A3	0,069	0,035	3,250	162,5	1,971
A4	0,130	0,084	6,200	310	1,548
A5	0,087	0,041	4,050	202,5	2,122
B1	0,041	0,017	3,450	172,5	2,412
B2	0,302	0,231	14,85	742,5	1,307
B3	0,142	0,085	6,750	337,5	1,671
B4	0,141	0,093	6,800	340	1,516
B5	0,161	0,094	7,750	387,5	1,713
C1	0,082	0,051	3,950	197,5	1,608
C2	0,159	0,107	7,850	392,5	1,486
C3	0,141	0,088	6,850	342,5	1,602
C4	0,118	0,070	5,850	292,5	1,686
C5	0,096	0,060	4,550	227,5	1,600
S1	0,091	0,052	4,500	225	1,750
S2	0,147	0,082	7,150	357,5	1,793
S3	0,143	0,110	7,050	352,5	1,300
S4	0,061	0,034	2,650	132,5	1,794
S5	0,152	0,075	7,650	382,5	2,027
D1	0,059	0,037	2,900	145	1,595
D2	0,086	0,071	4,200	210	1,211

Nilai konsentrasi hasil isolasi DNA genom menunjukkan konsentrasi pada rentang 132,5-742,5µg/ml. Sampel yang memiliki konsentrasi terbesar yaitu 742,5µg/ml adalah sampel B2, sedangkan sampel dengan konsentrasi yang paling rendah adalah sampel S4 dengan konsentrasi DNA sebesar 132,5µg/ml. 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 baik dalam hal berat sampel yang digunakan hingga dalam proses pengerjaannya, sehingga konsentrasi DNA yang didapatkan berbeda-beda.

Berdasarkan nilai rasio absorbansi DNA kemurnian DNA rumput laut yang didapatkan juga cukup beragam. Nilai rasio tersebut berkisar antara 1,211-2,412. Keanekaragaman nilai rasio ini dapat disebabkan adanya perbedaan kondisi pada tahap ekstraksi saat isolasi DNA.

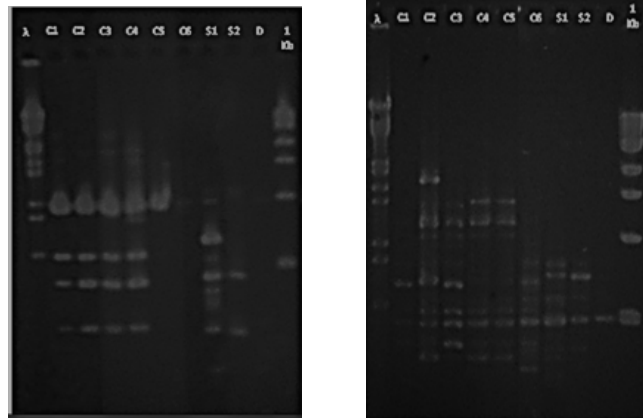
Menurut Sambrook et al. (1989), nilai R di bawah 1,8 menandakan sampel DNA yang diperoleh dikotori oleh protein, sementara nilai R di atas 2,0 menandakan sampel DNA masih belum murni dari pengotor RNA. Dari hasil elektrofenogram dan pengukuran nilai konsentrasi juga pengukuran nilai kemurnian DNA tadi, sudah dapat dianggap cukup baik untuk dilakukan proses selanjutnya yaitu Amplifikasi PCR.

