

RINGKASAN

Indonesia sebagai salah satu produsen kunyit didukung oleh areal pertanaman kunyit yang luas, berpotensi dalam pengembangan dan peningkatan nilai ekonomi kunyit, terutama seiring dengan bertambahnya permintaan kunyit dari industri obat-obatan. Pengembangan kunyit sesuai kebutuhan pasar dapat dilakukan dengan program pemuliaan tanaman. Sebelum menentukan metode pemuliaan, perlu diketahui informasi keragaman genetik tanaman sebagai dasar seleksi. Akan tetapi, saat ini, informasi keragaman genetik kunyit masih terbatas. Salah satu upaya untuk mengetahui informasi keragaman genetik kunyit di Indonesia adalah dengan teknologi marka molekuler *Simple Sequence Repeat* (SSR). Marka SSR tidak dipengaruhi lingkungan, bersifat kodominan, sangat polimorfik, memiliki reproduktibilitas tinggi, dan terdistribusi pada seluruh genom serta telah banyak digunakan dalam studi keragaman genetik berbagai tanaman. Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui keragaman genetik dan kekerabatan enam tanaman kunyit menggunakan empat primer SSR serta primer yang informatif dalam membedakan polimorfisme antara individu. Penelitian ini dilaksanakan pada bulan Oktober 2023 sampai Januari 2024 di *experimental farm* dan Laboratorium Pemuliaan Tanaman dan Bioteknologi Fakultas Pertanian Universitas Jenderal Soedirman. Terdapat total 23 alel yang berhasil teramplifikasi. Tiga dari empat primer yang digunakan sangat informatif dan menunjukkan polimorfisme yaitu CuMiSat-19, CuMiSat-20, dan CuMiSat-29. Primer CuMiSat-19 menghasilkan nilai PIC tertinggi (0,88), diikuti CuMiSat-20 (0,80), dan CuMiSat-29 (0,74), sedangkan CuMiSat-23 tidak menghasilkan polimorfisme, sehingga nilai PIC 0. Adapun dendrogram hasil analisis filogenetik mengelompokkan enam tanaman kunyit menjadi dua klaster dengan rentang koefisien kemiripan Jaccard 0,11-0,33. Kunyit dari Ponorogo dan Gresik memiliki kekerabatan yang paling dekat dengan koefisien kemiripan 0,33, sedangkan kunyit dari Banyumas dan Bogor memiliki kekerabatan yang paling jauh terhadap kunyit yang lain dengan koefisien kemiripan 0,11. Berdasarkan polimorfisme dan rentang koefisien kemiripan pada penelitian ini, diketahui bahwa terdapat keragaman genetik kunyit yang luas.

SUMMARY

Indonesia as one of the turmeric producers is supported by extensive turmeric planting areas, which have the potential to develop and increase the economic value of turmeric, especially in line with the increasing demand for turmeric from the pharmaceutical industry. Developing turmeric according to market needs can be done with a plant breeding program. Before determining a breeding method, it is necessary to know information on plant genetic diversity as a basis for selection. However, currently, information on the genetic diversity of turmeric is still limited. One effort to find out information on the genetic diversity of turmeric in Indonesia is using Simple Sequence Repeat (SSR) molecular marker technology. SSR markers are not influenced by the environment, are codominant, highly polymorphic, have high reproducibility, and are distributed throughout the genome and have been widely used in studies of the genetic diversity of various plants. This research aims to determine the genetic diversity and relationships of six turmeric plants using four SSR primers as well as primers that are informative in distinguishing polymorphisms between individuals. This research was conducted from October 2023 to January 2024 at the experimental farm and Plant Breeding and Biotechnology Laboratory, Faculty of Agriculture, Jenderal Soedirman University. There were a total of 23 alleles that were successfully amplified. Three of the four primers used were very informative and showed polymorphism, namely CuMiSat-19, CuMiSat-20, and CuMiSat-29. The CuMiSat-19 primer produced the highest PIC value (0.88), followed by CuMiSat-20 (0.80), and CuMiSat-29 (0.74), while CuMiSat-23 did not produce polymorphism, so the PIC value was 0. The dendogram results Phylogenetic analysis grouped six turmeric plants into two clusters with a Jaccard similarity coefficient range of 0.11-0.33. Turmeric from Ponorogo and Gresik has the closest relationship with a similarity coefficient of 0.33, while turmeric from Banyumas and Bogor has the most distant relationship to other turmeric with a similarity coefficient of 0.11. Based on the polymorphism and similarity coefficient ranges in this study, it is known that there is a wide genetic diversity in turmeric.