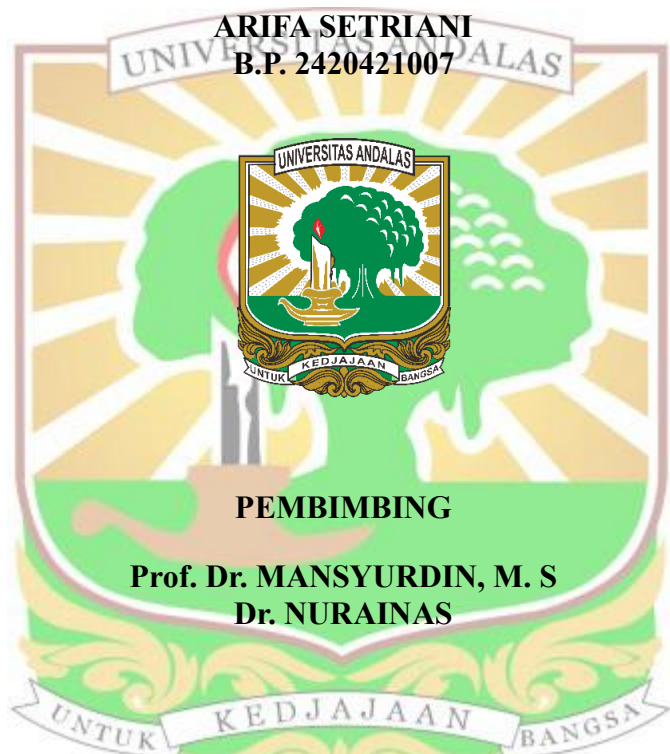


**ANALISIS VARIASI GENETIK JERUK SIAM (*Citrus nobilis* Lour.) DI
BEBERAPA SENTRA PRODUKSI SUMATRA BERDASARKAN
PENANDA INTERNAL TRANSCRIBED SPACER (ITS)**

TESIS

OLEH:

**ARIEA SETRIANI
B.P. 2420421007**



PEMBIMBING

**Prof. Dr. MANSYURDIN, M. S
Dr. NURAINAS**

***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

Jeruk siam (*Citrus nobilis* Lour.) merupakan komoditas hortikultura unggulan Indonesia dengan produksi tinggi dan sebaran kultivar luas. Meskipun berasal dari tiga sumber utama di Indonesia, penyebarannya ke berbagai wilayah telah memunculkan variasi morfologis dan genetik yang signifikan. Variasi genetik yang tinggi antar populasi dapat menurunkan kualitas dan konsistensi hasil panen. Informasi mengenai asal usul dan jalur introduksi populasi, penting untuk mendukung seleksi bibit unggul melalui pohon induk tunggal (PIT). Penelitian ini bertujuan untuk menganalisis karakteristik nukleotida, keragaman haplotipe dan *haplotype network* serta divergensi genetik dan filogenetik jeruk siam dari empat sentra produksi di Sumatra menggunakan penanda ITS. Penelitian ini dilakukan dengan metode deskriptif berdasarkan observasi molekuler, sedangkan pengambilan sampel dilakukan dengan metode survei dan koleksi langsung di lapangan. Selanjutnya, DNA diekstraksi, diamplifikasi (PCR), dan disekuensing. Hasil analisis menunjukkan 500 *conserved sites* dan delapan *variable sites*, dengan lima *singleton* dan tiga *parsimony sites*. Komposisi basa yang diperoleh adalah AT sebesar 34,76% dan GC sebesar 65,24%. Delapan haplotipe ditemukan dari 40 sampel, dengan Hap_1 sebagai haplotipe dominan yang dimiliki oleh 26 sampel. Keragaman haplotipe tertinggi di Gunung Omeh ($H_d = 0,73333$), dan keragaman nukleotida tertinggi di Bangkinang ($\pi = 0,00267$). Analisis filogenetik menunjukkan semua populasi membentuk kelompok monofiletik dengan divergensi genetik rendah (0,0027–0,0255), mencerminkan adanya pertukaran bibit antar sentra produksi dan asal bibit yang tidak seragam. Temuan ini memberikan informasi genetik penting sebagai dasar konservasi dan seleksi plasma nutfah *C. nobilis* untuk mendukung keberlanjutan produksi di Sumatra.

Kata Kunci: *divergensi genetik, filogenetik, haplotype network, ITS, keragaman haplotipe*

ABSTRACT

Siam orange (*Citrus nobilis* Lour.) is a leading horticultural commodity in Indonesia, characterized by high production levels and a wide distribution of cultivars. Although originating from a common genetic source, its spread across various regions has led to significant morphological and genetic variation. Uncontrolled genetic variation among populations can reduce the quality and consistency of harvests. Information on the origin and introduction pathways of populations is essential to support the selection of superior planting materials through single mother trees (PIT). This study aimed to analyze nucleotide characteristics, haplotype diversity and *Haplotype network*, as well as genetic divergence and phylogeny of *C. nobilis* from four major production centers in Sumatra using the internal transcribed spacer (ITS) marker. The study employed a descriptive method based on molecular observations, with sample collection carried out through field surveys and direct sampling. DNA was extracted, amplified via polymerase chain reaction (PCR), and sequenced. The analysis identified 500 conserved sites and eight *variable sites*, consisting of five singleton and three parsimony sites. Base composition was 34.76% AT and 65.24% GC. Eight haplotypes were identified from 40 samples, with Hap_1 being the dominant haplotype found in 26 samples. The highest haplotype diversity was observed in Gunung Omeh ($H_d = 0.73333$), while the highest nucleotide diversity was found in Bangkinang ($\pi = 0.00267$). Phylogenetic analysis showed that all populations formed a monophyletic group with low genetic divergence (0.0027–0.0255), reflecting the exchange of planting material among production centers and non-uniform sources of origin. These findings provide important genetic information to support the conservation and selection of *C. nobilis* germplasm for sustainable cultivation in Sumatra.

Keyword: *genetic divergence, phylogenetics, haplotype network, ITS, haplotype diversity*