- Amplifikasi DNA

Dari total 22 sampel yang diisolasi, digunakan 9 sampel, sampel dengan kode sampel A1, A3, B3, B4, C1, C5, S4, S5 dan D2 untuk dilakukan proses amplifikasi DNA, yang terdiri dari 6 sampel *Eucheuma* perairan budidaya dan 3 sampel *Eucheuma* yang tumbuh liar. Hal ini dikarenakan hanya 9 sampel saja yang dapat menghasilkan pita polimorfik terhadap siklus PCR dan primer yang digunakan pada penelitian ini. Hal lain

yang melatarbelakangi yakni karena memang pada dasarnya sampel rumput laut ini tergolong sampel yang memiliki cukup banyak kontaminan, kontaminan terbesarnya yakni polisakarida, senyawa fenolik yang mengakibatkan tidak stabilnya hasil amplifikasi DNA pada semua sampel sehingga perlu dilakukan berulang kali optimasi PCR dengan perubahan siklus PCR dan skrining primer hingga didapatkan hasil pita DNA yang polimorfik pada semua sampel.

Primer yang digunakan pada penelitian ini berasal dari Operon Technology yaitu primer OPA-02 dan OPA-03. karena memberikan karakter yang lebih optimal berupa kenampakan hasil amplifikasi yang baik untuk digunakan dalam analisis hubungan kekerabatan. Hasil amplifikasi DNA dengan dua primer tersebut memiliki ukuran fragmen DNA berkisar antara 36-1.071 bp (OPA-02) dan 153 – 2.368 bp (OPA-03).



Gambar 3. Hasil Amplifikasi DNA Primer OPA-2 (kiri) & OPA-03 (kanan)

Proses amplifikasi baik menggunakan primer OPA-02 maupun OPA-03, keduanya menghasilkan produk amplifikasi untuk semua sampel setelah melalui tahapan optimasi PCR. Perbedaan komposisi basa pada primer menghasilkan perbedaan fragmen yang teramplifikasi. Setiap pasangan primer pada sampel jenis *Eucheuma cottonii* mampu menghasilkan pola pita yang spesifik untuk setiap sampel sehingga dapat digunakan sebagai identitas sampel, begitu pula pada pola pita sampel *Eucheuma serra* dan

Eucheuma denticulatum. Perbedaan pola pita dapat menggambarkan perbedaan genetik pada setiap sampel *Eucheuma* spp. Perbedaan pola pita ini dapat ditunjukkan dalam perbedaan jumlah pita yang dihasilkan oleh setiap primer. Dari total 119 pita DNA yang dihasilkan, diperoleh 47 pita DNA oleh primer OPA-2 dan 72 pita DNA oleh primer OPA-3. Dengan kata lain primer OPA-03 lebih sensitif dalam mengopi pasang basa pada setiap pita RAPD pada sampel *Eucheuma* spp dibandingkan dengan primer OPA-2

Primer	Urutan 5' 3'	Jumlah Pola Larik			
		Polimorfik		Monomorfik	
OPA-2	TGCGGAGCTG	5	10 %	42	90 %
OPA-3	AGTCAGCCAC	10	14%	62	86 %

Larik polimorfis yang didapatkan tidak dapat dijadikan dasar perbandingan karakter fenotipe secara langsung, melainkan harus dikombinasikan dengan data morfologis (Mba Thome 2005 dalam Agustian 2008)

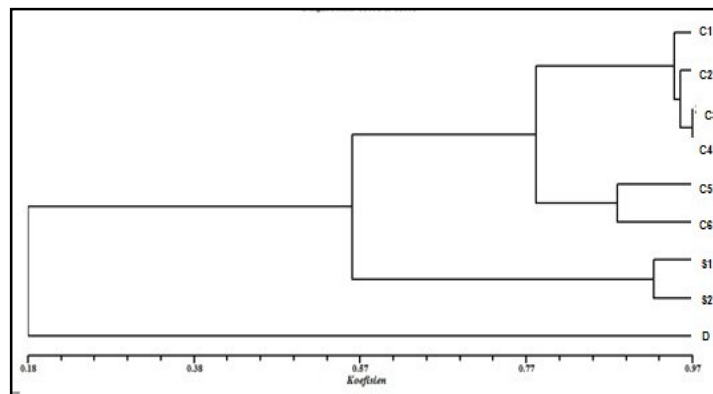
- Analisis Keanekaragaman Genetik *Eucheuma* spp di Perairan Sukabumi

Pita DNA hasil amplifikasi DNA diterjemahkan ke dalam data numerik untuk dianalisis lebih lanjut. Pita DNA yang hadir diterjemahkan ke dalam angka

satu (1) dan pita DNA yang tidak hadir diterjemahkan ke angka nol (0) (Lampiran 6 dan 7). Kemudian data numerik yang dihasilkan, dihitung dari 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 pita DNA pada dua objek yang dibandingkan (Marmey 1994 dalam Haryanto 2005 dalam Rafsanjani 2011).

