

- Hak Cipta Dilindungi Undang-undang
1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
 2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.

KOMPARATIF GENOM KLOROPLAS *Vitex cofassus* DAN IDENTIFIKASI KERAGAMAN BERBASIS SNP

NURUL HIKMA



PROGRAM STUDI PEMULIAAN DAN BIOTEKNOLOGI TANAMAN
FAKULTAS PERTANIAN
INSTITUT PERTANIAN BOGOR
BOGOR
2026



@Hak cipta milik IPB University

Hak Cipta Dilindungi Undang-undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.



PERNYATAAN MENGENAI TESIS DAN SUMBER INFORMASI SERTA PELIMPAHAN HAK CIPTA

Dengan ini saya menyatakan bahwa tesis dengan judul “Komparatif Genom Kloroplas *Vitex cofassus* dan Identifikasi Keragaman Berbasis SNP” adalah karya saya dengan arahan dari dosen pembimbing dan belum diajukan dalam bentuk apa pun kepada perguruan tinggi mana pun. Sumber informasi yang berasal atau dikutip dari karya yang diterbitkan maupun tidak diterbitkan dari penulis lain telah disebutkan dalam teks dan dicantumkan dalam Daftar Pustaka di bagian akhir Tesis ini.

Dengan ini saya melimpahkan hak cipta dari karya tulis saya kepada Institut Pertanian Bogor.

Bogor, Mei 2026

Nurul Hikma
A2503241032



@Hak cipta milik IPB University

Hak Cipta Dilindungi Undang-undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.

RINGKASAN

NURUL HIKMA. Komparatif Genom Kloroplas *Vitex cofassus* dan Identifikasi Keragaman Berbasis SNP. Dibimbing oleh SUDARSONO, DEWI SUKMA dan SITI HALIMAH LAREKENG.

Vitex cofassus merupakan spesies kayu penting asal Indonesia yang bernilai ekonomi, ekologis, dan budaya, terutama karena pemanfaatannya sebagai bahan kayu lokal. Namun, informasi genomik spesies ini masih sangat terbatas, sehingga diperlukan penyediaan sumber daya genom untuk mendukung identifikasi, konservasi, dan pemanfaatan berkelanjutan. Penelitian ini bertujuan untuk merakit dan mengarakterisasi genom kloroplas dan mitokondria *V. cofassus*, menganalisis hubungan filogenetiknya, serta mengevaluasi variasi sekuens sebagai dasar pengembangan marka molekuler pada *Vitex* spp.

Genom kloroplas *V. cofassus* berhasil dirakit dan dianotasi menggunakan *next-generation sequencing*. Genom kloroplas *V. cofassus* memiliki panjang 153.895 bp dengan struktur quadripartite khas angiospermae, yang terdiri atas wilayah large single-copy (LSC) sepanjang 84.797 bp, small single-copy (SSC) sepanjang 17.880 bp, dan sepasang inverted repeat (IR) masing-masing sepanjang 25.509 bp. Kandungan GC genom kloroplas sebesar 38,30%, dengan total 130 gen yang terdiri atas 85 gen penyandi protein, 8 gen rRNA, dan 37 gen tRNA. Analisis komparatif menunjukkan genom kloroplas *V. cofassus* memiliki ukuran, struktur, kandungan gen, dan kandungan GC yang relatif konservatif. Analisis filogenetik berdasarkan genom kloroplas lengkap menempatkan *V. cofassus* dalam klade *Vitex* dan subfamili Viticoideae, serta menunjukkan hubungan kekerabatan dengan *V. pinnata*, *V. parviflora*, dan *V. yunnanensis*.

Variasi sekuens pada genom kloroplas digunakan sebagai dasar untuk merancang marka SNAP dan InDel. Hasil validasi menunjukkan bahwa beberapa marka memiliki potensi untuk membedakan variasi pada *Vitex* spp. Validasi marka SNAP secara *in silico* menunjukkan kemampuan membedakan alel referensi dan alternatif, meskipun hasil validasi *in vitro* masih menunjukkan pola monomorfik pada beberapa lokus karena aksesori yang diuji terbatas. Sementara itu, marka InDel menunjukkan variasi ukuran ampikon antarspesies.

