

RINGKASAN

Piper merupakan anggota suku *Piperaceae* yang mempunyai potensi ekonomi yang tinggi, salah satunya sebagai tanaman obat dan rempah-rempah. *Piper* mempunyai keanekaragaman terutama di bagian daun dan buahnya serta mampu tumbuh secara alami di berbagai daerah. Studi keanekaragaman dan kekerabatan genetik di antara *Piper* spp. perlu diketahui untuk mengoptimalkan pengelolaan dan pemanfaatannya. Salah satu penanda DNA yang umum digunakan pada tumbuhan yaitu *Random Amplified Polymorphic DNA* (RAPD). Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui keanekaragaman dan kekerabatan genetik *Piper* spp. di daerah Purwokerto berdasarkan penanda RAPD. Metode penelitian yang digunakan yaitu metode survei dengan teknik pengambilan sampel secara acak di daerah Purwokerto. DNA genom dari tujuh spesies *Piper* digunakan untuk proses amplifikasi DNA dengan menggunakan teknik PCR-RAPD. Tujuh primer yang digunakan yaitu OPA-1, OPA-2, OPA-3, OPA-4, OPA-9, OPA-11, dan OPB-11. Hasil penelitian menunjukkan dari tujuh primer yang digunakan, diperoleh pita polimorfik sebanyak 95 pita (97,9%) dan pita monomorfik sebanyak 2 pita (2,1%). Rata-rata pita yang dihasilkan dari tiap primer yaitu 13 pita dengan ukuran berkisar 185-2000 bp. Fenogram yang dibuat menggunakan metode UPGMA program MEGA 6.06 menunjukkan bahwa pada koefisien 20% terbentuk 3 kelompok. Kelompok pertama beranggotakan *P. longum*, *P. umbellatum*, *P. retrofractum*, dan *P. crocatum*; kelompok kedua beranggotakan *P. betle* dan *P. nigrum*; serta kelompok ketiga yang beranggotakan *P. aduncum*. Hubungan kekerabatan genetik *Piper* spp. didukung dengan persamaan karakter morfologi, dimana kekerabatan paling dekat ditunjukkan oleh *P. longum* dan *P. umbellatum* dengan jarak genetik sebesar 0,221, sedangkan spesies yang memiliki hubungan kekerabatan paling jauh yaitu *P. longum* dengan *P. aduncum* dengan jarak genetik mencapai 0,484.

Kata kunci: *Piper*, keanekaragaman genetik, kekerabatan genetik, RAPD.

SUMMARY

Piper is a member of family *Piperaceae* that has high economic potential as medicinal and spice plants. *Piper* has variations in the leaves, fruits and natural growth in various regions. Genetic diversity and phylogenetic relationship amongst *Piper* spp. need to be studied to optimize the management and utilization. One of the most common DNA markers used in plants is *Random Amplified Polymorphic DNA* (RAPD). The study was purposed to know the genetic diversity and phylogenetic relationship of *Piper* spp. in Purwokerto based on RAPD markers. The method used in this study was survey with random sampling technique. Genomic DNA of seven *Piper* species were used for DNA amplification by using the PCR-RAPD technique. The seven primers used were OPA-1, OPA-2, OPA-3, OPA-4, OPA-9, OPA-11, and OPB-11. The results showed that 95 bands were obtained with 93 polymorphic bands (97.9%) and 2 monomorphic bands (2.1%). The average number of bands produced from each primer was 13 bands with 185 to 2000 bp in length. Further analysis by using UPGMA in MEGA 6.06 resulted in phenogram showing that in coefficient of 20%, 3 groups were formed. The first group consists of *P. longum*, *P. umbellatum*, *P. retrofractum*, and *P. crocatum*; the second group consists of *P. betle* and *P. nigrum*; and the third group consists of *P. aduncum*. The phylogenetic relationship of the seven *Piper* coresponds to the morphological characteristics. The closest phylogenetic relationship was showed between *P. longum* and *P. umbellatum* with genetic distance of 0.221, while the most distantly related one is between *P. longum* and *P. aduncum* with genetic distance of 0.484.

Keywords: *Piper*, genetic diversity, phylogenetic relationship, RAPD.