ANALISISSEKUEN DAN FILOGENETIK BERDASARKAN GEN *matK* dan *rbcL* PADA TUMBUHAN ULIN (*Eusideroxylon zwageri* Teijsm & Binn.) DARI PONTIANAK

LISA LESTARI
H1041221051

SKRIPSI

PROGRAM STUDI BIOLOGI
FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM
UNIVERSITAS TANJUNGPURA
PONTIANAK
2026

ANALISISSEKUEN DAN FILOGENETIK BERDASARKAN GEN *matK* dan *rbcL* PADA TUMBUHAN ULIN (*Eusideroxylon zwageri* Teijsm & Binn.) DARI PONTIANAK

LISA LESTARI
H1041221051

SKRIPSI

Sebagai salah satu syarat untuk memperoleh gelar
Sarjana Sains pada Program Studi Biologi

PROGRAM STUDI BIOLOGI
FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM
UNIVERSITAS TANJUNGPURA
PONTIANAK
2026

LEMBAR PENGESAHAN

Judul Tugas Akhir	: Analisis Sekuen Dan Filogenetik Berdasarkan Gen *matK* dan *rbcL* Pada Tumbuhan Ulin (*Eusideroxylon zwageri* Teijsm & Binn.) Dari Pontianak
Nama Mahasiswa	: Lisa Lestari
NIM	: H1041221051
Jurusan/Program Studi	: Biologi/Biologi
Tanggal Lulus	: 20 Juli 2026
SK Pembimbing	: No. 3497/UN22.8/TD.06/2025/Tanggal 8 Oktober 2025
SK Penguji	: H0·1628 / 05T / UN22.8 / DT.00.09 / 2026 / 22 Juli 2026

Dosen Pembimbing

Pembimbing I

Siti Ifadatin, S.Si., M.Si
NIP 197103272000032001

Pembimbing II

Dr. Dwi Gusmalawati, S.Si., M.Si
NIP 198408072014042002

Dosen Penguji

Ketua Penguji

Irwan Lovadi, S.Si., M.App.Sc.,Ph.D
NIP 197803192001121002

Anggota Penguji

Firman Saputra, S.Si., M.Sc
NIP 198302112008121003

Pimpinan Sidang
(merangkap anggota penguji)

Siti Ifadatin, S.Si., M.Si
NIP 197103272000032001

Sekretaris Sidang
(merangkap anggota penguji)

Dr. Dwi Gusmalawati, S.Si., M.Si
NIP 198408072014042002

Mengesahkan
Dekan Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam
Universitas Tanjungpura

Prof. Dr. Gusrizal, S.Si., M.Si.
NIP 197108022000031001

PERNYATAAN INTEGRITAS AKADEMIK

Saya yang bertanda tangan di bawah ini :

Nama	: Lisa Lestari
NIM	: H1041221051
Program Studi/ Jurusan	: Biologi/Biologi
Fakultas	: Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam

dengan ini menyatakan bahwa dokumen Ilmiah Tugas Akhir yang disajikan ini tidak mengandung unsur pelanggaran intergritas akademik sesuai Peraturan Mentri Pendidikan, Kebudayaan, Riset, dan Teknologi Republik Indonesia Nomor 39 Tahun 2021. Apabila di kemudian hari dokumen Ilmiah Tugas Akhir ini mengandung unsur pelanggaran intergritas akademik sesuai ketentuan perundangan tersebut, maka saya bersedia menerima sanksi akademik dan/atau sanksi hukum yang berlaku.

Demikian pernyataan ini untuk digunakan sebagaimana mestinya.

