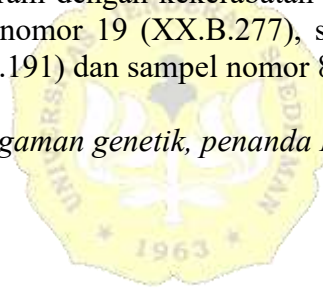


RINGKASAN

Kayu yang dimiliki ulin (*Eusideroxylon zwageri* Teijsm. & Binn.) digolongkan ke dalam kayu kelas kuat I dan kayu kelas awet I yang banyak digunakan untuk berbagai keperluan sehingga berdampak pada meningkatnya eksploitasi ulin. Untuk menjaga ulin tidak mengalami kepunahan, maka upaya pengelolaan dan konservasi perlu dilakukan. Dalam konteks ini, pendataan keanekaragaman genetik ulin menjadi kunci untuk dapat digunakan sebagai data rujukan dalam pengelolaan, konservasi dan pemuliaan ulin. Studi keanekaragaman genetik dapat dilakukan dengan menggunakan penanda molekuler salah satunya yaitu penanda RAPD (*Random Amplified Polymorphism DNA*) yang merupakan teknik amplifikasi DNA dengan PCR menggunakan primer secara acak. Tujuan dari penelitian ini adalah untuk mendapatkan informasi keanekaragaman genetik, mengetahui primer yang dapat mendeteksi polimorfisme dan mengetahui fenogram yang menunjukkan kekerabatan antar aksesi ulin koleksi Kebun Raya Bogor. Sampel yang digunakan meliputi 19 aksesi ulin. Metode molekuler meliputi isolasi DNA, uji NanoDrop, dan amplifikasi menggunakan 12 primer yaitu OPB 08, OPB 10, OPC 15, OPD 02, OPE 12, OPE 14, OPE 15, OPI 12, OPN-18, OPU 14, OPY 04 dan OPZ 07. Analisis data menggunakan metode UPGMA dalam NTSYS versi 2.02i. Hasil penelitian menunjukkan bahwa terdapat 12 primer yang bisa mendeteksi polimorfisme dari sampel ulin dan semua pita yang diperoleh polimorfik. Analisis keanekaragaman genetik menggunakan program NTSYS menghasilkan fenogram dengan kekerabatan terdekat terlihat antara sampel nomor 17 (XIV.B.153) dan nomor 19 (XX.B.277), sedangkan kekerabatan terjauh antara sampel nomor 7 (IX.D.191) dan sampel nomor 8 (V.E.34).

Kata kunci: *Ulin, keanekaragaman genetik, penanda RAPD*



SUMMARY

Ironwood trees (*Eusideroxylon zwageri* Teijsm. & Binn.) possess wood classified as strong and durable, making them highly valuable for various purposes. This has led to increased exploitation of ulin trees, posing a risk of extinction. To prevent this, management and conservation efforts are necessary. In this context, documenting the genetic diversity of ironwood trees is crucial for their sustainable utilization, conservation, and breeding. Genetic diversity studies can be conducted using molecular markers, such as RAPD (Random Amplified Polymorphism DNA), which is a PCR-based technique that amplifies DNA using random primers. The objectives of this study were to obtain information on genetic diversity, identify primers that detect polymorphisms, and determine the phenogram showing the relationships among ironwood tree accessions collected from the Bogor Botanical Garden. Nineteen ironwood tree accessions were used. Molecular methods included DNA isolation, NanoDrop testing, and amplification using 12 primers: OPB 08, OPB 10, OPC 15, OPD 02, OPE 12, OPE 14, OPE 15, OPI 12, OPN-18, OPU 14, OPY 04, and OPZ 07. Data analysis was performed using the UPGMA method in NTSYS version 2.02i. The results showed that 12 primers detected polymorphisms in the ironwood samples, and all bands obtained were polymorphic. Genetic diversity analysis using the NTSYS program produced a phenogram showing the closest relationships between sample number 17 (XIV.B.153) and number 19 (XX.B.277), while the most distant relationships were between sample number 7 (IX.D.191) and sample number 8 (V.E.34).

Keywords: *Ironwood, genetic diversity, RAPD marker.*

