



**ANALISIS FILOGENETIK MANGGIS DAN KERABATNYA (*Garcinia*
spp.) MENGGUNAKAN PENANDA GEN MATURASE-K (*matK*)**

SKRIPSI

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

Oleh :

MUHAMMAD EZZA ADDIEN AL VITHRA

NIM 2111013210011

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

2025



**ANALISIS FILOGENETIK MANGGIS DAN KERABATNYA (*Garcinia*
spp.) MENGGUNAKAN PENANDA GEN MATURASE-K (*matK*)**

SKRIPSI

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

Oleh :

MUHAMMAD EZZA ADDIEN AL VITHRA

NIM 2111013210011

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

2025

**LEMBAR PENGESAHAN
SKRIPSI**

**ANALISIS FILOGENETIK MANGGIS DAN KERABATNYA (*Garcinia*
spp.) MENGGUNAKAN PENANDA GEN MATURASE-K (*matK*)**

Oleh:
Muhammad Ezza Addien Al Vitra
NIM. 2111013210011

Telah dipertahankan di depan Dosen Penguji pada tanggal:

Susunan Dosen Penguji

Pembimbing I



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

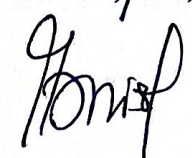
Dosen Penguji:

1. Dr. Ir. Badruzsaufari M.Sc



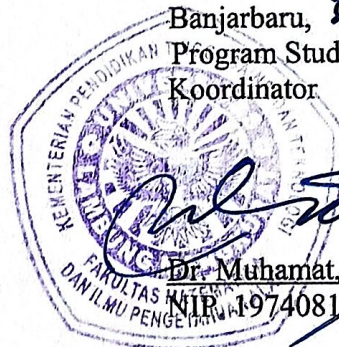
(.....)

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



(.....)

Banjarbaru, 31 Juli 2025
Program Studi Biologi FMIPA ULM
Koordinator



Dr. Muhamat, S.Si., M.Sc.
NIP. 19740816200212 1 002

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.



30 Juni 2025

Muhammad Ezza Addien Al Vithra
2111013210011

ABSTRAK

ANALISIS FILOEGENETIK MANGGIS DAN KERABATNYA (*Garcinia* spp.) MENGGUNAKAN PENANDA GEN MATURASE-K (*matK*)
(Oleh: Muhammad Ezza Addien Al Vithra; Pembimbing: Dindin H. Mursyidin; 2025; 52 halaman)

Manggis (*Garcinia* spp.) dikenal sebagai tanaman buah yang memiliki keragaman yang bervariasi dengan total sekitar 400 spesies tersebar di seluruh dunia. Indonesia menjadi negara dengan produksi manggis tertinggi di Asia Tenggara, namun produksinya masih belum masif dibudidayakan sehingga diperlukan teknik pemuliaan tanaman untuk mengidentifikasi dan memperbanyak tanaman dengan sifat-sifat unggul. Penelitian ini bertujuan untuk menentukan hubungan kekerabatan manggis dan kerabatnya (*Garcinia* spp.) menggunakan penanda DNA *barcoding*, yaitu gen *maturase-K*. Dua belas sampel *Garcinia* yang berasal dari Kab. Hulu Sungai Selatan dan Kota Banjarbaru, Kalimantan Selatan berhasil dikoleksi dan dilakukan karakterisasi secara molekuler. Hasil penelitian memperlihatkan bahwa *Garcinia* spp. memiliki keragaman genetik relatif rendah yakni sebesar 0,025 dan mengelompok ke dalam empat klad utama. Klad I terdiri atas enam spesies, klad II terdiri dari atas tiga spesies, klad III terdiri dari dua spesies, dan klad IV terdiri dari enam spesies *Garcinia* spp., serta dua spesies sebagai *outgroup*. Koefisien divergensi genetik menampilkan jarak genetik antar spesies *Garcinia* spp. sebesar 0,000 hingga 0,023. Sebanyak delapan spesies memiliki jarak genetik terendah (<0,001), diantaranya yakni *G. mangostana* (Balangan) dengan *G. mangostana* (Palembang), sedangkan jarak genetik terjauh (0,023) yakni *G. latissima* dengan *G. parvifolia*. Hasil penelitian ini diharapkan dapat memberikan manfaat dalam mendukung upaya konservasi dan kegiatan pemuliaan serta pelestarian manggis *Garcinia* spp. secara lokal maupun global.