Pontianak, 13 Juli 2026



Lisa Lestari
H1041221051

Analisis Sekuen dan Filogenetik berdasarkan gen *matK* dan *rbcL* pada Tumbuhan Ulin (*Eusideroxylon zwageri* Teijsm & Binn.) dari Pontianak

Abstrak

Eusideroxylon zwageri merupakan tumbuhan endemik famili Lauraceae yang penyebarannya di Kalimantan Barat masih belum banyak dikaji secara molekuler. Penelitian ini bertujuan menganalisis variasi sekuen, keragaman genetik, dan filogenetik *E. zwageri* asal Pontianak berdasarkan gen *matK* dan *rbcL*. Penelitian menggunakan tiga individu dengan metode isolasi DNA, amplifikasi DNA, dan sekuensing. Amplifikasi PCR menghasilkan sekuen parsial gen *matK* ±800 bp dan *rbcL* ±600 bp. Analisis penjajaran menunjukkan 20 perbedaan nukleotida pada gen *matK* dan 13 pada gen *rbcL* terhadap sekuen pembanding. Keragaman genetik dihitung menggunakan DnaSP menunjukkan nilai *nucleotide diversity* (π) pada populasi Pontianak sebesar 0,01031 (*matK*) dan 0,01072 (*rbcL*), sedangkan dengan sekuen pembanding sebesar 0,00972 dan 0,00981, dengan *haplotype diversity* (Hd) 0,933–1 yang mengindikasikan keragaman nukleotida rendah, tetapi keragaman *haplotype* tinggi. Analisis jarak genetik dan filogenetik dilakukan menggunakan MEGA 11 dengan model Kimura 2-Parameter (K2P) dan metode *Maximum Likelihood* (ML) dengan bootstrap 1000x. Nilai jarak genetik sebesar 0–0,01623 (*matK*) dan 0–0,02059 (*rbcL*) menunjukkan kedekatan genetik antar sampel. Analisis filogenetik menunjukkan bahwa *E. zwageri* asal Pontianak berkerabat paling dekat dengan sampel asal Cina berdasarkan gen *matK* dan sampel asal Bogor berdasarkan gen *rbcL*.

Kata kunci : *Eusideroxylon*, kekerabatan, Kalimantan Barat, gen kloroplas

Sequence and Phylogenetic Analysis based on matK and rbcL Genes in Ulin Trees (Eusideroxylon zwageri Teijsm & Binn.) from Pontianak

Abstract

Eusideroxylon zwageri is an endemic plant from the Lauraceae family, and its distribution in West Kalimantan has still been rarely studied at the molecular level. This study aims to analyze sequence variation, genetic diversity, and the phylogeny of E. zwageri from Pontianak based on the matK and rbcL genes. The study used three individuals with DNA isolation, DNA amplification, and sequencing methods. The amplification results produced partial sequences of the matK gene ±800 bp and rbcL ±600 bp. Alignment analysis showed 20 nucleotide differences in the matK gene and 13 in the rbcL gene compared to reference sequences. Genetic diversity calculated using DnaSP showed nucleotide diversity (π) values in the Pontianak population of 0.01031 (matK) and 0.01072 (rbcL), while compared to reference sequences it was 0.00972 and 0.00981, with haplotype diversity (Hd) of 0.933–1, indicating low nucleotide diversity but high haplotype diversity. Genetic distance and phylogenetic analyses were carried out using MEGA 11 with the Kimura 2-Parameter (K2P) model and Maximum Likelihood (ML) method with 1000x bootstrap. The genetic distance values of 0–0.01623 (matK) and 0–0.02059 (rbcL) indicate close genetic relationships between the samples. Phylogenetic analysis showed that E. zwageri from Pontianak is most closely related to the sample from China based on the matK gene and to the sample from Bogor based on the rbcL gene.

Keywords: Eusideroxylon, kinship, West Kalimantan, chloroplast genes

PRAKATA

Puji dan syukur penulis panjatkan kepada Allah SWT karena berkat dan rahmat-Nya sehingga penulis dapat menyusun skripsi dengan judul Analisis Sekuen dan Filogenetik berdasarkan Gen *matK* dan *rbcL* pada Tumbuhan *Eusideroxylon zwageri* Teijsm & Binn.) dari Pontianak. Skripsi ini disusun untuk memenuhi salah satu syarat memperoleh gelar Sarjana Sains (S.Si) dari Jurusan Biologi, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Tanjungpura, Pontianak.