Mitogenom *V. cofassus* direpresentasikan dalam bentuk *master circle-like* sepanjang 463.326 bp dengan kandungan GC sebesar 45,40%, meskipun graf perakitan mengindikasikan struktur genom yang lebih kompleks dengan beberapa konfigurasi. Anotasi mengidentifikasi 63 gen, terdiri atas 35 gen pengkode protein, 23 gen tRNA, dan 3 gen rRNA. Analisis filogenetik berbasis gen mitokondria menempatkan *V. cofassus* dalam klade Lamiaceae dan berdekatan dengan *V. trifolia*. Penelitian ini menghasilkan sumber daya genomik awal bagi *V. cofassus*, mencakup genom kloroplas, informasi variasi sekuens untuk pengembangan marka molekuler, serta karakterisasi awal mitogenom. Data yang diperoleh dapat digunakan sebagai referensi untuk studi filogenetik, genomik komparatif, identifikasi spesies, evaluasi keragaman genetik.

Kata kunci: filogenetik, genom kloroplas, mitogenom, marka molekuler dan *V. cofassus*.



SUMMARY

NURUL HIKMA. Comparative Chloroplast Genome of *Vitex cofassus* and SNP-Based Diversity Identification. Supervised by SUDARSONO, DEWI SUKMA and SITI HALIMAH LAREKENG.

Vitex cofassus is an important timber species native to Indonesia with economic, ecological, and cultural value, particularly due to its use as a local wood resource. However, genomic information for this species remains limited. Therefore, genomic resources are needed to support species identification, conservation, and sustainable utilization. This study aimed to assemble and characterize the chloroplast and mitochondrial genomes of *V. cofassus*, analyze its phylogenetic relationship, and evaluate sequence variation as a basis for molecular marker development in *Vitex* spp.

The chloroplast genome of *V. cofassus* was successfully assembled and annotated using next-generation sequencing. The complete chloroplast genome is 153,895 bp in length and has the typical quadripartite structure of angiosperms, consisting of a large single-copy (LSC) region of 84,797 bp, a small single-copy (SSC) region of 17,880 bp, and a pair of inverted repeats (IRs) of 25,509 bp each. The overall GC content of the chloroplast genome is 38.30%. A total of 130 genes were annotated, including 85 protein-coding genes, 8 rRNA genes, and 37 tRNA genes. Comparative analysis showed that the chloroplast genome of *V. cofassus* is relatively conserved in genome size, structure, gene content, and GC content. Phylogenetic analysis based on complete chloroplast genomes placed *V. cofassus* within the *Vitex* clade and the subfamily Viticoideae, showing a close relationship with *V. pinnata*, *V. parviflora*, and *V. yunnanensis*.

Sequence variation in the chloroplast genome was used as the basis for designing SNAP and InDel markers. Validation results showed that several markers have potential for detecting variation in *Vitex* spp. In silico validation of SNAP markers indicated their ability to distinguish reference and alternative alleles. However, in vitro validation showed monomorphic patterns at some loci, likely due to the limited accessions used in this study. Meanwhile, InDel markers showed interspecific variation in amplicon size.

The mitogenome of *V. cofassus* is represented in a 463,326 bp *long circle-like master* with a GC content of 45.40%, although the assembly graph indicates a more complex genome structure with multiple configurations. The annotations identified 63 genes, consisting of 35 protein-coding genes, 23 tRNA genes, and 3 rRNA genes. Mitochondrial gene-based phylogenetic analysis places *V. cofassus* in the clade Lamiaceae and adjacent to *V. trifolia*. This research resulted in early genomic resources for *V. cofassus*, including the chloroplastic genome, sequence variation information for molecular marker development, and early characterization of mitogenomes. The data obtained can be used as a reference for phylogenetic studies, comparative genomics, species identification, genetic diversity evaluation.

