



**ANALISIS KERAGAMAN DAN KEKERABATAN GENETIK MANGGIS
DAN KERABAT LIARNYA (*Garcinia* spp.) MENGGUNAKAN
PENANDA MOLEKULER *trnL-F***

SKRIPSI

**Untuk memenuhi persyaratan dalam menyelesaikan
Program Sarjana Strata-1 Biologi**

Oleh :

AKHMAD FIKRI

NIM. 2011013210021

**PROGRAM STUDI S-1 BIOLOGI
FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM
UNIVERSITAS LAMBUNG MANGKURAT
BANJARBARU**

2024



**ANALISIS KERAGAMAN DAN KEKERABATAN GENETIK MANGGIS
DAN KERABAT LIARNYA (*Garcinia spp.*) MENGGUNAKAN
PENANDA MOLEKULER *trnL-F***

SKRIPSI

**Untuk memenuhi persyaratan dalam menyelesaikan
Program Sarjana Strata-1 Biologi**

Oleh :

AKHMAD FIKRI

NIM. 2011013210021

**PROGRAM STUDI S-1 BIOLOGI
FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM
UNIVERSITAS LAMBUNG MANGKURAT
BANJARBARU**

2024

**LEMBAR PENGESAHAN
SKRIPSI**

**ANALISIS KERAGAMAN DAN KEKERABATAN GENETIK MANGGIS
DAN KERABAT LIARNYA (*Garcinia spp.*) MENGGUNAKAN
PENANDA MOLEKULER *trnL-F***

Oleh:
Akhmad Fikri
NIM. 2011013210021

Telah dipertahankan di depan Dosen penguji pada tanggal 12 Juni 2024

Susunan Dosen Penguji:

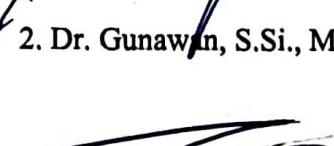
Pembimbing

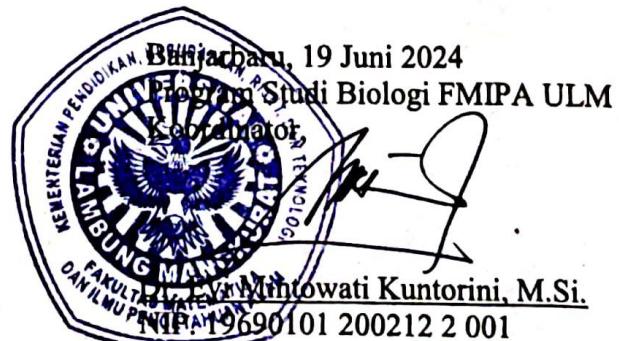

Dr. Dindin H. Mursyidin, S.Si, M.Sc
NIP. 19790729 200501 1 003

Dosen Penguji:

1. Dr. Ir. Badruzsaufari, M.Sc

(.....)

2. Dr. Gunawan, S.Si., M.Si.

(.....)



PERNYATAAN

Dengan ini saya menyatakan bahwa dalam skripsi ini tidak terdapat karya yang pernah diajukan untuk memperoleh gelar kesarjanaan di suatu Perguruan Tinggi, dan sepanjang pengetahuan saya juga tidak terdapat karya atau pendapat yang pernah ditulis atau diterbitkan oleh orang lain, kecuali yang secara tertulis diacu dalam naskah ini dan disebutkan dalam Daftar Pustaka.



ABSTRAK

ANALISIS KERAGAMAN DAN KEKERABATAN GENETIK MANGGIS DAN KERABAT LIARNYA (*Garcinia* spp.) MENGGUNAKAN PENANDA MOLEKULER *trnL-F*

(Oleh: Akhmad Fikri; Pembimbing: Dindin H. Mursyidin; 2024; 45 halaman)