Penelitian ini dapat diselesaikan berkat partisipasi dan dukungan dari berbagai pihak. Oleh karena itu penulis menyampaikan terima kasih kepada Ayah Seman dan Ibu Tinah yang selalu mendoakan, saudaraku kakak dan abang serta keluarga besar yang telah memberikan semangat. Terima kasih juga kepada Siti Ifadatin, S.Si., M.Si selaku dosen pembimbing pertama, dan Dr. Dwi Gusmalawati, S.Si., M.Si selaku dosen pembimbing kedua, yang telah aktif memberi arahan kepada penulis dalam menyelesaikan permasalahan yang dilalui pada saat penelitian dan penulisan skripsi. Penulis juga menyampaikan ucapan terima kasih kepada :

1. Prof. Dr. Gusrizal, S.Si, M.Si selaku Dekan Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam Universitas Tanjungpura Pontianak
2. Dr. Dwi Gusmalawati, S.Si., M.Si selaku Ketua Jurusan/Program Studi Biologi Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam Universitas Tanjungpura Pontianak.
3. Irwan Lovadi, S.Si., M.App.Sc, Ph.D dan Firman Saputra, S.Si., M.Sc selaku dosen penguji pertama dan kedua yang telah memberi masukan, saran, dan evaluasi terkait skirpsi penulis.
4. Seluruh dosen Biologi dan FMIPA yang telah memberikan ilmu, arahan, serta dedikasi dalam mendidik penulis selama masa perkuliahan.
5. Laboratorium Terpadu yang telah menyediakan fasilitas alat sebagai pendukung penelitian.
6. Laboran Biologi Margie Surahman, Sri Rahayu, Emma Khairiah dan Laboran Lab Terpadu Devinda Ekarizky Diputri yang telah banyak membantu serta mengarahkan penulis saat penelitian.
7. Seluruh staff tenaga Kependidikan FMIPA Universitas Tanjungpura Pontianak.
8. Nanda Ayu, Amydsa Azzahra, Bartolomeus Dartim Siki, Putri Ansan, Andres, Rhido, Grasia Mesy, Kesa Paramu Dita dan lain-lain selaku rekan penelitian juga sebagai teman yang telah memberikan dukungan dan motivasi.
9. Teman-teman Angkatan 2022 Biosvara yang telah memberikan dukungan dan selalu aktif dalam membantu penulis.

Semoga skripsi ini dapat memberikan manfaat dan menambah wawasan bagi pembaca. Akhir kata penulis mengucapkan terima kasih.

Pontianak, Juli 2026

Lisa Lestari
(H1041221051)

DAFTAR ISI

PRAKARTA ..... **vi**
DAFTAR ISI ..... **vii**
DAFTAR GAMBAR ..... **viii**
DAFTAR TABEL ..... **viii**
DAFTAR LAMPIRAN ..... **viii**
BAB 1 PENDAHULUAN
1.1 Latar Belakang 1
1.2 Rumusan Masalah 2
1.3 Tujuan 3
1.4 Manfaat 3
BAB II TINJAUAN PUSTAKA
2.1 Ulin (*Eusideroxylon zwageri*) 4
2.2 DNA *barcode* 5
2.3 Filogenetik 5
BAB III METODE PENELITIAN
3.1 Waktu dan Tempat 7
3.2 Alat dan Bahan 7
3.3 Metode Molekuler
3.3.1 Pengambilan Sampel 7
3.3.2 Ekstraksi DNA 7
3.3.3 PCR 8
3.3.4 Visualisasi hasil PCR 9
3.3.5 Sekuensing DNA 9
3.3.6 Analisis Data 9
BAB IV HASIL DAN PEMBAHASAN
4.1 Hasil 11
4.1.1 Analisis Penjajaran Sekuen DNA Tumbuhan *E. zwageri* dari Pontianak, Berdasarkan Gen *matK* dan *rbcL* 11
4.1.2 Analisis Filogenetik Tumbuhan *E. zwageri* dari Pontianak, Berdasarkan Gen *matK* dan *rbcL* 16
4.2 Pembahasan 17
BAB V PENUTUP
5.1 Kesimpulan 23
5.2 Saran 23
DAFTAR PUSTAKA **24**
LAMPIRAN **28**