Kata kunci: DNA *barcode*, filogenetik, *garcinia*, keragaman genetik, *matK*.

ABSTRACT

PHYLOGENETIC ANALYSIS OF MANGGOSTEEN AND ITS RELATIVES (*Garcinia* spp.) USING THE MATURASE-K (*matK*) GENE MARKER

(by: Muhammad Ezza Addien Al Vithra; Supervisor: Dindin Hidayatul Mursyidin; 2025; 52 pages)

Mangosteen and their relatives (*Garcinia* spp.) are known as a fruit plant that has a varied diversity with a total of around 400 species spread throughout the world. Indonesia is the country with the highest mangosteen production in Southeast Asia, but its production is still not massively cultivated so that plant breeding techniques are needed to identify and propagate plants with superior traits. This study aims to determine and identify the phylogenetic relationship of mangosteen and their relatives (*Garcinia* spp.) using DNA barcoding with maturase-K gene markers. Twelve *Garcinia* samples from Hulu Sungai Selatan Regency and Banjarbaru City, South Kalimantan were successfully collected and molecularly characterized. The results showed that *Garcinia* spp. had a relatively low genetic diversity of 0.025 and grouped into four main clades. Clad I consists of six species, clad II consists of three species, clad III consists of two species, and clad IV consists of six *Garcinia* spp. species, as well as two species as outgroups. The genetic divergence coefficient displays the genetic distance between *Garcinia* spp. species of 0.000 to 0.023. A total of eight species have the lowest genetic distance (<0.001), including *G. mangostana* (Balangan) with *G. mangostana* (Palembang), while the farthest genetic distance (0.023) is *G. latissima* with *G. parvifolia*. The results of this study are expected to provide benefits in supporting conservation efforts and breeding activities and preservation of mangosteen *Garcinia* spp. locally and globally.

Keywords: DNA *barcode*, *garcinia*, genetic diversity, *matK*, phylogenetic

PRAKATA

Bismillahirrahmanirrahim, dengan selalu memanjatkan rasa syukur *Alhamdulillah* dari penulis kepada Tuhan yang maha esa Allah SWT, atas limpah ilmu yang diberikan-Nya sehingga penulisan proposal penelitian yang berjudul “Analisis Filogenetik Manggis dan Kerabatnya (*Garcinia* spp.) menggunakan Penanda Gen *Maturase-K (matK)*” ini dapat terselesaikan dengan baik guna memenuhi persyaratan dalam menyelesaikan pendidikan di Program Studi Biologi, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Lambung Mangkurat.

Penulisan proposal yang dilalui oleh penulis sangat panjang dan rumit, tetapi dengan niat dan harapan serta do'a yang tiada henti sehingga penulisan yang banyak rintangan ini dapat terselesaikan. Maka dari itu, dengan ketulusan hati, izin penulis untuk mengucapkan rasa terimakasih yang sangat banyak kepada:

1. Dr. Dindin Hidayatul Mursyidin, S.Si. M.Sc. selaku Dosen Pembimbing yang telah memberikan ide murni dan membimbing penulis dalam penyusunan skripsi ini hingga selesai,
2. Dosen penguji, bapak H. Dr. Ir. Badruzsaufari, M.Sc., dan Ibu Rani Sasmita, S.Si., M.P., M.Sc. atas saran dan masukan serta bantuan dalam penulisan skripsi ini,
3. Teknisi laboratorium genetika dan biologi molekuler yang membantu selama bekerja di laboratorium,
4. Orang tua dan kakak yang selalu mendukung dan memberikan do'a untuk kelancaran kuliah anak bungsunya dalam meraih cita-cita,
5. Rifqah Azkia selaku orang spesial bagi saya yang selalu memberikan dukungan dan juga memanjatkan doa dalam penulisan skripsi ini hingga menemani saya sampai sekarang,
6. Noor dan Ahmad yang merupakan saudara, teman akrab, dan sahabat seperjuangan tim skripsi yang sama-sama saling dukung dan menguatkan dalam menyelesaikan tugas akhir ini,
7. Teman-teman, Sahabat, serta yang sudah dianggap keluarga selama perkuliahan, Ibnu, Dandy, Ghayda, Rahimah, sobat PKM Suhendra dan Yudha serta keluarga besar Biologi Angkatan 2021 (Amoebio) yang selalu dan saling memberi dukungan