Garcinia merupakan salah satu genus dari familia *Guttiferae* yang anggotanya tersebar luas di wilayah tropik dunia, adapun 100 spesies di antaranya terdapat di kawasan Asia Tenggara. Manggis adalah salah satu species *Garcinia* yang buahnya dapat dimakan, berasa lezat dan disukai banyak orang, sehingga dikenal sebagai *queen of fruit*. Sementara Indonesia menjadi negara eksportir manggis terbesar di dunia, namun 30 dari 100 spesies *Garcinia* ini mengalami pertumbuhan akar yang lambat dan jumlah akar lateral yang terbatas menyebabkan bibit manggis peka terhadap cekaman kekeringan. Penelitian ini bertujuan untuk menganalisis keragaman dan kekerabatan secara genetik plasma nutfah manggis dan kerabat liarnya (*Garcinia* spp.) menggunakan penanda molekuler DNA *barcoding trnL-F*. Sepuluh sampel *Garcinia* yang berasal dari Kab. Hulu Sungai Selatan dan Kota Banjarbaru, Kalimantan Selatan telah berhasil dikoleksi dan karakterisasi secara molekuler. Hasil penelitian memperlihatkan bahwa *Garcinia* spp. memiliki keragaman genetik relatif tinggi sebesar 0,054 dan mengelompok kedalam empat klad utama. Klad I terdapat sebanyak 7 spesies, klad II sebanyak 4 spesies dan klad III terdapat 4 spesies, dan klad IV 1 spesies (*outgroup*). Dalam hal ini, spesies yang memiliki kekerabatan paling dekat dengan koefisien divergensi 0,000 yaitu *G. Mangostana* cultivar ‘Malaysia’ dengan *G. mangostana* ‘Palembang’, dan *G. Mangostana* cultivar ‘Mesta’ Malaysia dengan *G. Mangostana* cultivar ‘Malaysia’. Sedangkan spesies *Calophyllum brasiliense* Brazil dengan *G. forbesii* memiliki kekerabatan paling jauh dengan koefisien divergensi 0,237. Hasil penelitian ini diharapkan dapat dimanfaatkan dalam program pemuliaan dan pelestarian manggis dan kerabat liarnya di masa mendatang.

Kata kunci: *DNA barcoding, Filogenetik, Garcinia, Keragaman genetik, trnL-F*

ABSTRACT

ANALYSIS OF GENETIC DIVERSITY AND RELATIONSHIPS OF MANGOSTEEN AND ITS WILD RELATIVES (*Garcinia* spp.) USING MOLECULAR MARKERS *trnL*-F

(By: Ahmad Fikri; Supervisor: Dindin H. Mursyidin; 2024; 45 Pages)

Garcinia is a genus of the *Guttiferae* family whose members are widely distributed in tropical regions of the world, 100 species of which are found in Southeast Asia. Mangosteen is a species of *Garcinia* whose fruit is edible, tastes delicious and is liked by many people, so it is known as the queen of fruit. While Indonesia is the largest exporter of mangosteen in the world, 30 of the 100 *Garcinia* species experience slow root growth and a limited number of lateral roots, making mangosteen seedlings sensitive to drought stress. This study aims to analyze the genetic diversity and relationships of mangosteen germplasm and its wild relatives (*Garcinia* spp.) using the DNA barcoding molecular marker *trnL*-F. Ten *Garcinia* samples originating from Kab. Hulu Sungai Selatan and Banjarbaru City, South Kalimantan have been successfully collected and characterized molecularly. The research results show that *Garcinia* spp. has a relatively high genetic diversity of 0.054 and groups into four main clades. Clad I has 7 species, clade II has 4 species and clade III has 4 species, and clade IV has 1 species (outgroup). In this case, the species that are most closely related with a divergence coefficient of 0.000 are *G. Mangostana* cultivar 'Malaysia' with *G. mangostana* 'Palembang', and *G. Mangostana* cultivar 'Mesta' Malaysia with *G. Mangostana* cultivar 'Malaysia'. Meanwhile, the Brazilian species *Calophyllum brasiliense* and *G. forbesii* are the most distantly related with a divergence coefficient of 0.237. It is hoped that the results of this research can be used in breeding and conservation programs for mangosteen and its wild relatives in the future.

