

ABSTRACT

Nepenthes is the only genus in the family Nepenthaceae, comprising around 120 species of tropical carnivorous plants. These plants thrive in nutrient-poor habitats such as peat swamp forests, mangroves, and misty montane forests. *Nepenthes* obtain nitrogen by trapping and digesting insects using modified pitcher-shaped leaves, which consist of three functional zones: the peristome, which attracts prey; the slippery zone, which prevents escape; and the digestive zone, which absorbs nutrients. Indonesia is a major center of *Nepenthes* diversity, with many endemic species, making the study of their genetic diversity crucial for conservation.

This study was conducted for four months at the Genetics and Molecular Laboratory, Faculty of Biology, Universitas Jenderal Soedirman. Six *Nepenthes* species were used as samples, and their genomic DNA was extracted using the CTAB method. DNA quality and quantity were measured with a nanodrop spectrophotometer and visualized by agarose gel electrophoresis. DNA amplification was performed using RAPD-PCR with eight primers (ES10G23, OPA-02, OPA-10, OPA-13, OPB-05, OPB-11, OPC-05, and OPU-19). The resulting PCR band patterns were scored as binary data (1 for presence, 0 for absence) and analyzed using MVSP software to construct a dendrogram of genetic relationships among six species.

The extraction produced high-quality DNA with concentrations ranging from 250 to 630 ng/μL and A260/A280 ratios between 2.011 and 2.178. A total of 23 RAPD markers were obtained, 19 of which were polymorphic, resulting in a polymorphism level of 81.7%, considered high. The UPGMA dendrogram revealed that *N. reinwardtiana* is the most genetically distinct species, while *N. adrianii* and *N. mirabilis* var. *globosa* are the most closely related. These findings provide valuable insights into the genetic diversity and relationships of several *Nepenthes* species, which is essential for conservation efforts.

Keywords: genetic diversity, genetic relationships, *Nepenthes*, polymorphism, RAPD.

ABSTRAK

Nepenthes merupakan satu-satunya genus dalam famili Nepenthaceae yang mencakup sekitar 120 spesies tumbuhan karnivora tropis. Tumbuhan ini tumbuh pada habitat miskin hara seperti hutan rawa gambut, mangrove, dan hutan pegunungan berkabut. *Nepenthes* memperoleh nitrogen dengan menangkap dan mencerna serangga menggunakan daun termodifikasi berbentuk kantong yang terdiri dari tiga zona: peristom yang menarik mangsa, zona licin yang mencegah mangsa keluar, serta zona pencernaan yang menyerap nutrisi. Indonesia menjadi pusat keanekaragaman *Nepenthes* dengan banyak spesies endemik, sehingga studi keragaman genetiknya penting untuk konservasi.

Penelitian ini dilakukan selama empat bulan di Laboratorium Genetika dan Molekuler, Fakultas Biologi, Universitas Jenderal Soedirman. Enam spesies *Nepenthes* digunakan sebagai sampel, dan DNA genomiknya diekstraksi menggunakan metode CTAB. Kualitas dan kuantitas DNA diukur dengan spektrofotometer nanodrop serta divisualisasikan melalui elektroforesis gel agarosa. Amplifikasi DNA dilakukan menggunakan RAPD-PCR dengan delapan primer (ES10G23, OPA-02, OPA-10, OPA-13, OPB-05, OPB-11, OPC-05, dan OPU-19). Pola pita hasil PCR diskor dalam bentuk data biner (1 untuk ada, 0 untuk tidak ada) dan dianalisis dengan perangkat lunak MVSP untuk menyusun dendrogram hubungan genetik.

Hasil ekstraksi menghasilkan DNA berkualitas baik dengan konsentrasi 250–630 ng/ μ L dan rasio A260/A280 sebesar 2,011–2,178. Sebanyak 23 penanda RAPD diperoleh, 19 di antaranya polimorfik, dengan tingkat polimorfisme 81,7%, yang tergolong tinggi. Dendrogram UPGMA menunjukkan bahwa *N. reinwardtiana* merupakan spesies paling berbeda secara genetik, sedangkan *N. adrianii* dan *N. mirabilis* var. *globosa* paling dekat kekerabatannya. Temuan ini memberikan informasi penting mengenai keragaman dan hubungan genetik *Nepenthes*, yang mendukung upaya konservasi.

Kata kunci: hubungan genetik, keragaman genetik, *Nepenthes*, polimorfisme, RAPD.