

**VARIASI GENETIK JERUK SIAM (*Citrus nobilis* Lour.) DI  
BEBERAPA SENTRA PRODUKSI SUMATERA DENGAN  
MENGUNAKAN PENANDA RAPD**

**SKRIPSI SARJANA BIOLOGI**

**Oleh:**

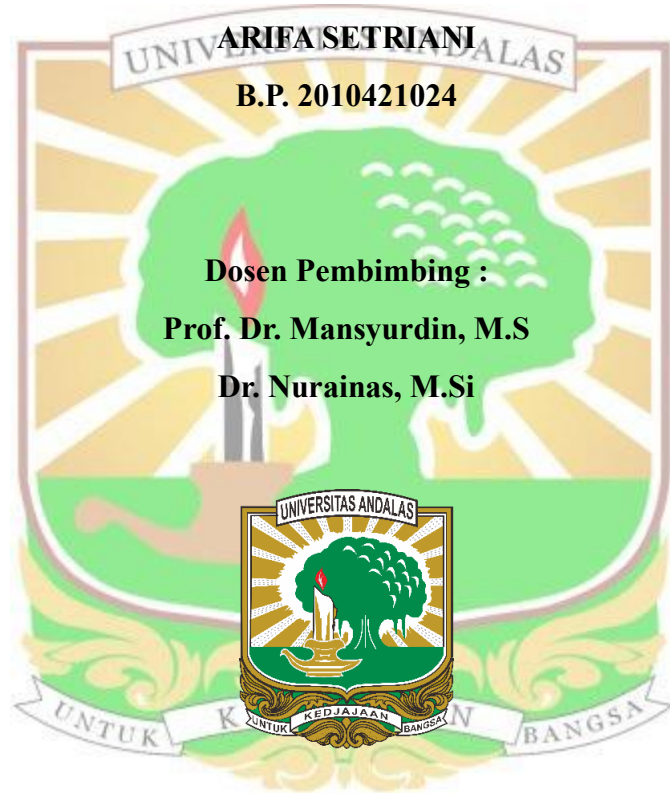
**ARIFA SETRIANI**

**B.P. 2010421024**

**Dosen Pembimbing :**

**Prof. Dr. Mansyurdin, M.S**

**Dr. Nurainas, M.Si**



**DEPARTEMEN BIOLOGI**

**FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM**

**UNIVERSITAS ANDALAS**

**PADANG**

**2024**

## ABSTRAK

Studi mengenai variasi genetik jeruk siam (*Citrus nobilis* Lour.) telah dilakukan di Beberapa sentra produksi Sumatera dengan menggunakan penanda RAPD. Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui variasi genetik intrapopulasi dan interpopulasi jeruk siam pada empat sentra produksi di Sumatera yaitu Gunung Omeh, Bangkinang, Pasaman, dan Berastagi. Sampel daun muda dikoleksi dari 10 individu tanaman di masing-masing sentra produksi. Isolasi DNA menggunakan metode Doyle and Doyle (1987) dan amplifikasi DNA menggunakan 12 primer. Parameter variasi genetik intrapopulasi mencakup nilai heterozigositas (H), indeks shannon (I), dan persentase lokus polimorfik (PLP). Parameter variasi genetik interpopulasi mencakup nilai heterozigositas antar populasi (DST), diferensiasi genetik antar populasi (GST), dan aliran gen (Nm). Hasil menunjukkan bahwa diperoleh 9 primer yang tervisualisasi polimorfik. Tiga diantaranya yaitu OPA03, OPA01, dan OPA10 menunjukkan polimorfik tertinggi dengan persentase berturut turut 88%, 80% dan 66%. Tiga primer tersebut mampu menghasilkan pita polimorfik pada 40 individu dengan persentase 95,23%. Nilai variasi genetik intrapopulasi tergolong rendah ( $H = 0,1061 - 0,1919$ ), namun diantara populasi tersebut Berastagi merupakan populasi dengan nilai terendah ( $H = 0,1061$ ) dan Gunung Omeh dengan nilai tertinggi ( $H = 0,1919$ ). Keragaman genetik interpopulasi tergolong tinggi dengan ( $DST = 0,0619$ ) lebih rendah daripada ( $GST = 0,2946$ ) dan nilai aliran gen (*gene flow*) yang tinggi ( $Nm = 1,1975$ ). Analisis *cluster* dengan dendogram UPGMA menunjukkan bahwa antara populasi Gunung Omeh dan Berastagi memiliki jarak genetik terjauh (0,1622) dan Gunung Omeh dan Bangkinang memiliki jarak terdekat (0,0614). Hasil analisis PCoA menunjukkan pola distribusi individu populasi Berastagi cenderung mengelompok dibandingkan tiga populasi lainnya yang cenderung lebih menyebar.

**Kata Kunci :** *Citrus nobilis*; RAPD; Sentra Produksi Jeruk; Sumatera; Variasi Genetik

## ABSTRACT

A study on genetic variation of siam orange (*Citrus nobilis* Lour.) has been conducted in several production centers in Sumatera using RAPD markers. This study aims to determine the intrapopulation and interpopulation genetic variations of siam orange in four production centers in Sumatera (Gunung Omeh, Bangkinang, Pasaman, and Berastagi). Young leaf samples were collected from 10 individual plants in each production center. DNA isolation used the Doyle and Doyle method (1987), and DNA amplification used 12 primers. The intrapopulation genetic variation parameters include heterozygosity (H), shannon index (I), and percentage of polymorphic loci (PLP). The interpopulation genetic variation parameters include interpopulation heterozygosity (DST), interpopulation genetic differentiation (GST), and gene flow (Nm). The results showed that 9 primers were obtained that were visualized as polymorphic. Three of them, OPA03, OPA10, and OPA01, showed the highest polymorphicity with percentages of 88%, 80%, and 66%. The three primers were able to produce polymorphic bands in 40 individuals with a percentage of 95.23%. The value of intrapopulation genetic variation was relatively low ( $H = 0.1061-0.1919$ ), but among these populations, Berastagi was the population with the lowest value ( $H = 0.1061$ ) and Gunung Omeh with the highest value ( $H = 0.1919$ ). Interpopulation genetic diversity is classified as high with (DST = 0.0619) lower than (GST = 0.2946) and a high gene flow value (Nm = 1.1975). Cluster analysis with UPGMA dendrogram showed that the Gunung Omeh and Berastagi populations had the furthest genetic distance (0.1622) and Gunung Omeh and Bangkinang had the closest distance (0.0614). The results of the PCoA analysis showed that the distribution pattern of individuals in the Berastagi population tended to be clustered compared to the other three populations which tended to be more spread out.

**Keywords:** *Citrus nobilis*; RAPD; Orange Production Center; Sumatera; Genetic variation