Key words: chloroplast genome, mitochondrial genome, molecular marker, phylogenetics and *Vitex cofassus*



Hak Cipta Dilindungi Undang-undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.

© Hak Cipta milik IPB, tahun 2026
Hak Cipta dilindungi Undang-Undang

Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan atau menyebutkan sumbernya. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik, atau tinjauan suatu masalah, dan pengutipan tersebut tidak merugikan kepentingan IPB.

Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apa pun tanpa izin IPB.



@Hak cipta milik IPB University

Hak Cipta Dilindungi Undang-undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.

KOMPARATIF GENOM KLOROPLAS *Vitex cofassus* DAN IDENTIFIKASI KERAGAMAN BERBASIS SNP

NURUL HIKMA

Tesis
sebagai salah satu syarat untuk memperoleh gelar
Master pada
Program Studi Pemuliaan dan Bioteknologi Tanaman

**DEPARTEMEN AGRONOMI DAN HORTIKULTURA
FAKULTAS PERTANIAN
INSTITUT PERTANIAN BOGOR
BOGOR
2026**

@Hak cipta milik IPB University

IPB University





@Hak cipta milik IPB University

Hak Cipta Dilindungi Undang-undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.

Tim Penguji pada Ujian Tesis:

1. Dr. Ir. Megayani Sri Rahayu, M.S.
2. Prof. Dr. Desta Wirnas, S.P., M.Si.

Judul Tesis : Komparatif Genom Kloroplas *Vitex cofassus* dan Identifikasi Keragaman Berbasis SNP

Nama : Nurul Hikma

NIM : A2503241032

Disetujui oleh

Pembimbing 1:

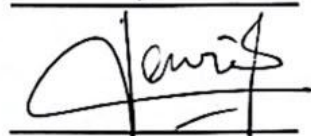
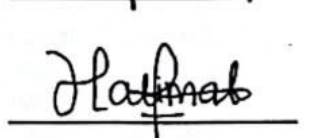
Prof. Dr. Ir. Sudarsono, M.Sc.

Pembimbing 2:

Prof. Dr. Dewi Sukma, S.P., M.Si.

Pembimbing 3:

Prof. Dr. Ir. Siti Halimah Larekeng, S.P., MP.

Diketahui oleh

Ketua Program Studi:

Prof. Dr. Desta Wirnas, S.P., M.Si.

NIP 197012282000032001

Dekan Fakultas Pertanian

Prof. Dr. Ir. Suryo Wiyono, M.Sc.Agr.

NIP 196902121992031003




Tanggal Ujian:
26 Juni 2026

Tanggal Lulus: 10 AUG 2026



@Hak cipta milik IPB University

Hak Cipta Dilindungi Undang-undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.



PRAKATA

Puji dan syukur penulis panjatkan kepada Allah subhanahu wa ta'ala atas segala karunia-Nya sehingga karya ilmiah ini dapat diselesaikan. Tema yang dipilih dalam penelitian yang dilaksanakan sejak bulan Juni 2025 sampai bulan Mei 2026 ini ialah “Komparatif Genom Kloroplas *Vitex cofassus* dan Identifikasi Keragaman Berbasis SNP”.

Dalam kesempatan ini, penulis menyampaikan penghargaan dan terima kasih yang sebesar-besarnya kepada:

