

RINGKASAN

Permintaan kunyit (*Curcuma longa* L.) di Indonesia cukup tinggi karena luasnya penggunaan rempah ini. Pengembangan kunyit yang unggul secara luas dapat dilakukan dengan adanya pengetahuan terkait keragaman genetik pada kunyit yang dapat membantu pemulia dalam mengenali potensi yang ada. Analisis keragaman genetik dapat dilakukan dengan penggunaan marka molekuler. Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui karakteristik morfologi 12 aksesori kunyit yang dikumpulkan dari berbagai daerah di Indonesia, mengetahui tingkat efektivitas marka *Simple Sequence Repeats* (SSR) dan *Cytochrome P450* (CYTP450) dalam mengidentifikasi keragaman genetik pada populasi kunyit, serta mengetahui tingkat kekerabatan populasi kunyit berdasarkan kedua marka tersebut dan dikombinasikan dengan data hasil pengamatan pada karakter morfologi tertentu.

Karakteristik morfologi kunyit diobservasi secara visual dengan didasarkan pada pedoman untuk melakukan tes kekhasan, keseragaman, dan stabilitas pada kunyit yang dikembangkan oleh PPV&FRA (*Protection Of Plant Varieties and Farmers Rights Authority*) India (2007). Efektivitas marka molekuler yang digunakan diuji dengan memperkirakan nilai *Polymorphic Information Content* (PIC) berdasarkan hasil skoring pita DNA yang teramplifikasi pada proses PCR. Analisis kekerabatan populasi kunyit dilakukan dengan menggunakan perangkat NTSYSpc versi 2.11a dengan metode *Sequential Agglomerative Hierarchical and Nested-Unweighted Pair-Group Method with Arithmetic* (SAHN-UPGMA) dengan koefisien kemiripan Jaccard.

Berdasarkan hasil analisis, terdapat keragaman karakteristik morfologi pada 12 aksesori kunyit yang diujikan. Karakteristik morfologi ini merupakan karakter yang diekspresikan secara genetik yang melibatkan satu atau lebih gen. Hasil amplifikasi PCR yang dilakukan menunjukkan perbedaan jumlah alel yang terbentuk pada masing-masing pasangan primer yang digunakan. Pasangan primer CSSR 27 tidak memunculkan adanya pita DNA yang teramplifikasi. Hal ini dapat terjadi karena tidak sesuai susunan DNA genom kunyit dengan susunan DNA primer. Adapun nilai PIC tertinggi adalah 0,37 (CSSR 38) dengan jumlah alel per lokus sebanyak 1-4 alel pada marka SSR dan 0,36 (CYP2C19F/heme2B6) dengan jumlah alel per lokus sebanyak 4-14 alel pada marka CYTP450. Nilai PIC ini menandakan bahwa kedua marka cukup informatif dalam mengidentifikasi keragaman pada populasi kunyit. Marka yang memiliki nilai PIC tinggi cenderung menunjukkan jumlah alel yang semakin banyak. Hasil analisis kekerabatan populasi kunyit tersedia dalam bentuk dendrogram yang menunjukkan bahwa koefisien kemiripan antar aksesori yang digunakan berkisar antara 0,36-0,87, menandakan keragaman genetik antar aksesori tergolong tinggi dan perbedaan genetik yang luas. Dendrogram hasil analisis kluster juga tidak menunjukkan variasi berdasarkan letak geografis asal aksesori kunyit. Masing-masing subkluster terdiri dari aksesori yang berasal dari pulau yang berbeda-beda.

SUMMARY

The demand for turmeric (Curcuma longa L.) in Indonesia is quite high because of the wide use of this spice. The development of superior turmeric can be widely carried out with knowledge related to genetic diversity in turmeric which can help breeders in recognizing the existing potential. Genetic diversity analysis can be done using molecular markers. This study aims to determine morphological characteristics of 12 turmeric accessions collected from various regions in Indonesia, the effectiveness level of Simple Sequence Repeats (SSR) and Cytochrome P450 (CYTP450) markers in identifying genetic diversity in turmeric populations, and to determine phylogenetic relationship in turmeric populations based on these two markers and combined with observation data on certain morphological characters.

Morphological characteristics of turmeric are visually observed based on the guidelines for conducting distinctiveness, uniformity and stability tests on turmeric developed by PPV&FRA (Protection of Plant Varieties and Farmers Rights Authority) India (2007). The effectiveness of the molecular markers used was tested by estimating the Polymorphic Information Content (PIC) value based on the results of scoring amplified DNA bands in the PCR process. The phylogenetic analysis of turmeric population was carried out using the NTSYSpc version 2.11a device with the Sequential Agglomerative Hierarchical and Nested-Unweighted Pair-Group Method with Arithmetic (SAHN-UPGMA) method.

Based on the results of the analysis, there was a diversity of morphological characteristics in the 12 turmeric accessions tested. This morphological characteristic is a genetically expressed character involving one or more genes. The results of PCR amplification showed a difference in the number of alleles formed in each primer pair used. The primer pair of CSSR 27 does not give rise to the presence of amplified DNA bands. This can occur due to the incompatibility of the DNA arrangement of the turmeric genome with the primer DNA arrangement. The highest PIC value was 0.37 (CSSR 38) with the number of alleles per locus of 1-4 alleles at the SSR marker and 0.36 (CYP2C19F/heme2B6) with the number of alleles per locus as many as 4-14 alleles at the CYTP450 marker. This PIC value indicates that both markers are quite informative in identifying diversity in turmeric populations. Scores that have high PIC values tend to indicate an increasing number of alleles. The results of phylogenetic analysis of turmeric population are available in the form of a dendogram which shows that the similarity coefficient between the accessions used ranges from 0.36-0.87 which indicates that the genetic diversity between the accessions is relatively high and the genetic differences are wide. The dendogram results of cluster analysis also did not show variations based on the geographical location of the origin of turmeric accession. Each subcluster consists of accessions from different islands.