DAFTAR GAMBAR

Gambar 2.1 Tumbuhan *E. zwageri*..... 4
Gambar 4.1 Amplifikasi Pita DNA *E. zwageri* 11
Gambar 4.2 Penjajaran Sekuen DNA berdasarkan Gen *matK*..... 12
Gambar 4.3 Penjajaran Sekuen DNA berdasarkan Gen *rbcL*..... 13
Gambar 4.4 Filogenetik *E. zwageri* gen *matK*..... 16
Gambar 4.5 Filogenetik *E. zwageri* gen *rbcL*..... 17

DAFTAR TABEL

Tabel 3.1 Jenis dan Urutan Basa Primer..... 9
Tabel 3.2 Hasil Pencarian sekuen Pembanding pada Situs NCBI..... 10
Tabel 4.1 Hasil BLAST sekuen sampel dengan pembanding..... 11
Tabel 4.2 Parameter keragaman genetik *E. zwageri* 14
Tabel 4.3 Hasil jarak genetik *E. zwageri* gen *matK*..... 15
Tabel 4.4 Hasil jarak genetik *E. zwageri* gen *rbcL*..... 15

DAFTAR LAMPIRAN

Lampiran 1. Tumbuhan *E. zwageri* 28
Lampiran 2. Tabel hasil BLAST *E. zwageri* dengan sekuen pembanding dari NCBI berdasarkan sekuen gen *matK* 28
Lampiran 3. Tabel hasil BLAST *E. zwageri* dengan sekuen pembanding dari NCBI berdasarkan sekuen gen *rbcL*..... 29

BAB I
PENDAHULUAN

1.1 Latar Belakang

Salah satu tumbuhan endemik Kalimantan yang bernilai ekologis dan ekonomis tinggi adalah ulin (*Eusideroxylon zwageri* Teijsm. & Binn.). Tumbuhan ini dikenal dengan sebutan "kayu besi" karena memiliki karakteristik kayu yang sangat kuat, keras, tahan terhadap rayap, kelembapan tinggi, dan cuaca ekstrem. Kayu *E. zwageri* banyak dimanfaatkan untuk konstruksi bangunan, jembatan, serta perkapalan karena ketahanannya yang luar biasa. Selain itu, bagi masyarakat lokal *E. zwageri* memiliki nilai budaya dan filosofis, bahkan dianggap sebagai simbol kekuatan alam dan keberlanjutan hidup (Qie *et al.,* 2019).

Keberadaan *E. zwageri* kini semakin terancam, populasinya menurun drastis akibat eksploitasi berlebihan, penebangan liar, pertumbuhan yang lambat (membutuhkan ratusan tahun untuk mencapai ukuran optimal), serta konversi hutan menjadi lahan pertanian dan perkebunan. Degradasi habitat ditambah rendahnya tingkat regenerasi alami menyebabkan kelangkaan spesies ini semakin serius. *International Union for Conservation of Nature* (IUCN) bahkan telah menetapkan *E. zwageri* sebagai spesies terancam punah (*vulnerable*), sehingga upaya konservasi segera diperlukan (Kunarso *et al.,* 2019).

Kelangkaan *E. zwageri* di Kalimantan menuntut adanya pendekatan konservasi yang lebih serius, termasuk melalui identifikasi genetik. Identifikasi berbasis morfologi sering kali sulit dilakukan, terutama jika kayu sudah berupa potongan atau produk olahan sehingga berpotensi salah klasifikasi. Oleh karena itu, analisis DNA barcoding menjadi solusi yang lebih akurat dan dapat diandalkan. Teknik ini menggunakan sekuen gen tertentu, seperti *matK* dan *rbcL* yang telah direkomendasikan secara global sebagai DNA barcode standar untuk tumbuhan (CBOL Plant Working Group, 2009).

Gen *rbcL* memiliki tingkat keberhasilan amplifikasi dan sekuensing yang tinggi, sedangkan gen *matK* memiliki variasi nukleotida yang lebih besar sehingga lebih efektif membedakan spesies berkerabat dekat. Oleh karena itu, kombinasi kedua gen tersebut banyak digunakan untuk menghasilkan identifikasi spesies tumbuhan yang lebih akurat (Hollingsworth *et al.,* 2009). Selain sebagai penanda

identifikasi spesies, gen *matK* dan *rbcL* juga dapat digunakan untuk menganalisis parameter keragaman genetik, seperti *nucleotide diversity* (π), jumlah *haplotype* (h) dan *haplotype diversity* (Hd), serta jarak genetik antar individu maupun populasi. Analisis tersebut memberikan informasi mengenai variasi genetik, hubungan kekerabatan, dan menjadi dasar penting dalam upaya konservasi serta pengelolaan sumber daya genetik *E. zwageri* (Kanaka *et al*., 2023)