1. Para dosen pembimbing, Prof. Dr. Ir. Sudarsono, M.Sc., Prof. Dr. Dewi Sukma, S.P., M.Si., dan Prof. Dr. Ir. Siti Halimah Larekeng, S.P., M.P., atas segala bimbingan, arahan, dan masukan yang diberikan hingga karya tulis ilmiah ini rampung.
2. Dosen penguji luar komisi, Dr. Ir. Megayani Sri Rahayu, M.S., atas kesediaannya menguji serta memberikan saran yang berharga bagi penyempurnaan karya ini.
3. Ketua Program Studi Pemuliaan dan Bioteknologi Tanaman, Prof. Dr. Desta Wirnas, S.P., M.Si. serta segenap staf dan tenaga pendidik atas dukungan dan fasilitasi yang diberikan selama masa studi.
4. Keluarga tercinta, (alm.) Bapak Harun Rasyid, Ibu Humaedah, (almh.) Nenek Norma, serta adik-adik Farhan Fauzi, Ahmad Saefullah, dan Muhammad Alamul Amri, atas curahan kasih sayang dan doa yang tiada henti ke penulis.
5. Sahabat seperjuangan, Dandy Adriansyah R, S.Hut., M.Si., yang menemani dan memberi dukungan sejak awal perjalanan studi di IPB University.
6. Keluarga besar Laboratorium PMB 1, Ibu Susilawati, S.Bio, Bapak Agus Hartono, dan rekan-rekan atas segala bantuan yang diberikan selama proses penelitian berlangsung.
7. Rekan-rekan seangkatan Magister Pemuliaan dan Bioteknologi Tanaman angkatan ganjil 2024/2025, atas kebersamaan dan dukungannya sepanjang masa perkuliahan.
8. Semua pihak yang tidak dapat penulis sebutkan satu per satu, baik yang secara langsung maupun tidak langsung telah memberikan dukungan selama proses belajar di IPB University.

Semoga segala kebaikan dibalas dengan keberkahan dari Allah SWT. Semoga karya ilmiah ini bermanfaat bagi pihak yang membutuhkan serta bagi kemajuan ilmu pengetahuan.

Bogor, Juni 2026

Nurul Hikma



@Hak cipta milik IPB University

Hak Cipta Dilindungi Undang-undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.

DAFTAR ISI

DAFTAR TABEL	xii
DAFTAR GAMBAR	xii
DAFTAR LAMPIRAN	xiii
I PENDAHULUAN	1
1.1 Latar Belakang	1
1.2 Rumusan Masalah	3
1.3 Tujuan	3
1.4 Manfaat	4
1.5 Ruang Lingkup	4
1.6 Hipotesis	4
II TINJAUAN PUSTAKA	6
2.1 <i>Vitex cofassus</i>	6
2.2 Genom Kloroplas	7
2.3 Komparatif Genomik	8
2.4 SNP dan Marka SNAP	9
2.5 Filogeni dan Evolusi	10
III KOMPARATIF GENOM KLOROPLAS <i>Vitex spp.</i>	11
3.1 Abstrak	11
3.2 Pendahuluan	11
3.3 Bahan dan Metode	12
3.4 Hasil dan Pembahasan	14
3.5 Simpulan	21
IV IDENTIFIKASI VARIASI, DESAIN DAN UJI VALIDASI MARKA SNAP DAN InDel	22
4.1 Abstrak	22
4.2 Pendahuluan	22
4.3 Bahan dan Metode	23
4.4 Hasil dan Pembahasan	25
4.5 Simpulan	34
V PERAKITAN DAN KARAKTERISASI GENOM MITOKONDRIA <i>Vitex cofassus</i>	35
5.1 Abstrak	35
5.2 Pendahuluan	35
5.3 Bahan dan Metode	36
5.4 Hasil dan Pembahasan	38
5.5 Simpulan	46
VI PEMBAHASAN UMUM	47
VII SIMPULAN DAN SARAN	49
DAFTAR PUSTAKA	50
LAMPIRAN	60
RIWAYAT HIDUP	62



DAFTAR TABEL

1	Gen teridentifikasi pada genom kloroplas <i>Vitex cofassus</i>	15
2	SNP representatif yang tersebar di berbagai posisi.	26
3	Desain Marka SNAP pada genom kloroplas <i>Vitex spp.</i>	26

