



KEMENTERIAN RISET, TEKNOLOGI DAN PENDIDIKAN TINGGI
UNIVERSITAS SYIAH KUALA
UPT. PERPUSTAKAAN

Jalan T. Nyak Arief, Kampus UNSYIAH, Darussalam – Banda Aceh, Tlp. (0651) 8012380, Kode Pos 23111
Home Page : <http://library.unsyiah.ac.id> Email: helpdesk.lib@unsyiah.ac.id

ELECTRONIC THESIS AND DISSERTATION UNSYIAH

TITLE

IDENTIFIKASI MOLEKULER POHON DI HUTAN RAWA GAMBUT TRIPA MENGGUNAKAN GEN NUKLEUS

ABSTRACT

Hutan Rawa Gambut Tripa merupakan kawasan lindung yang memiliki biodiversitas yang tinggi, namun di beberapa lokasi terjadi kerusakan akibat alih fungsi lahan sehingga perlu adanya upaya perbaikan. Langkah awal yang perlu dilakukan adalah melakukan eksplorasi dan identifikasi jenis-jenis pohon yang ada di kawasan ini. Penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi dan menduga hubungan filogenetik antar spesies pohon yang hidup di Hutan Rawa Gambut Tripa dengan penanda gen nukleus (ITS 1, 5.8S rRNA, dan ITS 2). Penelitian dilaksanakan di tiga laboratorium yaitu Laboratorium Biologi Sel dan Molekuler FMIPA Universitas Syiah Kuala, Laboratorium Genetika dan Bioteknologi Molekuler, Sekolah Ilmu dan Teknologi Hayati (SITH), ITB, dan Laboratorium Genetika Hutan dan Kehutanan Molekuler, Fakultas Kehutanan, IPB dari bulan Juni 2015 sampai dengan Desember 2016. Metode penelitian dilakukan dengan eksperimental laboratory yang terdiri atas ekstraksi DNA, PCR, dan sekuensing pada 25 spesies pohon. Analisis data menggunakan program BioEdit, Clustal X, Mega 6 dan BLAST. Hasil identifikasi morfologi menunjukkan bahwa terdapat 25 jenis pohon yang hidup di Hutan Rawa Gambut Tripa. Hasil PCR menunjukkan bahwa primer ITS 1 dan ITS 4 berhasil mengamplifikasi 24 spesies pohon. Hasil analisis BLAST menunjukkan adanya 6 spesies yang memiliki kemiripan urutan basa dengan sekuen yang tersimpan di GeneBank DNA Database yaitu *Branckenridgea palustris*, *Gonystylus* sp., *Macaranga triloba*, *Syzygium garciniifolium*, *Syzygium* sp. 1, dan *Tristaniopsis whiteana*. Rekonstruksi pohon filogeni dengan Metode Neighbor-Joining (NJ) bootstrap 1000X menunjukkan bahwa multilocus (ITS 1, 5.8S rRNA, dan ITS 2) berhasil menjadi penanda bagi familia Myrtaceae dan Apocynaceae.