Beberapa penelitian pada *E. zwageri* telah memanfaatkan berbagai penanda molekuler untuk mengkaji keragaman genetik dan hubungan antarpopulasi, seperti RAPD untuk analisis keragaman genetik dan struktur populasi (Sheeja *et al.,* 2020), genom plastida lengkap untuk kajian filogenomik (Zha, 2025), serta penanda mikrosatelit nuklir (nSSR) untuk menganalisis struktur genetik dan heterozigositas antarpopulasi (Meena *et al.,* 2025). Penelitian berbasis PCR pada *E. zwageri* di Indonesia masih terbatas. Kajian DNA barcoding lebih banyak dilakukan pada kayu komersial lain, seperti jati, merbau, dan meranti, menggunakan gen *matK* dan *rbcL* (Hidayat *et al*., 2018). Pada *E. zwageri*, penelitian umumnya masih berfokus pada penanda kloroplas untuk analisis struktur genetik, sedangkan DNA barcoding, khususnya pada populasi dari Pontianak, Kalimantan Barat, belum dilaporkan (Arifin *et al*., 2021). Selain itu, data *E. zwageri* di NCBI masih sangat terbatas, yaitu hanya 5 sekuens gen *matK* dan 4 sekuens gen *rbcL*.

Sampel *E. zwageri* dalam penelitian ini merupakan individu yang tumbuh di Pontianak, Kalimantan Barat, sehingga penyebutan "Pontianak" mengacu pada lokasi pengambilan sampel, bukan asal usul asli. Demikian pula, sekuen pembanding dari GenBank yang tercatat berasal dari Bogor dan Cina belum tentu menunjukkan daerah asal alami masing-masing individu. Oleh karena itu, analisis difokuskan pada perbandingan variasi genetik berdasarkan sekuen DNA, bukan asal geografis sampel.

1.2 Rumusan Masalah

Rumusan masalah penelitian ini adalah :

1. Bagaimana urutan nukleotida sekuen gen *matK* dan *rbcL* pada *E. zwageri* dari Pontianak?
2. Bagaimana keragaman dan jarak genetik *E. zwageri* dari Pontianak dengan *E. zwageri* dari data NCBI berdasarkan sekuen gen *matK* dan *rbcL*?
3. Bagaimana filogenetik *E. zwageri* dari Pontianakdengan *E. zwageri* dari data NCBI berdasarkan sekuen gen *matK* dan *rbcL*?

1.3 Tujuan

Penelitian ini bertujuan untuk:

1. Mengetahui urutan nukleotida sekuen gen *matK* dan *rbcL* pada *E. zwageri* dari Pontianak.
2. Mengetahui keragaman dan jarak genetik *E. zwageri* dari Pontianak dengan *E. zwageri* dari data NCBI berdasarkan sekuen gen *matK* dan *rbcL*.
3. Membuat pohon filogenetik *E. zwageri* dari Pontianak dengan *E. zwageri* dari data NCBI berdasarkan sekuen gen *matK* dan *rbcL*

1.4 Manfaat

Hasil analisis sekuen dapat dimanfaatkan sebagai data pendukung dalam identifikasi dan verifikasi spesies, sedangkan analisis keragaman genetik dapat memberikan gambaran mengenai variasi genetik yang dimiliki populasi *E. zwageri*. Selain itu, pohon filogenetik yang dihasilkan dapat digunakan untuk mengetahui tingkat kekerabatan antara sampel penelitian dan sekuen pembanding dari berbagai daerah/negara, sehingga dapat memberikan informasi mengenai hubungan evolusioner dan pola kedekatan genetik antar populasi. Informasi yang diperoleh dari penelitian ini juga diharapkan dapat menjadi dasar ilmiah dalam upaya konservasi dan pengelolaan sumber daya genetik *E. zwageri* secara berkelanjutan.