Berdasarkan hasil perhitungan koefisien kesamaan *Simple Matching* tersebut dibangun pohon filogenik dengan metode UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Averages*) menggunakan program NTSYS-pc.



Gambar 4. Pohon filogenik kesamaan genetik hasil analisis UPGMA menggunakan primer OPA-2 & OPA-3

Pada pohon filogenik data gabungan hasil interpretasi pita dengan primer OPA-2 dan primer OPA-3 didapatkan hasil yang lebih menegaskan bahwa jenis *Eucheuma serra* dan *Eucheuma cottonii* tergabung dalam satu kelompok dengan kesamaan genetiknya terletak pada indeks koefisien 0,57. Sedangkan jenis *Eucheuma denticulatum* berada di kelompok yang terpisah dari kedelapan sampel yang lain.

Dari hasil analisis kesamaan genetik diatas juga menunjukkan adanya hubungan kekerabatan dan variasi genetik antar sampel. Hal ini terbukti dengan adanya beberapa sampel yang memiliki hubungan kekerabatan yang relatif dekat dengan nilai koefisien tertinggi berkisar 0,57 yaitu sampel C1, C2, C3, C4, C5, C6, S1 dan S2. Juga pada sampel C1, C2, C3, C4 memiliki nilai koefisien ini mendekati 1 artinya keempat sampel tersebut menunjukkan hasil yang hampir identik.

Berdasarkan hasil pohon filogenik, secara garis besar pengelompokan memperlihatkan hubungan keragaman yang rendah. Populasi-populasi yang berdekatan mempunyai kecenderungan

untuk membentuk satu sub-kelompok artinya pengelompokan menunjukkan bahwa semakin dekat jarak lokasi suatu populasi maka jarak genetik antar populasi tersebut semakin dekat, misalnya pada sampel *Eucheuma cottonii* (budidaya) memiliki nilai kesamaan genetik yang dekat dengan *Eucheuma serra*. Karena sampel *Eucheuma serra* sendiri memang didapatkan dari lokasi yang terbilang cukup dekat dengan lokasi rumput laut budidaya, jadi walaupun rumput laut budidaya ini bibit awalnya berasal dari Pulau Seribu namun kedekatan genetiknya dari sampel rumput laut asli di wilayah periaran Sukabumi dapat dikatakan cukup dekat indeks koefisien yang terlihat yakni pada kesamaan genetik dengan nilai 0,57. Salah satu pola perkembangbiakan rumput laut yang berupa vegetatif yang salah satunya juga melalui penyebaran spora, memungkinkan terjadinya penempelan spora pada bagian tubuh rumput laut yang lokasinya saling berdekatan sehingga memunculkan kesamaan genetiknya yang cukup dekat. Sedangkan *Eucheuma denticulatum* sendiri yang didapatkan dari

lokasi yang cukup jauh dari lokasi sampling *Eucheuma serra* dan *E. Cottonii* namun masih berada dalam satu genus dengan jenis *Eucheuma* lainnya memiliki nilai koefisien atau nilai kesamaan genetik yang jauh yakni dengan nilai 0,18.

