

## VARIASI GENETIK GAHARU (*Gyrinops versteegii* (Gilg.) Domke) BERDASARKAN PENANDA MOLEKULER *INTER-SIMPLE SEQUENCE REPEAT*

Oleh:

Alfi Fauzan Irsyad

15/381836/BI/09475

### INTISARI

Gaharu merupakan jenis kayu pohon berwarna kehitaman dengan getah khas yang didapat dari sejumlah jenis pohon (genus *Aquilaria* dan *Gyrinops*) yang disebabkan oleh infeksi jamur, dan memiliki nilai ekonomi yang sangat tinggi. Hal tersebut mengakibatkan tumbuhan penghasil gaharu dieksploitasi dan terancam punah. Salah satu jenis yang terancam punah menurut *Convention on International Trade in Endangered Species of Wild Fauna and Flora* (CITES) adalah *Gyrinops versteegii* (Gilg.) Domke. Informasi genetik dari tumbuhan terkait diperlukan untuk merumuskan strategi konservasi yang efektif. Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui variasi genetik pada populasi gaharu (*Gyrinops versteegii* (Gilg.) Domke) di Hutan Rakyat Pongkor, Pongkor, Manggarai, Pulau Flores, Nusa Tenggara Timur, serta mengetahui hubungan kekerabatannya berdasarkan penanda molekuler ISSR. Metode dalam penelitian ini meliputi persiapan sampel, isolasi DNA, uji kuantitatif DNA, amplifikasi DNA dengan PCR-ISSR menggunakan 5 primer; Ng2.01, Ng2.06, Ng3.01, Ng3.02, UBC 855, analisis produk PCR-ISSR, dan analisis data. Analisis data dilakukan dengan menggunakan Microsoft Excel 2016 untuk konversi data hasil PCR, serta MVSP 3.1, dan GenAlex 6.503 untuk analisis variasi genetik. Persentase polimorfik secara keseluruhan pada populasi *Gyrinops versteegii* (Gilg.) Domke diperoleh sebesar 55,61%. Heterozigositas pada populasi gaharu didapat pada nilai 0,218. Nilai tersebut masih berada di kisaran normal *Gyrinops versteegii* (Gilg.) Domke., namun di bawah *Aquilaria malaccensis*. Analisis kekerabatan fenetik dengan UPGMA antar individu pada populasi *Gyrinops versteegii* (Gilg.) Domke menunjukkan nilai 85,9% pada pendekatan Ssm, dan 75,9% pada pendekatan S<sub>j</sub>. Dengan demikian, populasi *Gyrinops versteegii* (Gilg.) Domke memiliki kekerabatan fenetik yang dekat antara individu satu dengan lainnya, serta variasi genetik yang relatif tinggi.

**Kata Kunci:** *Gyrinops versteegii* (Gilg.) Domke, variasi genetik, ISSR

## GENETIC VARIATION OF AGARWOOD (*Gyrinops versteegii* (Gilg.) Domke) BASED ON *INTER-SIMPLE SEQUENCE REPEAT* MOLECULAR MARKER

By:

Alfi Fauzan Irsyad

15/381836/BI/09475

### ABSTRACT

Agarwood is a type of black-colored tree wood with distinctive sap mostly obtained from genus *Aquilaria* and *Gyrinops* caused by fungal infections and has a very high economic value. This makes agarwood-producing plants become exploited and endangered. One of the endangered species according to the Convention on International Trade in Endangered Species of Wild Fauna and Flora (CITES) is *Gyrinops versteegii* (Gilg.) Domke. Genetic information from these plants is needed to formulate an effective conservation strategy. This study aims to determine the genetic variation in the agarwood (*Gyrinops versteegii* (Gilg.) Domke) population in Pongkor Community Forest, Pongkor Subdistrict, Manggarai Regency, Flores Island, East Nusa Tenggara Province, and find out its phenetic relatedness based on ISSR molecular markers. The methods in this study include sample preparation, DNA isolation, quantitative analysis of DNA, DNA amplification with PCR-ISSR using 5 primers; Ng2.01, Ng2.06, Ng3.01, Ng3.02, UBC 855, analysis of PCR-ISSR products, and data analysis. Data analysis was performed using Microsoft Excel 2016 to convert PCR result, also MVSP 3.1, and GenAlex 6.503 for analysis of genetic variation. The overall polymorphic percentage in the population of *Gyrinops versteegii* (Gilg.) Domke was obtained at 55.61%. Heterozygosity in the agarwood population was obtained at 0.218. This value is still in the normal range of *Gyrinops versteegii* (Gilg.) Domke., but lower than *Aquilaria malaccensis*. Analysis of phenetic relatedness with UPGMA between individuals in the population of *Gyrinops versteegii* (Gilg.) Domke showed a value of 85.9% from Ssm method, and 75.9% from Sj method. These results show that the population of *Gyrinops versteegii* (Gilg.) Domke has close phenetic relatedness between individuals and relatively high genetic variations.

**Keywords:** *Gyrinops versteegii* (Gilg.) Domke, genetic variation, ISSR