

INTISARI

Merbau (*Intsia spp.*) merupakan salah satu kayu perdagangan utama yang dikategorikan dalam Kelompok Komersial Satu, sejajar dengan kayu premium seperti Agathis, Bangkirai, dan Dipterocarpaceae. Merbau mempunyai status kelas khusus dan produksinya di Indonesia didominasi dari hutan alam Papua. Kayu Merbau (*Intsia spp.*) adalah kayu tropis bernilai tinggi untuk konstruksi dan ekspor, namun populasinya menurun drastis akibat eksploitasi berlebihan, pertumbuhan yang lambat, regenerasi rendah, pembalakan liar, serta alih fungsi hutan. Penurunan ini menegaskan pentingnya pengelolaan dan konservasi sumber daya genetik Merbau secara berkelanjutan, baik *in situ* maupun *ex situ*, guna menjaga kelestariannya.

Penelitian ini bertujuan a) mengkaji komposisi vegetasi, pola sebaran dan regenerasi Merbau pada areal PUP hutan alam primer dan hutan alam sekunder bekas tebangan; b) mengkaji penggunaan penanda mikrosatelit sebagai penghasil alel privat untuk mengidentifikasi jenis-jenis Merbau melalui uji amplifikasi silang, dan c) menganalisis keragaman genetik dan struktur populasi *Intsia bijuga* yang tumbuh di berbagai hutan alam di Indonesia.

Data vegetasi dikumpulkan dari areal Petak Ukur Permanen (PUP) hutan alam primer dan hutan alam sekunder bekas tebangan yang berada di wilayah konsesi PT Wijaya Sentosa, Wasior, Papua Barat. Sampel untuk analisis molekuler diambil dari sampel daun Merbau yang terdiri dari sampel referensi dan sampel populasi. Sampel referensi adalah sampel daun dari tiga jenis Merbau yang berbeda dari Kebun Raya Bogor Indonesia yang sudah divalidasi identitasnya oleh ahli taksonomi. Sampel populasi adalah sampel daun dari *Intsia bijuga* yang diambil dari beberapa lokasi di Papua (Jayapura, Yapen, Fakfak, Kaimana, Biak, Merauke), Sulawesi (Buton), dan Maluku (Kepulauan Tanimbar). Penanda mikrosatelit yang digunakan adalah sepuluh pasang penanda mikrosatelit yang sebelumnya dikembangkan untuk *Intsia palembanica* di Malaysia.

Kajian komposisi vegetasi dan pola sebaran Merbau pada areal hutan alam primer dan hutan alam sekunder bekas tebangan dilakukan dengan mengumpulkan data pengukuran vegetasi dari semua PUP. Metode analisis data yang digunakan yaitu penghitungan indeks kekayaan jenis (Indeks Margalef), indeks keanekaragaman jenis (Indeks Shannon-Wiener) dan indeks kemerataan jenis (*Evenness*). Studi pola sebaran Merbau dianalisis menggunakan penghitungan Indeks Dispersi.

Penelitian menggunakan penanda DNA mikrosatelit menggunakan metode isolasi DNA-CTAB. Proses PCR dilakukan pada GeneAmp 9700 dengan pre-denaturasi 94°C, diikuti 10 siklus *touch-down*, 35 siklus standar, dan post-extension 72°C sebelum disimpan 4°C. Fragmen DNA dianalisis dengan ABI 3730xl, diproses menggunakan GeneMarker, Peak Scanner, dan GeneMapper. Keragaman genetik dihitung dengan GenAlEx 6.5 (Na, Ne, Ho, He, F, PIC, gene flow, AMOVA, PCoA). Struktur populasi dan kekerabatan dianalisis dengan

POPTREEW dan NTSys, sedangkan STRUCTURE digunakan untuk mengidentifikasi populasi, migrasi, dan variasi genetik.

Hasil penelitian vegetasi menunjukkan tidak adanya jenis yang dominan secara konsisten di seluruh plot pengamatan, dengan *Intsia spp.* ditemukan tumbuh bersama berbagai jenis tanaman lain. Secara keseluruhan, terdapat 56 jenis tumbuhan dari 29 famili teridentifikasi dari semua PUP yang diamati. Hutan alam primer menunjukkan kerapatan individu yang lebih tinggi dibandingkan hutan alam sekunder bekas tebangan. Meskipun jumlah anakan *Intsia* lebih banyak di hutan alam primer dibandingkan di hutan alam sekunder bekas tebangan, namun tingkat regenerasi secara umum masih tergolong rendah. Pola sebaran tegakan *Intsia* memperlihatkan pola mengelompok di seluruh plot pengamatan.

Teknik amplifikasi silang penanda mikrosatelit berhasil diaplikasikan untuk analisis lintas jenis dalam genus *Intsia*. Analisis alel menunjukkan keberadaan alel privat yang terbukti mampu digunakan sebagai karakter diagnostik untuk membedakan tiga jenis Merbau yaitu *I. bijuga*, *I. palembanica*, dan *I. acuminata*.

