

Analisis Variasi Sekuen Gen Beberapa Tumbuhan Genus *Syzygium* Berdasarkan Gen *MatK*

Rifqi Takriyatu Haryati¹, Anggi Junita Sari^{1*}, Agus Muji Santoso^{*1}

¹ Program Studi Pendidikan Biologi Universitas Nusantara PGRI Kediri

*Penulis korespondensi: agusmujisantoso@unpkediri.ac.id

ABSTRACT

Genetic variation analysis aims to determine biodiversity at the gene level and to identify superior germplasm for plant breeding. The *matK* (Maturase K) gene is a chloroplast gene of approximately 1,500 base pairs (bp) located within the *trnK* intron and can reveal more specific molecular characteristics. This study aims to determine gene variation within the genus *Syzygium* based on the *matK* gene. The method used was descriptive exploratory. The research stages began with downloading *matK* gene DNA sequences of the genus *Syzygium* from the GenBank database on the NCBI website, followed by sequence alignment using BioEdit version 7.2.5, and subsequently analyzing the variation sites of the *matK* gene in the genus *Syzygium*. The results of the alignment of six *matK* gene DNA sequences revealed 23 gene variation sites within the genus *Syzygium*.

Key words:

Syzygium genus, genetic variation, *matK* gene

Riwayat artikel

Diterima:16/11/2025

Diperbaiki:-

Terbit:8/5/2026

PENDAHULUAN

Myrtaceae merupakan salah satu famili dari ordo Myrtales yang tersebar di daerah tropis dan subtropis, famili ini memiliki kurang lebih 2.050 spesies yang terbagi dalam 137 genus. Genus utamanya antara lain : *Eugenia* (600 spesies), *Eucalyptus* (500 spesies), *Myrcia* (300 spesies), *Syzygium* (300 spesies), *Psidium* (100 spesies), *Melaleuca* (100 spesies), dan *Callistemon* (25 spesies) (Singh, 2009). Genus dari famili Myrtaceae yang populer dikalangan masyarakat adalah genus *Syzygium* karena buah pada genus ini sering dikonsumsi oleh masyarakat. Namun, pada dasarnya genus *Syzygium* tidak hanya jambu-jambuan tetapi banyak jenis tumbuhan lain yang termasuk dalam kekerabatannya.

Syzygium memiliki lebih dari 1000 spesies dan tersebar di daerah tropis (Asif dkk., 2013). *Syzygium* memiliki berbagai manfaat sebagai : makanan (*S. malaccense* dan *S. samarangense*), tanaman hias dan obat – obatan (*S. aromaticum*, *S. cumini*, *S. polyanthum*, dan *S. jambos*). *Syzygium* adalah genus yang cukup sulit untuk diidentifikasi karena karakter morfologi yang relatif sedikit meskipun konsisten dalam menghubungkan spesies ke dalam kelompok spesies tertentu dengan baik (Widodo, 2012).

Variasi genetik dapat terjadi pada tingkat asam nukleat yaitu DNA, pada tingkat kromosom atau pada set kromosom (Damayanti, 2012). Variasi genetik bertujuan untuk mengetahui keanekaragaman hayati pada tingkat gen. Variasi genetik merupakan hal

penting dalam konservasi genetik yang diperuntukkan sebagai populasi dasar untuk kegiatan pemuliaan (Sumardi, 2016). Variasi genetik diperlukan dalam pencarian bibit unggul yang tahan terhadap toleran kekeringan, resistensi hama dan peningkatan produksi buah dalam rangka pemuliaan tanaman. Maka perlu diidentifikasi karakteristik variasi gen pada genus *Syzygium*. Variasi genetik diperoleh dari sekuen DNA barcode. Salah satu penanda molekuler yang saat ini digunakan dalam mengungkapkan taksonomi yaitu DNA barcode yang dapat menunjukkan variasi genetik dalam suatu spesies (Hebert, 2003). Identifikasi spesies berbasis sekuens DNA merupakan metode yang cepat, akurat, konsisten dan dapat dipertanggungjawabkan. Teknik DNA barcoding pada tumbuhan dapat digunakan sebagai identifikasi dan konfirmasi penemuan spesies baru dan monitoring perubahannya dari waktu ke waktu dengan biaya efektif. Gen *matK* (*Maturase K*) merupakan gen berkloroplas dengan ukuran sekitar 1500 pasang basa (bp) yang terletak di intron *trnK*. Barcode *matK* memiliki kemampuan pembeda yang lebih baik untuk mengidentifikasi sampel dalam penelitian variasi intraspesifik (Kolondam dkk., 2012). Gen *matK* merupakan salah satu dari coding gene yang paling variatif pada Angiospermae sehingga gen ini dijadikan barcode untuk tanaman darat. Gen *matK* adalah gen populer yang digunakan dalam DNA Barcode tanaman di dunia, maka penyusunan DNA barcode berdasarkan gen *matK* diharapkan dapat menunjukkan karakter molekuler yang spesifik dari genus *Syzygium*. Tujuan dari penelitian ini yaitu untuk menganalisis variasi gen pada genus *Syzygium* berdasarkan Gen *matK*.

