



**ANALISIS VARIASI GENETIK RAMBUTAN DAN KERABAT LIARNYA
(*Nephelium* spp.) MENGGUNAKAN PENANDA MOLEKULER *trnL-F***

SKRIPSI

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

Oleh :

**NAZRIN WAHIDY
NIM. 2011013110009**

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

2024



**ANALISIS VARIASI GENETIK RAMBUTAN DAN KERABAT LIARNYA
(*Nephelium spp.*) MENGGUNAKAN PENANDA MOLEKULER *trnL-F***

SKRIPSI

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

Oleh :

NAZRIN WAHIDY

NIM. 2011013110009

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

2024

**LEMBAR PENGESAHAN
SKRIPSI**

**ANALISIS VARIASI GENETIK RAMBUTAN DAN KERABAT LIARNYA
(*Nephelium spp.*) MENGGUNAKAN PENANDA MOLEKULER *trnL-F***

Oleh:

Nazrin Wahidy

NIM. 2011013110009

Telah dipertahankan di depan Dosen Penguji pada tanggal 30 Desember 2024.

Susunan Dosen Penguji:

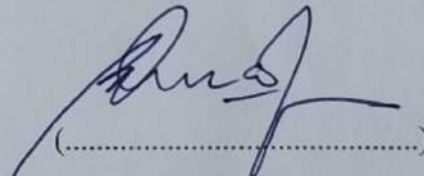
Dosen Pembimbing,



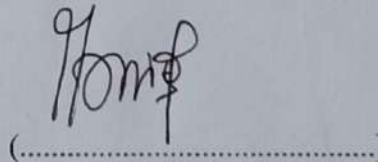
Dr. Durdin H. Mursyidin, S.Si, M.Sc.
NIP. 19790729 200501 1 003

Dosen Penguji,

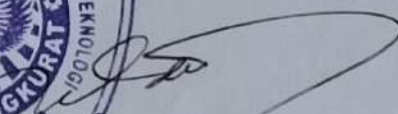
1. Dr. Ir. Badruzaufari, M.Sc.


(.....)

2. Rani Sasmita, S.Si., M.P., M.Sc.


(.....)

Banjarbaru, 31 Desember 2024
Program Studi Biologi FMIPA ULM
Koordinator,


Dr. Muhamat, S.Si., M.Sc.
NIP. 19740816 200212 1 002

PERNYATAAN

Dengan ini, saya menyatakan dalam skripsi yang tertulis tidak terdapat karya yang penuh diajukan untuk memperoleh gelar kesarjanaan di suatu perguruan tinggi dan sepanjang pengetahuan saya juga tidak terdapat karya maupun pendapat yang penuh ditulis atau di terbitkan orang lain, kecuali secara tertulis diacu dalam naskah skripsi ini dan disebutkan dalam Daftar Pustaka.

Banjarbaru, 30 Desember 2024



Nazrin Wahidy

NIM. 2011013110009

ABSTRAK

ANALISIS VARIASI GENETIK RAMBUTAN DAN KERABAT LIARNYA (*Nephelium* spp.) MENGGUNAKAN PENANDA MOLEKULER *trnL-F* (Oleh: Nazrin Wahidy; Pembimbing: Dindin Hidayatul Mursyidin; 2023; 54 halaman)

Rambutan (*Nephelium lappaceum* L.) merupakan tanaman buah dengan nilai ekonomis tinggi dan mengandung nutrisi yang tinggi. Namun, saat ini variabilitas dan produktivitasnya relatif rendah karena berbagai faktor, seperti petani yang lebih banyak memilih kultivar-kultivar dengan karakter buah permintaan pasar, curah hujan yang tinggi, kegagalan propagasi, serangan hama, dan penyakit. Oleh karena itu, penting dilakukan pemuliaan sebagai upaya meningkatkan produktivitas, resistensi terhadap hama dan penyakit, serta mengembangkan perkebunan rambutan yang berkelanjutan. Aplikasi penanda molekuler dapat menjadi alternatif dalam analisis variasi genetik rambutan dan kerabat liarnya (*Nephelium* spp.). Penelitian ini bertujuan untuk menganalisis dan merekonstruksi kekerabatan genetik rambutan dan kerabat liarnya (*Nephelium* spp.) berdasarkan penanda DNA *barcoding* (*trnL-F*). Penelitian ini dibagi menjadi 3 tahapan kegiatan, yaitu koleksi sampel, karakterisasi molekuler, dan analisis data. Hasil penelitian menunjukkan bahwa *Nephelium* spp. memiliki nilai keanekaragaman genetik yang rendah yaitu sebesar 0,001991. Hasil rekonstruksi pohon filogeni menunjukkan bawa *Nephelium* spp. dan *outgroup* terbagi menjadi 3 klaster. Enam varietas rambutan dan kerabat liarnya berada dalam percabangan monofiletik walaupun berbeda klaster. Hasil penelitian ini diharapkan dapat menjadi acuan dalam upaya pelestarian dan pengembangan plasma nutfah rambutan secara berkelanjutan pada masa depan.

