

RINGKASAN

Tapak dara [*Catharanthus roseus* (L.) G. Don] merupakan salah satu spesies tanaman anggota Familia Apocynaceae yang berasal dari Madagaskar dan telah tersebar di wilayah tropis, termasuk Indonesia. *C. roseus* selain dikenal sebagai tanaman hias juga biasa dimanfaatkan sebagai tanaman obat tradisional untuk mengatasi berbagai penyakit seperti tekanan darah tinggi, diabetes melitus, asma, sembelit, dan bahkan kanker. Tanaman ini mempunyai beberapa kultivar yang terutama dibedakan satu sama lain atas dasar karakter morfologi berupa warna mahkota bunga dan warna mata bunga. Namun, identifikasi morfologi kultivar *C. roseus* ini dengan sendirinya hanya dapat dilakukan pada fase generatif. Selain itu, karakter morfologi juga dapat dipengaruhi oleh kondisi lingkungan. Oleh karena itu, perlu dilakukan pendekatan molekuler untuk mengetahui perbedaan genetik di antara beberapa kultivar *C. roseus*. Daerah intergenik atau *intergenic spacer* (IGS) *trnL*(UAA)–*trnF*(GAA) merupakan daerah *non-coding* pada genom kloroplas (cpDNA) dengan laju mutasi yang tinggi sehingga cocok untuk digunakan dalam analisis genetik pada tingkatan taksa yang rendah. Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui (1) sekuen IGS *trnL*(UAA)–*trnF*(GAA) pada beberapa kultivar *C. roseus*, (2) ada tidaknya perbedaan genetik di antara beberapa kultivar *C. roseus* tersebut berdasarkan sekuen IGS *trnL*(UAA)–*trnF*(GAA), dan (3) hubungan filogenetik di antara kultivar *C. roseus* tersebut berdasarkan marka IGS *trnL*(UAA)–*trnF*(GAA).

Penelitian ini dilakukan dengan metode eksplorasi. Tahapan penelitian terdiri atas pengambilan sampel tanaman *C. roseus*, isolasi DNA genom dengan metode CTAB, amplifikasi marka IGS *trnL*(UAA)–*trnF*(GAA) menggunakan sepasang primer universal dan visualisasi hasil amplifikasi menggunakan teknik elektroforesis gel agarosa, serta sekuensing produk amplifikasi. Data sekuen yang diperoleh disunting menggunakan Program BioEdit 7.0.4.1. Hasil penyuntingan dijajarkan (*aligned*) menggunakan Program MEGA X dan dianalisis melalui model parameter Kimura-2. Jarak genetik dihitung menggunakan DNA Distance Matrix yang terdapat pada Program BioEdit 7.0.4.1. Pohon filogenetik dikonstruksi menggunakan metode Neighbor-Joining, UPGMA, dan Maximum Likelihood pada Program MEGA X.

Hasil penelitian menunjukkan bahwa terdapat perbedaan genetik yang rendah di antara kultivar-kultivar *C. roseus* yang digunakan berdasarkan sekuen IGS *trnL*(UAA)–*trnF*(GAA). Hal ini juga terlihat dari hubungan filogenetik yang dekat di antara kultivar-kultivar tersebut. Rekonstruksi pohon filogenetik menunjukkan adanya konsistensi perbedaan klade sampel C1, C5, dan C2 dengan ketujuh sampel lainnya.

Kata kunci: *Catharanthus roseus*, perbedaan genetik, *trnL*(UAA)–*trnF*(GAA)

SUMMARY

Madagascar periwinkle [*Catharanthus roseus* (L.) G. Don] is a plant species belonging to the Family of Apocynaceae that originates from Madagascar Island and has now been spread throughout tropical regions, including Indonesia. Apart from being known as an ornamental plant, *C. roseus* is also commonly used as a traditional medicinal herb to treat various diseases such as high blood pressure, diabetes mellitus, asthma, constipation and even cancer. This plant has several cultivars which are mainly distinguished from each other on the basis of morphological characters with respect to flower corolla and flower eye colors. However, morphological identification can only be performed in the generative phase. In addition, morphological characters can also be influenced by environmental conditions. Therefore, it is necessary to carry out a molecular approach to determine genetic differences among several *C. roseus* cultivars. The intergenic region or intergenic spacer (IGS) of *trnL*(UAA)–*trnF*(GAA) is a non-coding region in the chloroplast genome (cpDNA) with a high mutation rate making it suitable for use in the genetic analysis at lower taxa levels. Hence, this study aims to determine (1) the sequences of *trnL*(UAA)–*trnF*(GAA) IGS in several *C. roseus* cultivars, (2) whether there is genetic difference among several *C. roseus* cultivars based on the sequences of *trnL*(UAA)–*trnF*(GAA) IGS, and (3) phylogenetic relationships among several *C. roseus* cultivars based on *trnL*(UAA)–*trnF*(GAA) IGS.

This study was carried out using an exploratory method. The procedures consisted of *C. roseus* sampling, genomic DNA isolation using the CTAB method, *trnL*(UAA)–*trnF*(GAA) IGS amplification using a pair of universal primers followed by visualization of the amplicons using the agarose gel electrophoresis technique, and sequencing of the amplicons. The obtained sequence data were edited using the BioEdit 7.0.4.1 Program. The edited sequences were aligned using the MEGA X as well, and were analyzed using Kimura-2 model of parameter. Genetic distance was calculated using the DNA Distance Matrix contained in the BioEdit 7.0.4.1 Program. The phylogenetic tree was constructed using the Neighbor-Joining, UPGMA, and Maximum Likelihood method in the MEGA X Program.

The results reveal that based on *trnL*(UAA)–*trnF*(GAA) IGS, low genetic differences among *C. roseus* cultivars under study are observed. This can also be seen from the close phylogenetic relationships among the cultivars. Reconstruction of phylogenetic tree indicates a consistent clade difference between samples C1, C2, C5 and the remaining seven.

Key words: *Catharanthus roseus*, genetic differences, *trnL*(UAA)–*trnF*(GAA)