METODE

Metode yang digunakan yaitu deskriptif eksploratif, analisis data dilakukan dengan analisis data sekuens DNA *matK* genus *Syzygium* yang diperoleh dari gen bank pada web NCBI (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>) data disimpan dengan format FASTA, kemudian data sekuens DNA *matK* genus *Syzygium* disejajarkan melalui aplikasi BioEdit versi 7.2.5, dengan cara mengubah data sekuens DNA ke accessory application lalu klik clustalW multiple alignment, selanjutnya klik *view conservation by plotting identities to a standard a dot*. Melalui tahap ini diperoleh data variasi gen *matK* genus *Syzygium*. Kemudian dilihat letak variasi spesies pada tapak sekuens DNA.

HASIL DAN PEMBAHASAN

	80	120	150	160	250
					
S. aromaticum	TTTCGAGAGTA	AAATAGATCG	TTATGACAAG	AAATCTAGTT	CCATTTTTTTG
S. cumini		C.....	T.....	T.....	T.....
S. jambos		C.....	T.....	T.....	T.....
S. malaccense					
S. polyanthum					
S. samarangense					
	350	470	510	590	600
					
S. aromaticum	CTTCCTTAGA	ATCACATACA	CTGGGGGAAA	AAGATATTAC	CCTTTTTTCA
S. cumini		T.....	C.....	T.....	C.....
S. jambos		T.....	C.....	T.....	C.....
S. malaccense		C.....	T.....	C.....	C.....
S. polyanthum		C.....	T.....	T.....	C.....
S. samarangense		C.....	T.....	C.....	C.....

	610	720	870	960	1010
S. aromaticum					
S. cumini	AAAGGTAATA	TGGAATCTTT	AAAAGATACG	AGGAAGGATC	GCTATCGTTC
S. jambos	C				
S. malaccense	C	C			T
S. polyanthum	C				
S. samarangense	C		A	T	
	1020	1150	1200	1260	1480
S. aromaticum					
S. cumini	AAGCGTACGA	AATTTTTGTA	TTCATCAGAT	TCACAGTGGG	CAGATTTGGT
S. jambos	C		G	G	
S. malaccense	C			G	
S. polyanthum	G	C			
S. samarangense					C
	1550				
S. aromaticum					
S. cumini	AAATGATTGG				
S. jambos					
S. malaccense					
S. polyanthum					
S. samarangense	A..A				

Hasil penjejeran sekuen DNA gen *matK* genus *Syzygium* pada aplikasi BioEdit

Tabel 1. Variasi gen pada genus *Syzygium*

No.	Tapak ke-	Spesies	Variasi gen
1.	80	<i>S. aromaticum</i>	A
		<i>S. jambos</i>	C
2.	117	<i>S. aromaticum</i>	A
		<i>S. cumini</i>	C
3.	150	<i>S. aromaticum</i>	G
		<i>S. jambos</i>	T
4.	155	<i>S. aromaticum</i>	C
		<i>S. cumini</i>	T
		<i>S. jambos</i>	T
5.	242	<i>S. aromaticum</i>	C
		<i>S. polyanthum</i>	T
6.	345	<i>S. aromaticum</i>	C
		<i>S. cumini</i>	T