Keywords: DNA barcoding, *Garcinia*, Genetic diversity, Phylogenetics, *trnL*-F

PRAKATA

Bismillahirrahmanirrahim, segala puji Syukur kepada Allah SWT atas segala Rahmat, hidayah, serta karunia-Nya penulis dapat menyelesaikan naskah skripsi yang berjudul **“Analisis Keragaman dan Kekerabatan Genetik Manggis dan Kerabat Liarnya (*Garcinia spp.*) Menggunakan Penanda Molekuler *trnL-F*”**. untuk memenuhi persyaratan dalam menyelesaikan Program Strata-1 Biologi di Fakultas MIPA, Universitas Lambung Mangkurat. Sholawat serta salam juga selalu tercurah limpahkan kepada baginda Rasulullah Muhammad SAW. Naskah skripsi ini dapat selesai tanpa terlepas dari dukungan, bantuan, dan semangat dari berbagai pihak. Dalam kesempatan ini penulis ingin menyampaikan ucapan terima kasih sebesar-besarnya kepada:

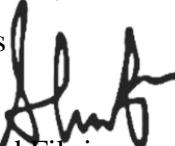
1. Kedua orang tua saya (Bapak Rudy Hendrawan & Ibu Rohani), kakak saya Winda Arisandy, adik saya Maulana Ikhsan, dan keluarga yang mendukung saya baik secara moral ataupun materi. Tidak lelah-lelahnya mereka memberikan saya motivasi dan juga memanjatkan doa sehingga saya dapat menyelesaikan studi S-1 saya di Biologi.
2. Bapak Dr. Dindin H. Mursyidin, S.Si, M.Sc. selaku pembimbing penulis yang telah memberikan ilmu, bimbingan, dan masukan dalam penulisan proposal skripsi.
3. Dosen pengaji, Bapak H. Dr. Ir. Badruzsaufari, M.Sc., Ibu Rani Sasmita, S.Si., M.P., dan Dr. Gunawan, S.Si., M.Si. atas saran, masukan serta bantuan dalam penulisan skripsi ini. Dr. Bapak Gunawan, S.Si., M.Si. selaku pembimbing akademik yang telah memberikan bimbingan akademik selama perkuliahan.
4. Teknisi laboratorium Biologi Molekuler serta tim skripsi molekuler yang telah membantu dan memberikan dukungan pada penelitian ini.
5. Teman seperjuangan yang sudah seperti keluarga selama kuliah Lya, Ell, Nazrin, Refi, dan Range yang telah berjuang bersama dan telah banyak membantu penulis dalam menyelesaikan skripsi ini.
6. Nadia Nurjannah selaku orang spesial bagi saya yang selalu memberikan dukungan dan juga memanjatkan doa dalam penulisan skripsi ini hingga menemani saya sampai sekarang.

7. Teman-teman dan sahabat seperjuangan Biothic 2020, “Himabio “APIDAE”, Lya, Ell, Nazin, Range, Refi, Asri, Rizka, Mira, Fathiyah, Sita, Tia, Rifka, Via, Ilma, Aulia, Ijah, Frischa, Salsa, Maria, Novi, Nayah, Rahmah, Hikmah, Ahya, Florida, Linda, Susi, Valen, Ahda, Nisa, Magfiroh, Ikma, Anis, dan semua pihak yang tidak bisa disebutkan satu persatu baik secara langsung maupun tidak langsung ikut memberikan bantuan selama perkuliahan dan penyusunan skripsi.

Demikian skripsi ini dibuat, semoga dapat memberikan pengetahuan tambahan khususnya kepada mahasiswa Program Studi Biologi, masyarakat luas pada umumnya sehingga dapat dipergunakan sebagaimana mestinya, dan bermanfaat serta menjadi acuan informasi dasar dalam penelitian-penelitian berikutnya. Kritik positif dan membangun untuk kesempurnaan skripsi ini merupakan kehormatan bagi penulis.

