

RINGKASAN

Rhynchostylis gigantea (Lindl.) Ridl. merupakan salah satu spesies anggrek yang berasal dari Asia Tenggara. *R. gigantea* memiliki banyak kultivar dengan warna bunga yang bervariasi, seperti merah, putih, *peach*, biru, dan pink. Keanekaragaman warna *R. gigantea* mendorong perlunya dilakukan studi perbandingan genetik di antara kultivar spesies anggrek tersebut menggunakan marka molekuler tertentu, antara lain IGS *trnT*(UGU)–*trnL*(UAA).

Penelitian dilakukan di Puspa Nirmala Orchid, Laboratorium Genetika dan Molekuler, serta Laboratorium Pengajaran III Fakultas Biologi Universitas Jenderal Soedirman. Penelitian ini bersifat eksploratif dengan variabel dan parameter yang diamati berupa sekuen IGS *trnT*(UGU)–*trnL*(UAA). Tahapan penelitian meliputi pengambilan sampel tanaman anggrek *R. gigantea* dengan dua kultivar yang berbeda, yaitu kultivar warna *peach* sebanyak dua individu dan kultivar warna putih sebanyak empat individu, ekstraksi DNA genom, amplifikasi PCR marka *trnT*(UGU)–*trnL*(UAA), dan sekuensing marka tersebut. Data sekuen yang diperoleh dianalisis datanya menggunakan Bioedit versi 7.0.4.1. Untuk memastikan kebenaran sekuen yang didapatkan, dilakukan blasting dengan data sekuen yang ada di pangkalan data NCBI. Selanjutnya, dilakukan penjajaran sekuen menggunakan Clustal W. Pembuatan pohon filogenetik dikonstruksi menggunakan analisis Neighbor-Joining yang diimplementasikan dalam Program MEGA versi 11.

Hasil penelitian menunjukkan adanya sekuen DNA sepanjang 700 bp sebelum disunting dan 548 bp setelah disunting. Hasil verifikasi menggunakan pangkalan data NCBI menunjukkan kemiripan sekuen tersebut dengan sekuen genom kloroplas *Phalaenopsis mannii*. Sekuen IGS *trnT* (UGU)–*trnL*(UAA) pada kedua kultivar anggrek *R. gigantea* memperlihatkan variasi genetik baik berupa insersi-delesi maupun substitusi basa. Berdasarkan sekuen IGS *trnT* (UGU)–*trnL*(UAA) pada kedua kultivar anggrek *R. gigantea* terlihat adanya keanekaragaman haplotipe dan nukleotida yang tinggi. Namun, dari pohon filogenetik yang dikonstruksi, terlihat adanya hubungan kekerabatan yang tidak konsisten di antara kedua kultivar *R. gigantea*. Hal ini karena individu R1 dan R2 yang keduanya merupakan kultivar dengan warna *peach* justru tidak berkerabat dekat.

Kata kunci: perbedaan genetik, *Rhynchostylis gigantea*, *trnT* (UGU)–*trnL*(UAA)

SUMMARY

Rhynchostylis gigantea (Lindl.) Ridl. is a species of orchid originating from Southeast Asia. *R. gigantea* has many cultivars with varying flower colors, such as red, white, peach, blue and pink. The color diversity of *R. gigantea* encourages the need to carry out comparative genetic studies between cultivars of this orchid species using certain molecular markers, including IGS *trnT*(UGU)–*trnL*(UAA).

Research was carried out at Puspa Nirmala Orchid, Genetics and Molecular Laboratory, and Teaching Laboratory III, Faculty of Biology, Jenderal Soedirman University. This research is exploratory in nature with the variables and parameters observed in the form of the IGS sequence *trnT*(UGU)–*trnL*(UAA). The research stages included taking samples of *R. gigantea* orchid plants with two different cultivars, namely two peach colored cultivars and four white cultivars, genomic DNA extraction, PCR amplification of *trnT*(UGU)–*trnL*(UAA) markers, and sequencing. The mark. The sequence data obtained were analyzed using Bioedit version 7.0.4.1. To ensure the correctness of the sequence obtained, blasting was carried out with sequence data in the NCBI database. Next, sequence alignment was carried out using Clustal W. A phylogenetic tree was constructed using Neighbor-Joining analysis implemented in the MEGA version 11 program.

The research results showed that there was a DNA sequence of 700 bp before editing and 548 bp after editing. Verification results using the NCBI database show the similarity of the sequence to the *Phalaenopsis manni* chloroplast genome sequence. The IGS sequence *trnT* (UGU)–*trnL*(UAA) in the two *R. gigantea* orchid cultivars showed genetic variations in the form of insertion-deletion and base substitution. Based on the IGS sequence *trnT* (UGU)–*trnL*(UAA) in the two *R. gigantea* orchid cultivars, it can be seen that there is high haplotype and nucleotide diversity. However, from the constructed phylogenetic tree, it appears that there is an inconsistent relationship between the two *R. gigantea* cultivars. This is because individuals R1 and R2, both of which are peach-colored cultivars, are not closely related.

Key words: genetic differences, *Rhynchostylis gigantea*, *trnT*(UGU)–*trnL*(UAA)