DAFTAR GAMBAR

1	Diagram alir penelitian	5
2	Kedalaman sekuensing dan peta cakupan perakitan cp genom <i>Vitex spp</i>	14
3	Peta genom kloroplas <i>Vitex cofassus</i>	16
4	Analisis penggunaan kodon pada cp genom <i>Vitex cofassus</i>	17
5	Distribusi relatif tipe sekuens repetitive (A), serta tipe <i>simple sequence repeats</i> (SSR) (B).	18
6	Batas Wilayah IR, LSC, dan SSC pada <i>Vitex spp.</i>	19
7	Analisis sliding window keragaman nukleotida (Pi) cp genom 21 aksesi <i>Vitex spp.</i>	20
8	Visualisasi pensejajaran cp genom aksesi <i>Vitex spp.</i>	20
9	Pohon filogenetik 43 genom kloroplas dalam famili Lamiaceae.	21
10	Validasi marka SNAP 57153 pada genom kloroplas <i>Vitex spp.</i> Prediksi amplifikasi <i>in silico</i> dengan <i>virtual gel</i> (A), amplifikasi primer alel alternatif (ALT) (B), amplifikasi primer alel referensi (REF) (C).	28
11	Validasi marka SNAP 32137 pada genom kloroplas <i>Vitex spp.</i> Prediksi amplifikasi <i>in silico</i> dengan <i>virtual gel</i> (A), amplifikasi primer alel alternatif (ALT) (B), amplifikasi primer alel referensi (REF) (C).	29
12	Prediksi amplifikasi marka SNAP dengan virtual gel. Amplifikasi SNAP 59027 (A), dan amplifikasi SNAP 124412 (B).	30
13	Validasi marka InDel 1 pada genom kloroplas <i>Vitex spp.</i> Prediksi amplifikasi <i>in silico</i> menggunakan virtual gel (A) dan hasil amplifikasi PCR (B).	31
14	Validasi marka InDel 2 pada genom kloroplas <i>Vitex spp.</i> Prediksi amplifikasi <i>in silico</i> menggunakan virtual gel (A) dan hasil amplifikasi PCR (B).	31
15	Validasi marka InDel 3 pada genom kloroplas <i>Vitex spp.</i> Prediksi amplifikasi <i>in silico</i> menggunakan virtual gel (A) dan hasil amplifikasi PCR (B).	32
16	Validasi marka InDel 4 pada genom kloroplas <i>Vitex spp.</i> Prediksi amplifikasi <i>in silico</i> menggunakan virtual gel (A) dan hasil amplifikasi PCR (B).	32
17	Validasi marka InDel 9 pada genom kloroplas <i>Vitex spp.</i> Prediksi amplifikasi <i>in silico</i> menggunakan virtual gel (A) dan hasil amplifikasi PCR (B).	33
18	Struktur genom mitokondria <i>Vitex cofassus</i> . Perakitan graf awal (A), representasi <i>master circle-like circular</i> (B), dan konfigurasi alternatif genom mitokondria (C).	39



19	Struktur gen mitokondria <i>Vitex cofassus</i> yang mengalami <i>cis-splicing</i> dan <i>trans-splicing</i> .	40
20	Peta genom mitokondria <i>Vitex cofassus</i> dalam representasi sirkular	40
21	Validasi <i>in silico</i> primer junction mitogenom <i>Vitex cofassus</i> menggunakan <i>virtual gel</i> .	42
22	Distribusi ulangan tersebar pada mitogenom <i>Vitex cofassus</i>	43
23	Distribusi <i>simple sequence repeats</i> (SSR) pada mitogenom <i>Vitex cofassus</i> . (A) Distribusi tipe SSR berdasarkan jumlah unit motif. (B) Distribusi kelas motif SSR. (C) Frekuensi motif SSR dominan yang ditemukan pada mitogenom <i>V. cofassus</i> .	44
24	Pola penggunaan kodon pada gen penyandi protein mitogenom <i>Vitex cofassus</i> berdasarkan nilai <i>relative synonymous codon usage</i> (RSCU).	45

DAFTAR LAMPIRAN

1.	Lampiran 1 Daftar akses <i>Vitex spp.</i> koleksi Kebun Raya Bogor	61
----	--	----



@Hak cipta milik IPB University

Hak Cipta Dilindungi Undang-undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.