

Analisis Filogenetik Cantigi Ungu (*Vaccinium varingiifolium* (Blume) Miq.) Jawa Barat berdasarkan DNA Barcoding Gen Penanda *matK* dan *rbcL* = Phylogenetic Analysis of Purple Cantigi (*Vaccinium varingiifolium* (Blume) Miq.) West Java based on DNA Barcoding of *matK* and *rbcL* Marker Genes

Zaika Rajabdihara Kurniawan, author

Deskripsi Lengkap: <https://lib.ui.ac.id/detail?id=9999920542188&lokasi=lokal>

Abstrak

Cantigi ungu (*Vaccinium varingiifolium*) merupakan tumbuhan yang teramatinya hanya dapat tumbuh di daerah pegunungan dengan ketinggian 1800—3340 mdpl di Indonesia. Cantigi ungu memiliki manfaat sebagai sumber makanan dan memiliki kadar antioksidan yang tinggi. *Vaccinium* spp. di Amerika telah didomestikasi sehingga memiliki nilai komersial. Proses domestikasi tersebut melibatkan identifikasi morfologi, tetapi identifikasi secara molekuler lebih baik digunakan agar breeding menjadi efisien dan efektif. Identifikasi molekuler dapat menggunakan DNA barcoding dan rekonstruksi filogeni. Consortium for the Barcode of Life (CBOL) telah menetapkan bahwa *matK* dan *rbcL* merupakan gen penanda (DNA barcoding) yang ideal dalam identifikasi tumbuhan terestrial. Gen *matK* dan *rbcL* merupakan gen yang berada pada kloroplas. Hasil analisis filogenetik Cantigi ungu yang ada hanya menggunakan gen penanda ITS. Tujuan dari penelitian ini adalah menganalisis dan mengonfirmasi kekerabatan sekuens Cantigi ungu yang dikoleksi dari Gunung Gede, Gunung Tangkuban Parahu dan Kawah Putih Ciwidey menggunakan gen penanda *matK* dan *rbcL* dengan rekonstruksi pohon filogeni. DNA Cantigi Ungu dari tiga tempat berbeda di Jawa Barat diisolasi menggunakan kit ekstraksi DNA tanaman kemudian dilakukan amplifikasi PCR dan optimasi suhu annealing. Suhu annealing optimal Cantigi ungu pada *matK* adalah 52°C dan *rbcL* adalah 55°C. Hasil amplifikasi PCR tersebut kemudian disekuensing, dilakukan contig sekuens, di-trimming dan diunggah pada GenBank. Hasil BLAST sekuens ketiga sampel Cantigi ungu pada kedua gen menunjukkan bahwa ketiga sampel Cantigi ungu merupakan spesies yang sama. Hasil analisis alignment menunjukkan bahwa ketiga sampel Cantigi ungu memiliki indeks similaritas 100% pada kedua gen. Hasil Rekonstruksi pohon filogeni dengan *Vaccinium* spp. dan out-group menunjukkan bahwa ketiga sampel berada pada cabang yang sama, mengindikasikan bahwa ketiga sampel tersebut berasal dari spesies yang sama, *Vaccinium varingiifolium*.

.....The Purple Cantigi (*Vaccinium varingiifolium*) is a plant observed to only grow in mountainous areas at altitudes of 1800—3340 meters above sea level in Indonesia. The Purple Cantigi has benefits as a food source and possesses a high level of antioxidants. *Vaccinium* spp. in America has been domesticated, thus having commercial value. The domestication process involves morphological identification, but molecular identification is preferably used for efficient and effective breeding. Molecular identification can utilize DNA barcoding and phylogenetic reconstruction. The Consortium for the Barcode of Life (CBOL) has established that *matK* and *rbcL* are ideal marker genes (DNA barcoding) for identifying terrestrial plants. The *matK* and *rbcL* genes are located

in the chloroplast. The only available results of the phylogenetic analysis of purple Cantigi use the *ITS* marker gene. This research aims to analyze and confirm the sequence relationships of the Purple Cantigi collected from Mount Gede, Mount Tangkuban Parahu, and Kawah Putih Ciwidey using the *matK* and *rbcL* marker genes with phylogenetic tree reconstruction. DNA of the Purple Cantigi from three different places in West Java was isolated using a plant DNA extraction kit and then subjected to PCR amplification and annealing temperature optimization. The optimal annealing temperature for the Purple Cantigi in *matK* was 52°C, and in *rbcL* was 55°C. The PCR amplification results were sequenced; contig sequences were performed, trimmed, and uploaded to GenBank. BLAST results of the sequence of the three Purple Cantigi samples on both genes showed that all three samples are the same species. Alignment analysis showed that all three Purple Cantigi samples have a 100% similarity index on both genes. Phylogenetic tree reconstruction with *Vaccinium* spp. and out-group showed that all three samples are on the same branch, indicating they belong to the same species, *Vaccinium varingiifolium*.