

RINGKASAN

Rhynchosytilis gigantea (Lindl.) Ridl., atau biasa disebut anggrek ekor tupai, merupakan anggrek epifit yang banyak ditemukan di Kawasan Asia Tenggara. Spesies anggrek ini memiliki beberapa warna dan corak bunga, di antaranya putih, oranye, hingga putih dengan corak ungu kemerahan. Sistem reproduksinya yang rumit serta adanya pengaruh faktor lingkungan yang kurang menguntungkan mengakibatkan spesies ini berada pada kondisi terancam kepunahan. Oleh karena itu, perlu dilakukan upaya konservasi, yang secara umum menyertakan beberapa kegiatan, antara lain karakterisasi baik secara morfologi maupun molekuler. Karakterisasi molekuler memiliki kelebihan bila dibandingkan dengan karakterisasi morfologi karena tidak dipengaruhi oleh faktor lingkungan dan dapat dilakukan pada tiap fase pertumbuhan dan perkembangan tanaman. Salah satu marka molekuler yang biasa digunakan dalam analisis genetik tanaman pada tingkatan taksa yang rendah adalah *intergenic spacer* (IGS) *trnL*(UAA)-*trnF*(GAA). Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui (1) sekuen IGS *trnL*(UAA)-*trnF*(GAA) pada kultivar *R. gigantea* dengan bunga putih dan kultivar dengan bunga *peach*, (2) ada tidaknya perbedaan genetik di antara dua kultivar *R. gigantea* tersebut berdasarkan sekuen IGS *trnL*(UAA)-*trnF*(GAA)

Penelitian dilakukan secara eksploratif dengan tahapan kerja yang terdiri atas pengambilan sampel tanaman *R. gigantea*, ekstraksi DNA genomik dengan metode CTAB, amplifikasi marka IGS *trnL*(UAA)-*trnF*(GAA) dengan teknik PCR menggunakan sepasang primer universal, dan sekuensing hasil amplifikasi dengan metode dideoksi yang diotomatisasi dengan pelabelan terminator. Hasil sekuensing disunting menggunakan *software* BioEdit versi 7.0.4.1 dan ditelaah secara manual. Verifikasi sekuen dilakukan melalui *blasting* ke pangkalan data NCBI. Penjajaran sekuen dilakukan menggunakan aplikasi Clustal W.

Hasil penelitian menunjukkan bahwa panjang sekuen IGS *trnL*(UAA)-*trnF*(GAA) yang diamati pada keenam sampel *R. gigantea* berkisar antara 300 bp dan 400 bp. Tidak terdapat perbedaan sekuen IGS *trnL*(UAA)-*trnF*(GAA) yang diamati di antara keenam sampel *R. gigantea*.

Kata kunci: daerah intergenik *trnL* (UAA) – *trnF* (GAA), perbedaan genetik, *Rhynchosytilis gigantea*

SUMMARY

Rhynchostylis gigantea (Lindl.) Ridl., or commonly referred to as the squirrel tail orchid, is an epiphytic orchid that is widely found in Southeast Asia. This species of orchid has several colours and flowering patterns, ranging from white, orange, to white with a red purple pattern. The complicated reproductive system and the influence of unfavourable environmental factors put the species at risk of extinction. Therefore, it is necessary to make conservation efforts, which generally involve a number activities, including both morphological and molecular characterization. The latter has an advantage in comparison to the first as it is not affected by the environmental factors and can be performed at any stage of plant growth and development. One of the molecular markers commonly used in plant genetic analysis at low levels of taxa is the intergenic spacer (IGS) *trnL*(UAA)-*trnF*(GAA). This study aims to find out (1) the sequence of *trnL*(UAA)-*trnF*(GAA) IGS in *R. gigantea* cultivars of white flowers and those of peach flowers, (2) whether there is any genetic difference between the two *R. gigantea* cultivars based on the *trnL*(UAA)-*trnF*(GAA) IGS

An explorative study was conducted employing the steps of work, i.e. *R. gigantea* plant sampling, genomic DNA extraction following CTAB method, amplification of *trnL*(UAA)-*trnF*(GAA) IGS with PCR technique using a pair of universal primers, and sequencing of the PCR products under the automated dideoxy method with terminator labeling. The data of sequences were edited using the BioEdit software version 7.0.4.1 and were checked manually. Sequence verification was carried out through blasting to the NCBI database. The sequence alignment was made using the Clustal W application.

The results showed that the size of the *trnL*(UAA)-*trnF*(GAA) IGS in the six *R. gigantea* samples ranged between 300 bp and 400 bp. No difference in the *trnL*(UAA)-*trnF*(GAA) IGS sequences among the six *R. gigantea* samples was observed.

Keywords: genetic differences, *Rhynchostylis gigantea*, *trnL*(UAA)-*trnF*(GAA) IGS