



## **ANALISIS VARIASI GENETIK DAN FILOGENETIK STROBERI (*Fragaria* spp.) BERDASARKAN GEN *matK***

Muhammad Fatih  
21/479467/BI/10808

Dosen Pembimbing: Ganies Riza Aristya, S.Si., M.Sc., Ph.D.

### **INTISARI**

Stroberi termasuk komoditas buah yang digemari dengan bentuk unik dan cita rasa sehingga banyak dibudidayakan. Stroberi yang dibudidayakan di Indonesia adalah stroberi hibrid yang berasal dari hasil kultivasi berbagai jenis stroberi. Produktivitas stroberi di Indonesia belum sebanding dengan permintaan pasar karena hanya dibudidayakan pada daerah dataran tinggi. Pemuliaan tanaman melalui proses seleksi berdasarkan variasi genetik perlu dilakukan sebagai dasar pengembangan kultivar unggul dengan adaptasi terhadap kondisi lingkungan lokal. Analisis variasi genetik menggunakan DNA *barcoding* dengan gen *matK* dapat dilakukan secara cepat, akurat, dan efektif. Penelitian dilakukan dengan tujuan menganalisis variasi genetik, jarak genetik, pola distribusi, dan hubungan filogenetik stroberi berdasarkan analisis sekuens gen *matK*. Metode yang dilakukan meliputi koleksi sampel, isolasi DNA, uji kualitatif dan kuantitatif DNA, amplifikasi gen *matK*, uji *sequencing*, penyelarasan dan persiapan sekuens, deteksi variasi genetik, pengukuran jarak genetik, pembuatan *haplotype network*, *principal coordinate analysis*, dan konstruksi filogenetik. Sebanyak 16 sampel kultivar stroberi terkoleksi dari tiga lokasi di Indonesia. Sejumlah 10 sekuens stroberi dan satu *outgroup* gen *matK* dikoleksi dari referensi bank data. Hasil penelitian ini diketahui bahwa berdasarkan analisis gen *matK* memiliki variasi yang kecil dengan jarak genetik kurang dari 0,0116 (1,16%) pada kultivar stroberi Indonesia atau intraspesies, sedangkan jarak genetik pada antarspesies sedikit lebih tinggi dengan nilai kurang dari 0,0121 (1,21%). Pola distribusi menunjukkan bahwa kultivar stroberi Indonesia memiliki kemiripan dengan spesies stroberi dari negara lain meliputi Amerika Serikat, Canada, Cina, dan Italia sebagai indikasi penurunan keragaman genetik stroberi hibrid. Kontruksi filogenetik dengan metode *Maximum-Likelihood* dan *Bayesian Inference* menunjukkan bahwa kultivar stroberi Indonesia memiliki hubungan kekerabatan yang dekat berdasarkan analisis gen *matK*, terutama kultivar ‘Moha’ dan ‘Geolhyang’ dengan indikasi terjadinya proses evolusi lebih panjang akibat kultivasi secara terus-menerus. Penelitian lebih lanjut menggunakan banyak data genetik perlu dilakukan untuk mendukung program pemuliaan tanaman untuk mendapatkan kultivar unggul stroberi lokal.

Kata Kunci: DNA *barcoding*, filogenetik, *gen matK*, stroberi, variasi genetik,



# **GENETIC VARIATION AND PHYLOGENETIC ANALYSIS OF STRAWBERIES (*Fragaria* spp.) BASED ON THE *matK* GENE**

Muhammad Fatih  
21/479467/BI/10808

Supervisor: Ganies Riza Aristya, S.Si., M.Sc., Ph.D.

## ***ABSTRACT***

Strawberries are a popular fruit commodity widely cultivated because unique shapes and flavors. Strawberries cultivated in Indonesia are hybrid strawberries derived from the cultivation of various types of strawberries. The productivity of strawberries in Indonesia is not yet comparable to market demand because it is only cultivated in highland areas. Plant breeding through a selection process based on genetic variation needs to be carried out as a basis for developing superior varieties with adaptation to local environmental conditions. Genetic variation analysis using DNA barcoding with the *matK* gene can be conducted quickly, accurately, and effectively. This research aims to determine the genetic variation, genetic distance, distribution patterns, and phylogenetic relationships of strawberries based on *matK* gene sequence analysis. The methods used include sample collection, DNA isolation, qualitative and quantitative DNA tests, *matK* gene amplification, sequencing tests, sequence alignment and preparation, genetic variation detection, genetic distance measurement, haplotype network creation, principal coordinate analysis, and phylogenetic construction. A total of 16 strawberries cultivar sample were collected from three locations in Indonesia. Ten strawberries sequence and one outgroup *matK* gene were collected from reference databases. The results of this study show that based on the *matK* gene analysis, there was a small variation with a genetic distance of less than 1.16% in Indonesian strawberry cultivars or intraspecies, while the genetic distance between species was slightly higher with a value of less than 1.21%. The distribution pattern showed that Indonesian strawberry cultivars have similarities with strawberry species from other countries including the United States, Canada, China, and Italy as an indication of a decrease in the genetic diversity of hybrid strawberries. Phylogenetic construction using the Maximum-Likelihood and Bayesian Inference methods showed that Indonesian strawberry cultivars had a close relationship based on the *matK* gene analysis, especially the 'Moha' and 'Geolhyang' cultivars with an indication of a longer evolutionary process due to continuous cultivation. Further research using a larger genetic dataset is necessary to support plant breeding programs aimed at obtaining superior local strawberry varieties.

Keywords: DNA barcoding, genetic variation, *matK* gene, phylogenetic, strawberries