

**ANALISIS IDENTITAS GENETIK DAN IMPLIKASINYA UNTUK
PEMILIHAN BIBIT UNGGUL TANAMAN GAMBIR (*Uncaria gambir* (W.
Hunter) Roxb.) DI SUMATERA BARAT MENGGUNAKAN SEKUEN ITS
(*INTERNAL TRANSCRIBED SPACER*) DAN *trnL-F* INTERGENIC
SPACER**

TESIS

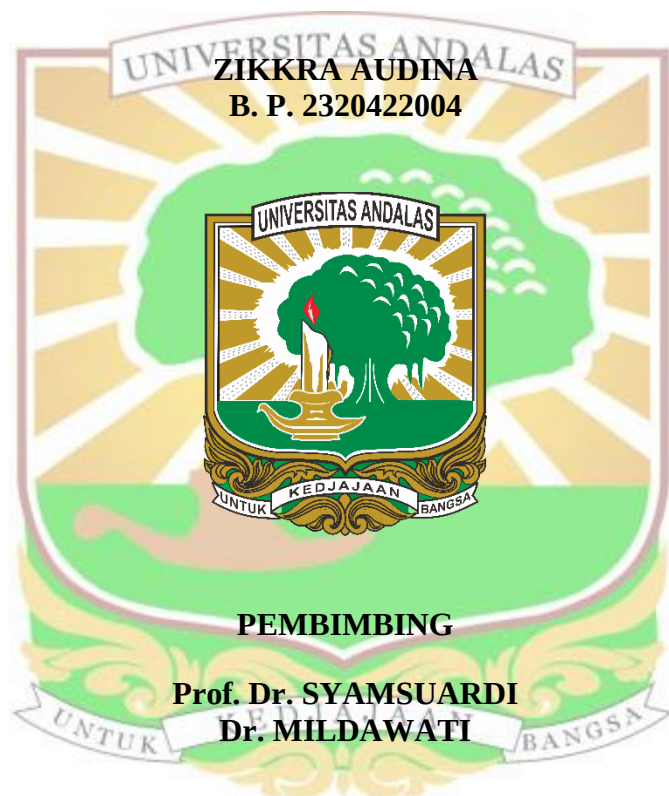


**PROGRAM STUDI MAGISTER BIOLOGI
FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM
UNIVERSITAS ANDALAS
PADANG
2025**

**ANALISIS IDENTITAS GENETIK DAN IMPLIKASINYA UNTUK
PEMILIHAN BIBIT UNGGUL TANAMAN GAMBIR (*Uncaria gambir* (W.
Hunter) Roxb.) DI SUMATERA BARAT MENGGUNAKAN SEKUEN ITS
(*INTERNAL TRANSCRIBED SPACER*) DAN *trnL-F* INTERGENIC
SPACER**

TESIS

OLEH:



PEMBIMBING

**Prof. Dr. SYAMSUARDI
Dr. MILDAWATI**

***Sebagai Salah Satu Syarat Untuk Memperoleh Gelar Magister Sains Pada
Program Studi Pascasarjana Biologi Fakultas Matematika Dan Ilmu
Pengetahuan Alam, Universitas Andalas***

**PROGRAM STUDI MAGISTER BIOLOGI
FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM
UNIVERSITAS ANDALAS
PADANG
2025**

ABSTRAK

Uncaria gambir (W. Hunter Roxb.) merupakan tanaman yang banyak dibudidayakan di Indonesia, khususnya di Provinsi Sumatera Barat sebagai penghasil utama ekstrak gambir. Jenis dan kualitas genetik bibit gambir berperan penting dalam menentukan kuantitas dan kualitas produk akhir. Keseragaman genetik sangat diperlukan untuk menjaga kualitas dan keberlanjutan produksi gambir. Penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi variasi genetik dan haplotipe bibit unggul *U. gambir* (dikenal secara lokal sebagai “Udang”) dari empat populasi utama di wilayah perkebunan Sumatera Barat, dengan menggunakan dua penanda molekuler: *internal transcribed spacer* (ITS) dan *trnL-F intergenic spacer*. DNA diekstraksi, diamplifikasi melalui *polymerase chain reaction* (PCR), dan disekuensing. Analisis dilakukan menggunakan perangkat bioinformatika seperti BioEdit untuk pensejajaran sekuen, DnaSP untuk mendeteksi polimorfisme dan menganalisis keragaman haplotipe, serta MEGA 11 untuk konstruksi pohon filogenetik dan perhitungan jarak genetik. Hasil analisis sekuen ITS menunjukkan terdapat tujuh haplotipe dengan nilai keragaman haplotipe (Hd) sebesar 0,633, sedangkan analisis *trnL-F* menghasilkan enam haplotipe dengan nilai Hd sebesar 0,632, yang secara keseluruhan mengindikasikan tingkat keragaman genetik yang tergolong sedang. Bibit unggul “Udang” diidentifikasi sebagai haplotipe H2 (dengan basa unik pada posisi ke-92 = C) dan H4 (posisi ke-42 = C) berdasarkan sekuen ITS, serta sebagai haplotipe H3 (posisi ke-6 = C, 26 = A, 31 = A, dan 398 = G) dan H4 (posisi ke-6 = C, 26 = A, dan 31 = A) berdasarkan sekuen *trnL-F*. Temuan ini memberikan informasi genetik penting untuk mendukung seleksi dan konservasi plasma nutfah *U. gambir* berkualitas tinggi dalam rangka keberlanjutan produksi di wilayah tersebut.

Kata Kunci: Filogenetik, ITS, keragaman haplotipe, *trnL-F Intergenic Spacer*, *U. gambir*



ABSTRACT

Uncaria gambir (W. Hunter Roxb.) is a widely cultivated plant in Indonesia, particularly in West Sumatra, the largest producer of gambir extract. The type and genetic quality of gambir seedlings significantly influence the yield and quality of the final product. Genetic uniformity plays a critical role in maintaining the quality and sustainability of gambir production. This study aimed to assess the genetic variation and haplotype identity of elite *U. gambir* seedlings (locally known as “Udang”) from four major cultivation regions in West Sumatra, Indonesia, using two molecular markers: the internal transcribed spacer (ITS) and the *trnL-F* intergenic spacer. DNA was extracted, amplified via polymerase chain reaction (PCR), and sequenced. Bioinformatics tools such as BioEdit, DnaSP, and MEGA 11 were employed for sequence alignment, polymorphism detection, haplotype diversity analysis, phylogenetic tree construction, and genetic distance measurement. ITS sequence analysis revealed seven haplotypes with a haplotype diversity (Hd) of 0.633, while *trnL-F* spacer sequences revealed six haplotypes with an Hd of 0.632, indicating a moderate level of genetic variation among populations. The elite “Udang” genotype was identified as haplotype H2 (with a unique base at position 92 = C) and H4 (position 42 = C) based on ITS sequences, and as haplotypes H3 (positions 6 = C, 26 = A, 31 = A, 398 = G) and H4 (positions 6 = C, 26 = A, 31 = A) based on *trnL-F* sequences. These findings provide essential genetic insights for the selection and conservation of high-quality *U. gambir* germplasm to support sustainable production in the region.

Keywords: Haplotype diversity, ITS, Phylogenetic, *trnL-F* Intergenic Spacer, *U. gambir*

