

RINGKASAN

Kunyit (*Curcuma longa* L.) merupakan tanaman tahunan yang batangnya termodifikasi menjadi rimpang dan banyak dijadikan sebagai rempah serta obat tradisional. Hal tersebut menyebabkan permintaan pasar kunyit terus meningkat. Penggunaan varietas unggul diperlukan untuk mendapatkan produksi kunyit yang tinggi. Evaluasi keragaman genetik dapat dilakukan menggunakan marka SSR (*Simple Sequence Repeats*) dan CYTP450 (*Cytochrome P450*). Penelitian ini bertujuan untuk mengidentifikasi keragaman genetik kunyit dari beberapa daerah dengan marka SSR dan CYTP450 yang didukung dengan informasi karakter morfologinya. Analisis morfologi dilakukan dengan pedoman DUS (*Distinctiveness, Uniformity, and Stability*) dan *Munsell*, analisis keberadaan pita DNA dilakukan dengan skoring, frekuensi alel dihitung menggunakan rumus dari Wallace (2003), keefektifan marka (PIC) menggunakan *website* iMEC, dan analisis kekerabatan menggunakan *software* NTSYS dengan koefisien Jaccard. Hasil analisis morfologi 12 aksesii kunyit menunjukkan keragaman yang nyata dengan adanya variasi antarvariabel yang diamati. Berdasarkan hasil amplifikasi, ukuran alel dari keseluruhan primer berkisar antara 150-2.000 bp dengan frekuensi terendah 25% dan tertinggi 100%. Marka SSR maupun CYTP450 menunjukkan efektivitas yang baik dalam menganalisis keragaman genetik pada 12 aksesii kunyit. Nilai PIC tertinggi pada primer SSR yaitu 0,37, sedangkan pada primer CYTP450 adalah 0,36. Nilai PIC tersebut mengindikasikan bahwa kedua marka yang digunakan cukup informatif untuk mengidentifikasi variasi genetik pada populasi kunyit. Keragaman genetik 12 aksesii kunyit berdasarkan karakter morfologi dan molekuler menunjukkan variasi yang signifikan dengan koefisien kemiripan tiap aksesii antara 44% (aksesii Purwokerto dengan aksesii lainnya) hingga 94% (aksesii Jambi dan Koyabarat, aksesii Tanjung Pandan dan Tanggamus) yang mengindikasikan adanya keragaman genetik yang luas antaraksesii kunyit yang diteliti.

SUMMARY

Turmeric (Curcuma longa L.) is a perennial plant whose stem is modified into rhizomes and is widely used as a spice and traditional medicine. This has led to an increasing market demand for turmeric. The use of superior varieties is essential to achieve high turmeric production. Genetic diversity evaluation can be performed using SSR (Simple Sequence Repeats) and CYTP450 (Cytochrome P450) markers. This study aims to identify the genetic diversity of turmeric from various regions using SSR and CYTP450 markers, supported by morphological character information. Morphological analysis was conducted using the DUS (Distinctiveness, Uniformity, and Stability) and Munsell guidelines, DNA band presence was scored, allele frequencies were calculated using Wallace's formula (2003), marker effectiveness (PIC) was assessed using iMEC website, and clustering analysis was performed using NTSYS software with Jaccard's similarity coefficient. The morphological analysis of 12 turmeric accessions revealed significant diversity with variations across the observed variables. Based on the amplification results, allele sizes from all primers ranged from 150 to 2,000 bp, with the lowest frequency at 25% and the highest at 100%. Both SSR and CYTP450 markers proved effective in analyzing genetic diversity in the 12 turmeric accessions. The highest PIC value for SSR primers was 0.37, while for CYTP450 primers it was 0.36. These PIC values indicate that both markers are sufficiently informative for identifying genetic variation within the turmeric population. The genetic diversity of the 12 turmeric accessions based on both morphological and molecular characteristics showed significant variation, with similarity coefficients ranging from 44% (between the Purwokerto accession and other accessions) to 94% (between the Jambi and Koyabarat accessions, and the Tanjung Pandan and Tanggamus accessions), indicating a wide genetic diversity among the turmeric accessions studied.