Kata kunci: Kekerabatan, molekuler, *Nephelium*, rambutan, *trnL-F*

ABSTRACT

ANALYSIS OF GENETIC VARIATION OF RAMBUTAN AND WILD RELATIVES (*Nephelium* spp.) USING MOLECULAR MARKERS *trnL-F* (By: Nazrin Wahidy; Supervisors: Dindin Hidayatul Mursyidin; 2024; 54 pages)

Rambutan (*Nephelium lappaceum* L.) is a fruit plant with high economic value and contains high nutritional content. However, currently, its variability and productivity are relatively low due to various factors, such as farmers preferring cultivars with market-demanded fruit characteristics, high rainfall, propagation failures, pest attacks, and diseases. Therefore, breeding is important as an effort to increase productivity, resistance to pests and diseases, and to develop sustainable rambutan plantations. The application of molecular markers can be an alternative in the analysis of genetic variation in rambutan and its wild relatives (*Nephelium* spp.). This study aims to analyze and reconstruct the genetic relationships of rambutan and its wild relatives (*Nephelium* spp.) based on DNA barcoding markers. (*trnL-F*). This research is divided into three stages of activities: sample collection, molecular characterization, and data analysis. The research results show that *Nephelium* spp. has a low genetic diversity value of 0.001991. The results of the phylogenetic tree reconstruction show that *Nephelium* spp. and the outgroup are divided into 3 clusters. Six varieties of rambutan and their wild relatives are in a monophyletic branch, although they belong to different clusters. The results of this research are expected to serve as a reference in the efforts to preserve and develop rambutan germplasm sustainably in the future.

Keywords: Relationship, molecular, *Nephelium*, rambutan, *trnL-F*

PRAKATA


Dengan mengucapkan alhamdulillah, segala puji dan syukur penulis panjatkan atas kehadiran Allah SWT, karena berkat rahmat dan hidayah-Nya penyusunan skripsi yang berjudul “**Analisis Variasi Genetik Rambutan dan Kerabat Liarnya (*Nephelium spp.*) Menggunakan Penanda Molekuler *trnL-F***” ini dapat diselesaikan guna memenuhi salah satu persyaratan dalam menyelesaikan pendidikan pada Program Studi Biologi, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Lambung Mangkurat. Selawat serta salam juga selalu tercurahkan kepada Nabi Muhammad SAW. Dalam kesempatan kali ini, penulis juga mengucapkan terima kasih kepada:

1. kedua orang tua saya, Bapak Sya'rani, S.Pd. dan Ibu Hamimah, yang telah berikhtiar dengan menguliahkan saya dan terus mendorong saya untuk menggapai cita-cita;
2. keluarga besar saya yang telah memberikan dukungan moral dan materi kepada saya untuk menggapai cita-cita;
3. dosen pembimbing saya, Bapak Dr. Dindin H. Mursyidin, S.Si, M.Sc., yang telah membimbing saya dalam penelitian dan penulisan skripsi;
4. teman-teman angkatan Biothic 2020, terutama Akhmad Fikri, Muhammad Refiannor, dan Range Hernata Palodang, yang telah berjuang bersama untuk menggapai cita-cita sarjana S1-Biologi; dan
5. seluruh pihak yang ikut andil dalam penelitian skripsi saya.

Akhir kata, penulis mengharapkan skripsi ini dapat memberikan manfaat bagi penulis khususnya dan bagi pembaca pada umumnya.