7.	468	<i>S. aromaticum</i>	A
		<i>S. cumini</i>	C
		<i>S. jambos</i>	C
		<i>S. malaccense</i>	C
		<i>S. polyanthum</i>	C
		<i>S. samarangense</i>	C
8.	506	<i>S. aromaticum</i>	G
		<i>S. cumini</i>	T
		<i>S. jambos</i>	T
		<i>S. malaccense</i>	T
		<i>S. polyanthum</i>	T
		<i>S. samarangense</i>	T
9.	583	<i>S. aromaticum</i>	G
		<i>S. cumini</i>	C
		<i>S. jambos</i>	C
		<i>S. malaccense</i>	C
		<i>S. samarangense</i>	C
10.	593	<i>S. aromaticum</i>	T
		<i>S. jambos</i>	C
11.	610	<i>S. aromaticum</i>	A
		<i>S. cumini</i>	C
		<i>S. jambos</i>	C
		<i>S. malaccense</i>	C
		<i>S. polyanthum</i>	C
		<i>S. samarangense</i>	C
12.	716	<i>S. aromaticum</i>	T
		<i>S. malaccense</i>	C
13.	870	<i>S. aromaticum</i>	G
		<i>S. samarangense</i>	A
14.	953	<i>S. aromaticum</i>	G
		<i>S. samarangense</i>	T

15.	1002	<i>S. aromaticum</i>	C
		<i>S. malaccense</i>	T
16.	1018	<i>S. aromaticum</i>	A
		<i>S. polyanthum</i>	G
17.	1019	<i>S. aromaticum</i>	G
		<i>S. cumini</i>	C
		<i>S. jambos</i>	C
18.	1148	<i>S. aromaticum</i>	G
		<i>S. melaccense</i>	C
19.	1195	<i>S. aromaticum</i>	T
		<i>S. cumini</i>	G
20.	1260	<i>S. aromaticum</i>	A
		<i>S. cumini</i>	G
		<i>S. jambos</i>	G
21.	1472	<i>S. aromaticum</i>	A
		<i>S. samarangense</i>	C
22.	1527	<i>S. aromaticum</i>	T
		<i>S. samarangense</i>	A
23.	1530	<i>S. aromaticum</i>	G
		<i>S. samarangense</i>	A

Berdasarkan Tabel 1. Variasi gen pada genus *Syzygium*, diketahui bahwa terdapat variasi gen pada spesies genus *Syzygium*. Ditemukan 23 tapak variasi gen pada genus *Syzygium*, variasi gen pada spesies genus *Syzygium* menyebabkan keanekaragaman di tingkat gen. Keanekaragaman gen adalah segala perbedaan pada makhluk hidup dalam 1 spesies (Indrawan dkk., 2007). Dengan analisis data sekuens DNA gen *matK* menunjukkan bahwa gen *matK* dapat membedakan variasi antarspesies. Salah satu standar baru untuk mempelajari keanekaragaman genetik spesies adalah dengan menggunakan sekuens DNA dari gen *rbcl* dan gen *matK* (Kress et al., 2005). Gen *matK* lebih banyak digunakan dalam berbagai penelitian dibandingkan gen *rbcl*, karena tingkat keakuratannya yang lebih spesifik pada yaitu pada tingkat spesies (Kalangi, 2014). Gen *matK* dijadikan sebagai biomarker atau marker molekuler yang menjanjikan dalam identifikasi dan pengelompokan suatu tanaman. Gen *matK* merupakan gen pengkode enzim maturase bagian sub-unit K yang terdapat dalam kloroplas tanaman. Daerah urutan nukleotida gen *matK* ini dapat menghasilkan sekitar 1500 pb (pasang basa). Gen *matK* lebih sulit

diampifikasi tetapi memberikan resolusi yang lebih tinggi untuk perbandingan spesies dan relatif beragam dalam satu spesies (Hollingsworth et al., 2011).

Hasil dari penjajaran sekuens DNA genus *Syzygium* pada aplikasi BioEdit ditemukan 23 perbedaan pada 6 spesies *Syzygium*. Perbedaan sekuens DNA pada *S. aromaticum* dan *S. jambos* ditemukan 10 perbedaan yaitu pada tapak ke 80, 150, 155, 468, 506, 583, 593, 610, 1019, dan 1260. Perbedaan pada *S. aromaticum* dan *S. cumini* ditemukan 10 perbedaan yaitu pada tapak ke 117, 155, 345, 468, 506, 583, 610, 1019, 1195, dan 1260. Ditemukan 5 perbedaan pada *S. aromaticum* dan *S. polyanthum* pada tapak ke 242, 468, 506, 610, dan 1018. Perbedaan pada *S. aromaticum* dan *S. malaccense* ditemukan 7 perbedaan yaitu pada tapak ke 468, 506, 583, 610, 716, 1002, dan 1148. Selanjutnya, ditemukan 8 perbedaan pada *S. aromaticum* dan *S. samarangense* pada tapak ke 468, 506, 610, 870, 953, 1472, 1527, dan 1530. Dari variasi gen ini menyebabkan keanekaragaman pada tingkat genetik. Keanekaragaman genetik yang tinggi akan sangat membantu suatu populasi beradaptasi terhadap perubahan-perubahan yang terjadi di lingkungan sekitarnya sehingga keanekaragaman genetik perlu dikonservasi. Identifikasi dan mempertahankan keanekaragaman genetik suatu populasi sangat penting dalam konservasi (Damayanti, 2007). Pada pembahasan artikel ini diperlukan penelitian berikutnya untuk dapat mengungkapkan hubungan kekerabatan genus *Syzygium*.