Populasi *I. bijuga* menunjukkan tingkat keragaman genetik yang tinggi. Hasil analisis lebih lanjut menjelaskan tentang adanya indikasi perkawinan kerabat, tetapi masih tersedia basis genetik yang luas untuk mendukung upaya konservasi dan pemuliaan melalui pendekatan silvikultur. Sebagian besar variasi genetik ditemukan dalam individu (57%), diikuti oleh variasi antar individu dalam populasi (35%), dan antar populasi dalam satu wilayah (6%). Variasi antar wilayah (region) hanya sebesar 2% dari total variasi, namun perbedaan ini signifikan secara statistik, yang mengindikasikan adanya struktur genetik yang terpisah secara geografis. Analisis struktur populasi yang dilakukan secara konsisten menunjukkan adanya tiga klaster genetik utama *I. bijuga* di Indonesia: (1) klaster Jayapura, (2) klaster Maluku, dan (3) klaster gabungan yang terdiri dari dua sub-klaster yaitu Yapen–Buton dan Biak–Fakfak–Kaimana–Merauke.

Kata Kunci

Intsia spp., Merbau, penanda mikrosatelit, karakter diagnostik, keragaman genetik.

ABSTRACT

Merbau (Intsia spp.) is a major commercial timber species categorized as Commercial Group One, alongside premium timbers such as Agathis, Bangkirai, and Dipterocarpaceae. Merbau holds special class status, and its production in Indonesia is dominated by the natural forests of Papua. Merbau (Intsia spp.) is a highly valuable tropical timber for construction and export, but its population has declined drastically due to overexploitation, slow growth, low regeneration, illegal logging, and forest conversion. This decline underscores the importance of sustainable management and conservation of Merbau genetic resources, both in situ and ex situ, to ensure their sustainability.

This study aims to a) assess the vegetation composition, distribution patterns, and regeneration of Merbau in primary and secondary logged-over forest areas; b) assess the use of microsatellite markers as generators of private alleles to identify Merbau species through cross-amplification tests; and c) analyze the genetic diversity and population structure of Intsia bijuga growing in various natural forests in Indonesia.

Vegetation data were collected from Permanent Measurement Plots (PUP) of primary and secondary logged-over forests within the concession area of PT Wijaya Sentosa, Wasior, West Papua. Samples for molecular analysis were taken from Merbau leaf samples, consisting of reference samples and population samples. The reference samples were leaf samples from three different Merbau species from the Bogor Botanical Gardens in Indonesia, whose identities had been validated by taxonomists. The population samples were leaf samples of Intsia bijuga collected from several locations in Papua (Jayapura, Yapen, Fakfak, Kaimana, Biak, Merauke), Sulawesi (Buton), and Maluku (Tanimbar Islands). The microsatellite markers used were ten pairs of microsatellite markers previously developed for Intsia palembanica in Malaysia.

The study of vegetation composition and distribution patterns of Merbau in primary and secondary logged-over forests was conducted by collecting vegetation measurement data from all PUPs. The data analysis methods used were the calculation of the species richness index (Margalef Index), the species diversity index (Shannon- Wiener Index), and the species evenness index (Evenness). The study of Merbau distribution patterns was analyzed using the Dispersion Index calculation.

The study used microsatellite DNA markers using the DNA-CTAB isolation method. PCR was performed on a GeneAmp 9700 with pre-denaturation at 94°C, followed by 10 cycles of touch-down, 35 cycles of standard, and post-extension at 72°C before storage at 4°C. DNA fragments were analyzed with an ABI 3730xl and processed using GeneMarker, Peak Scanner, and GeneMapper. Genetic diversity was calculated with GenAlEx 6.5. Population structure and kinship were analyzed using POPTREEW and NTSys, while STRUCTURE was used to identify populations, migration, and genetic variation. Vegetation studies revealed no consistently dominant species across all observation plots, with Intsia spp. found growing alongside various other plant species. Overall, 56 plant species from 29

*families were identified across all observed PUPs. Primary natural forests exhibit higher individual densities than logged-over secondary natural forests. Although the number of *Intsia* seedlings is higher in primary natural forests than in logged-over secondary natural forests, the overall regeneration rate remains relatively low. The distribution pattern of *Intsia* stands exhibits a clustered pattern across all observation plots.*

*The cross-amplification technique of microsatellite markers was successfully applied for cross-species analysis within the genus *Intsia*. Allelic analysis revealed the presence of private alleles that proved capable of being used as diagnostic characters to differentiate three Merbau species: *I. bijuga*, *I. palembanica*, and *I. acuminata*.*

*The *I. bijuga* population exhibited high levels of genetic diversity. Further analysis indicated inbreeding, but a broad genetic base remains available to support conservation and breeding efforts through silvicultural approaches. Most genetic variation was found within individuals (57%), followed by variation between individuals within populations (35%), and between populations within a region (6%). Variation between regions accounted for only 2% of the total variation, but this difference was statistically significant, indicating the presence of geographically distinct genetic structures. Population structure analysis consistently shows the existence of three main genetic clusters of *I. bijuga* in Indonesia: (1) the Jayapura cluster, (2) the Maluku cluster, and (3) a combined cluster consisting of two sub-clusters, namely Yapen–Buton and Biak–Fakfak–Kaimana–Merauke.*

Keywords

Intsia spp., Merbau, microsatellite markers, diagnostic character, genetic diversity