Banjarbaru, 28 November 2024

Penulis,



Nazrin Wahidy
NIM. 2011013110009

DAFTAR ISI

Halaman

HALAMAN JUDUL	I
LEMBAR PENGESAHAN	II
PERNYATAAN	III
ABSTRAK	IV
ABSTRACT	V
PRAKATA	VI
DAFTAR ISI	VII
DAFTAR TABEL	IX
DAFTAR GAMBAR	X
BAB I. PENDAHULUAN	1
1.1 Latar Belakang	1
1.2 Rumusan Masalah	3
1.3 Tujuan Penelitian	3
1.4 Manfaat Penelitian	3
BAB II. TINJAUAN PUSTAKA	4
2.1. Tinjauan Umum Rambutan	4
2.2. Keragaman Genetik dan Persebaran Rambutan	5
2.3. Potensi dan Manfaat Rambutan	6
2.4. Eksistensi dan Permasalahan	7
2.5. Arti Penting Keragaman Genetik dan Aplikasi Penanda Molekuler	7
2.6. Penanda Molekuler <i>trnL-F</i>	8
BAB III. METODE PENELITIAN	12
3.1 Waktu dan Tempat Penelitian	12
3.2 Koleksi Sampel	13
3.3 Karakterisasi Molekuler	13
3.4 Analisis Data	14
BAB IV. HASIL DAN PEMBAHASAN	15

4.1. Hasil Koleksi dan Karakterisasi Morfologis Daun Sampel.....	15
4.2. Hasil Amplifikasi dan Elektroforesis DNA.....	17
4.3. Hasil <i>Sequencing</i> dan <i>Alignment</i>	19
4.4. Keragaman Genetik.....	22
4.5. Kekerabatan Genetik.....	27
BAB V. PENUTUP	33
5.1. Kesimpulan.....	33
5.2. Saran.....	33
DAFTAR PUSTAKA	34

DAFTAR TABEL

Tabel	Halaman
Tabel 1 . Primer yang digunakan dalam penelitian	13
Tabel 2 . Sampel <i>Nephelium</i> spp. dan outgroup yang berhasil dikoleksi untuk digunakan dalam penelitian	15
Tabel 3 . Panjang basa gen <i>trnL-F</i> hasil <i>sequencing</i> dan <i>blasting</i> GenBank sampel <i>Nephelium</i> spp. serta <i>outgroup</i>	20
Tabel 4 . Mutasi dalam gen <i>trnL-F Nephelium</i> spp. berdasarkan <i>alignment</i> MultAlin	21
Tabel 5 . Informasi genetik gen <i>trnL-F Nephelium</i> spp. berdasarkan MEGA 11 .	23

DAFTAR GAMBAR

Gambar	Halaman
Gambar 1 . Persebaran <i>Nephelium lappaceum</i> L. di dunia, berdasarkan daerah asalnya dan daerah persebarannya sebagai buah perkebunan eksotik ..	5
Gambar 2 . Diagram skematik struktur cpDNA <i>Nephelium lappaceum</i> L. termasuk region <i>trnL-F (insert)</i>	10
Gambar 3 . Tahapan (diagram alir) penelitian	12
Gambar 4 . Sampel anak daun <i>Nephelium</i> spp. yang berhasil dikoleksi dalam penelitian.	17
Gambar 5 . Visualisasi hasil amplifikasi region <i>trnL-F</i> pada <i>Nephelium</i> spp. dan outgroup menggunakan metode elektroforesis dengan konsentrasi gel agarosa 2%	18
Gambar 6 . Hasil <i>alignment</i> sekuen <i>trnL-F</i> <i>Nephelium</i> spp. dengan MultAlin memperlihatkan adanya mutasi, yaitu insersi, delesi, substitusi-transisi, dan substitusi-transversi	21
Gambar 7 .. Posisi filogenetik rambutan dan kerabat liarnya berdasarkan metode ML (<i>Maximum Likelihood</i>)	28
Gambar 8 . Jarak genetik antar- <i>Nephelium</i> spp. dan <i>outgroup</i> yang digunakan dalam penelitian berdasarkan penanda <i>trnL-F</i>	31