semangat satu sama lain untuk dapat bersama-sama berdo'a lulus dengan hasil yang memuaskan,

8. Kepada semua pihak yang telah banyak membantu dalam penyusunan proposal ini yang tidak bisa disebutkan satu-satu karena tanpa kalian semua proposal ini mungkin tidak dapat terselesaikan.

Akhir kata, Skripsi ini disusun dengan harapan dapat menambah wawasan, khususnya bagi mahasiswa Program Studi Biologi, serta memberikan manfaat bagi masyarakat secara luas. Semoga skripsi ini dapat digunakan sebagaimana mestinya dan menjadi sumber informasi dasar bagi penelitian-penelitian selanjutnya. Penulis sangat menghargai setiap masukan dan kritik yang membangun demi penyempurnaan skripsi ini.

Banjarbaru, 10 Juli 2025

M. Ezza Addien Al Vithra
NIM 2111013210011

DAFTAR ISI

	Halaman
HALAMAN JUDUL	i
LEMBAR PENGESAHAN	ii
PERNYATAAN	iii
ABSTRAK	iv
ABSTRACT	v
PRAKATA	vi
DAFTAR ISI	viii
DAFTAR TABEL	x
DAFTAR GAMBAR	xi
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 <i>Garcinia</i>	4
2.2. Pemanfaatan dan Budidaya <i>Garcinia</i>	6
2.3. DNA <i>Barcode</i>	7
2.4. Penanda <i>maturase-K (matK)</i>	8
BAB III. METODE PENELITIAN	11

3.1 Waktu dan Tempat Penelitian.....	11
3.2 Koleksi Sampel.....	11
3.3 Karakterisasi Molekuler	12
3.4 Analisis Data	13
BAB IV HASIL DAN PEMBAHASAN	14
4.1 Hasil.....	14
4.1.1 Koleksi Sampel	14
4.1.2 Hasil Ekstraksi DNA.....	15
4.1.3 Hasil Amplifikasi DNA.....	16
4.1.4 Hasil Sekuensing dan Penyejajaran DNA (<i>Multiple Sequence Alignment</i>)	18
4.1.5 Keragaman Genetik <i>Garcinia</i> spp.....	21
4.1.6 Kekerbatan Genetik <i>Garcinia</i> spp.....	24
BAB V. PENUTUP	30
5.1 Kesimpulan	30
5.2 Saran	30
DAFTAR PUSTAKA	31
RIWAYAT HIDUP	41

DAFTAR TABEL

Tabel 3.1 Primer yang digunakan dalam penelitian.....	12
Tabel 4.1 Sampel manggis (<i>Garcinia</i> spp.) yang berhasil dikoleksi.....	14
Tabel 4.2 Panjang basa hasil sekuensing gen <i>matK</i> pada <i>Garcinia</i> spp.....	18
Tabel 4.3 Informasi genetik gen <i>matK</i> <i>Garcinia</i>	21
Tabel 4.4 Estimasi kemungkinan maksimum matriks substitusi	23

DAFTAR GAMBAR

Gambar 3.1 Tahapan Penelitian.....	11
Gambar 4.1 Sampel daun <i>Garcinia</i> spp.....	15
Gambar 4.2 Visualisasi hasil amplifikasi region matK sampel <i>Garcinia</i>	17
Gambar 4.3 Hasil penyejajaran DNA sekuen gen matK (<i>Garcinia</i> spp.).	19
Gambar 4.4 Pohon filogenetik manggis (<i>Garcinia</i> spp.)	25
Gambar 4.5 Koefisien divergensi genetik manggis (<i>Garcinia</i> spp.)	28