Banjarbaru, 19 Juni 2024

Penulis



Akhmad Fikri

NIM. 2011013210021

DAFTAR ISI

	Halaman
HALAMAN JUDUL.....	i
LEMBAR PENGESAHAN	ii
PERNYATAAN.....	iii
ABSTRAK.....	iv
ABSTRACT	v
PRAKATA.....	vi
DAFTAR ISI.....	viii
DAFTAR GAMBAR	x
DAFTAR TABEL.....	xi
BAB I. PENDAHULUAN.....	1
1.1 Latar Belakang	1
1.2 Rumusan Masalah	3
1.3 Tujuan.....	3
1.4 Manfaat.....	3
BAB II. TINJAUAN PUSTAKA.....	4
2.1 Tinjauan Umum <i>Garcinia</i>	4
2.2 Ragam genetik dan sebaran	5
2.3 Nilai manfaat dan ekonomis.....	6
2.4 Eksistensi <i>Garcinia</i> dan Arti Penting Keragaman Genetik	7
2.5 Analisis Keragaman Genetik dan DNA <i>barcoding</i>	8
2.6 Penanda Molekuler <i>trnL-F</i>	9
BAB III. METODE PENELITIAN.....	12
3.1 Waktu dan Tempat	12
3.2 Koleksi Sampel.....	12
3.3 Analisis DNA <i>barcoding</i>	13
3.4 Analisis Data	14
BAB IV. HASIL DAN PEMBAHASAN	16
4.1 Hasil.....	16
4.1.1 Koleksi dan Karakterisasi Morfologis Sampel Daun.....	16
4.1.2 Hasil Ekstraksi DNA.....	18
4.1.3 Hasil Amplifikasi DNA	20

4.1.4 Hasil Sekuensing dan Penyejajaran DNA (<i>Multiple Sequence Alignment</i>)	21
4.1.5 Keragaman dan Kekerabatan Genetik <i>Garcinia</i> spp.	24
BAB V. PENUTUP.....	33
5.1 Kesimpulan.....	33
5.2 Saran	33
DAFTAR PUSTAKA	34
RIWAYAT HIDUP.....	45

DAFTAR GAMBAR

Gambar	Halaman
Gambar 1. Peta persebaran <i>Garcinia mangostana</i> L. di dunia, termasuk di Indonesia	6
Gambar 2. Contoh peta organisasi genom kloroplas <i>Garcinia</i> , temasuk region <i>trnL-F (insert)</i> yang akan diaplikasikan pada penelitian ini	10
Gambar 3. Tahapan (diagram alir) penelitian	12
Gambar 4. Peta Kalimantan Selatan, menunjukkan lokasi pengambilan sampel manggis (<i>Garcinia</i> spp.).....	13
Gambar 5. Sampel daun <i>Garcinia</i> spp. yang berhasil dikoleksi dalam penelitian	17
Gambar 6. Visualisasi hasil uji kualitas genom sampel <i>Garcinia</i> (1-10) menggunakan metode elektroforesis	19
Gambar 7. Visualisasi hasil amplifikasi region <i>trnL-F</i> sampel <i>Garcinia</i> (1-10) menggunakan metode elektroforesis	20
Gambar 8. Hasil penyejajaran DNA terhadap sekuen gen <i>trnL-F</i> manggis (<i>Garcinia</i> spp.) memperlihatkan peristiwa mutasi indel (insersi-delesi) dan mutasi substitusi (transversi & transisi)	22
Gambar 9. Rekonstruksi pohon filogenetik manggis (<i>Garcinia</i> spp.) menggunakan penanda <i>trnL-F</i> (termasuk sekuen pembanding dari <i>GenBank</i>) berdasarkan metode <i>Maximum Likelihood</i> (ML)	27
Gambar 10. Koefisien divergensi genetik manggis (<i>Garcinia</i> spp.) yang digunakan dalam penelitian ini.	30

DAFTAR TABEL

Tabel	Halaman
Tabel 1. Primer yang digunakan dalam penelitian.....	14
Tabel 2. Sampel manggis (<i>Garcinia</i> spp.) yang berhasil dikoleksi untuk digunakan dalam penelitian	16
Tabel 3. Panjang basa hasil sekuensing gen <i>trnL-F</i> pada <i>Garinia</i> spp.	21
Tabel 4. Informasi genetik gen <i>trnL-F</i> <i>Garcinia</i> yang digunakan dalam penelitian	25
Tabel 5. Estimasi kemungkinan maksimum matriks substitusi.	26