KESIMPULAN

Berdasarkan hasil penelitian ini maka dapat disimpulkan sebagai berikut:

1. Metode "Random Amplified Polymorphic DNA" dapat digunakan untuk melihat keragaman genetik rumput laut jenis *Eucheuma spp* yang didapatkan dari lokasi budidaya dan perairan Sukabumi, Jawa Barat.
2. Jumlah larik polimorfik yang dihasilkan primer OPA-03 lebih banyak dibanding primer OPA-2, sehingga lebih sensitif.
3. Rumput laut dari lokasi budidaya yakni *Eucheuma cottonii* memiliki kesamaan genetik yang cukup dekat dengan rumput laut yang tumbuh liar di perairan Sukabumi yakni dengan jenis *Eucheuma serra*, keduanya memiliki indeks kesamaan genetik sebesar 0,57 dan memiliki indeks kesamaan yang cukup jauh dengan *Eucheuma denticulatum* yakni sebesar 0,18.

DAFTAR PUSTAKA

- Cocon. 2010. Status Rumput Laut Indonesia Peluang dan Tantangan. http://www.aquaculturemai.org/index.php?option=com_content&view=article&id=144:status-rumput-laut-indonesia-peluang-dan-tantangan&catid=1:latest-news. Diunduh pada tanggal 12 Maret 2012
- Ho, C., Phang, S., dan Pang, T. 2007. Application of polymerase chain reaction (PCR) using random amplified polymorphic DNA (RAPD) primers in the molecular identification of selected Sargassum species (Phaeophyta, Fucales). *European Journal of Phycology*, 30:4, 273-280.
- Ho, C., Wong, T. 2007. Analyses of Expressed Sequence Tags From Sargassum Bineri (Phaeophyta). *Journal of Applied Phycology*. 43, 528-534.
- Mulyani, Y. 2003. Isolasi dan Karakterisasi Mikrosatelit pada Mangga (*Mangifera indica* L.). Tesis. Institut Teknologi Bandung.
- Parenrengi, A., Sulaeman, E. Suryati dan A. Tenriulo, 2004. Variasi genetik rumput laut *Kappapycus alvarezii* yang dibudidayakan di Sulawesi Selatan. Laporan hasil penelitian Balai Riset Perikanan Budidaya Air Payau, 17 pp.
- Rafsanjani, A. 2011. Analisis Keragaman Genetik Ikan Mas (*Cyprinus Carpio*) di Waduk Saguling Dengan Menggunakan Metode RAPD PCR. Skripsi. Fakultas Perikanan dan Ilmu Kelautan Universitas Padjajaran.
- Rohlf, F.J. 1997. NTSYS-pc. Numerical taxonomy and multivariate analysis. Version 2.0. New York: Exeter Software.
- Suryati, E., A. Tenriulo, B.R Tampangalo. 2010. Pelestarian Plasma Nutfah Rumput Laut *Kappaphycus alvarezii* (Doty). Melalui Induksi Kalus dan Emriogenesis Secara Invitro. Laporan Hasil Penelitian Balai Riset Perikanan Budidaya Air Payau, 17 pp.
- Tingery, S.V., J.A. Rafalski, and J.G.K. Williams. 1992. Genetic analysis with RAPD markers, hlm. 3-8. Di dalam: Application of RAPD Technology to Plant Breeding. Joint Plant Breeding Symposia Series CSSA/ASHS/AGA. Minneapolis, 1 November 1992.
- Tjitroesmi, E. 2007. Potensi dan Pemanfaatan Hasil Sumber daya Ekonomi Budidaya Rumput Laut. *Jurnal Pusat Penelitian Ekonomi-Lembaga Ilmu Pengetahuan Indonesia*, 43-54.

- Wong, C.L, Gan, S.Y., Phang, S.M. 2004. Morphological and Molecular Characterisation and Differentiation of *Sargassum baccularia* and *S.polycystum* (Phaeophyta). *Journal of Applied Phycology*. 16 : 439-445
- Yuwono, T. 2005. *Biologi Molekuler*. Penerbit Erlangga. Jakarta
- Yuwono, T. 2006. *Teori dan Aplikasi Polymerase Chain Reaction*. Penerbit ANDI. Yogyakarta