SIMPULAN

Dari hasil penelitian dengan menggunakan 6 sekuens DNA *matK* pada spesies genus *Syzygium* diperoleh 23 tapak variasi gen. Penggunaan sekuens DNA gen *matK* dapat mengetahui variasi antar spesies, karena menunjukkan keakuratan yang lebih spesifik pada karakter molekuler genus *Syzygium*. Variasi gen *matK* mengungkap adanya keanekaragaman tingkat gen genus *Syzygium* dan mencari bibit unggul yang toleran terhadap kekeringan, resistensi hama dan peningkatan produksi buah dalam rangka pemuliaan tanaman.

UCAPAN TERIMA KASIH

Penelitian ini didanai dari APBN Pusat Penelitian dan Pengembangan Hutan Bogor. Penulis mengucapkan terimakasih Kepada Balai Konservasi Sumber Daya Alam Jawa Barat yang telah mengijinkan penulis melakukan penelitian di Cagar Alam Leuweung Sancang. Penulis juga mengucapkan terima kasih kepada anggota tim peneliti khususnya Ir. Bugris Yafit, Ivan dan Giry Waldy Rusmana.

DAFTAR RUJUKAN

- Asif, H., Khan, A., Iqbal, A., Khan, I. A., Heinze, B., & Azim, M. K. (2013). The chloroplast genome sequence of *Syzygium cumini* (L.) and its relationship with other angiosperms. *Tree genetics & genomes*, 9, 867-877.
- Damayanti, F. (2021). Potensi pemuliaan mutasi radiasi sebagai upaya peningkatan variasi genetik pada tanaman hias. *EduBiologia: Biological Science and Education Journal*, 1(2), 78-84.
- Hebert, P. D., Cywinska, A., Ball, S. L., & DeWaard, J. R. (2003). Biological identifications through DNA barcodes. *Proceedings of the Royal Society of London. Series B: Biological Sciences*, 270(1512), 313-321.
- Hollingsworth, P. M., Graham, S. W., & Little, D. P. (2011). Choosing and using a plant DNA barcode. *PloS one*, 6(5), e19254.
- Indrawan, M., Primack, R. B., & Supriatna, J. (2007). *Biologi Konservasi: Edisi Revisi*. Yayasan Pustaka Obor Indonesia.
- Kalangi, C., Kamu, V. S., & Kumaunang, M. (2014). Barcode DNA tanaman leilem (*Clerodendrum minahassae* L.) berdasarkan gen *matK*. *Jurnal MIPA*, 3(2), 108-112.
- Kolondam, B. J., Lengkong, E., Polii, M. J., Pinaria, A., & Runtunuwu, S. (2012). Barcode DNA berdasarkan Gen *rbcl* dan *matK* Anggrek Payus Limondok (*Phaius tancarvilleae*) (DNA Barcode of Payus

- Limondok Orchid (*Phaius tancarvilleae*) Based on the *rbcl* and *matK* genes). *Jurnal Bios Logos*, 2(2).
- Kress, W. J., Wurdack, K. J., Zimmer, E. A., Weigt, L. A., & Janzen, D. H. (2005). Use of DNA barcodes to identify flowering plants. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 102(23), 8369-8374.
- Singh G. 2009. Plant Systematics: An Integrated Approach Third Edition. Science Publishers, Enfield.
- Sumardi, S. (2016). Variasi genetik pada pertumbuhan tanaman konservasi sumberdaya genetik cendana (*Santalum album* Linn.) populasi pulau Timor bagian timur. *Jurnal Ilmu Lingkungan*, 14(1), 27-31.
- Widodo, P. (2012). New nomenclature in (Myrtaceae) from Indonesia and its vicinities. *Reinwardtia*, 13(3), 235-240.