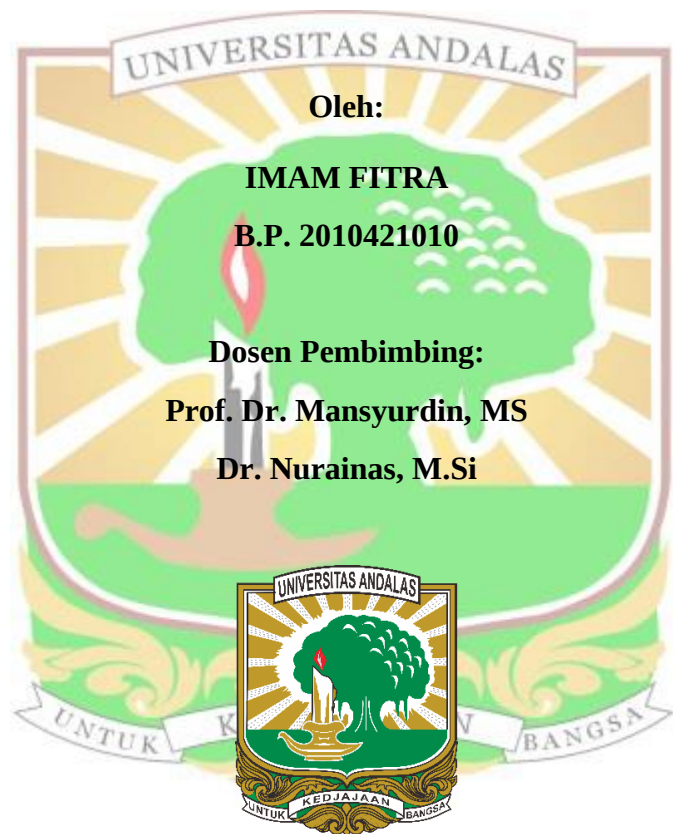


VARIASI GENETIK *Curcuma sumatrana* Miq. DI SUMATERA BARAT MENGGUNAKAN PENANDA RAPD

SKRIPSI SARJANA BIOLOGI



DEPARTEMEN BIOLOGI
FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM
UNIVERSITAS ANDALAS
PADANG
2024

ABSTRAK

Curcuma sumatrana Miq. merupakan tumbuhan yang tergabung dalam kelompok Zingiberaceae. Populasi *C. sumatrana* saat ini berada dalam status rentan mengalami kepunahan dikarenakan luas habitatnya yang semakin berkurang, sehingga berimplikasi pada kemungkinan penurunan variasi genetiknya di alam. Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui variasi genetik intrapopulasi dan interpopulasi, serta diferensiasi genetik *C. sumatrana* pada empat populasi di Sumatera Barat. Penelitian dilakukan dengan metode deskriptif melalui data variasi genetik dan pengoleksian sampel dilakukan menggunakan metode survei. Variasi genetik *C. sumatrana* dianalisis menggunakan penanda RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*) pada 36 sampel daun muda individu dari empat populasi yang berbeda, yaitu Kota Padang, Kabupaten Agam, Kabupaten Pesisir Selatan, dan Kabupaten Dharmasraya. Hasil menunjukkan bahwa diperoleh tiga primer yang memiliki jumlah dan persentase pita polimorfik yang lebih tinggi dibandingkan 20 primer yang digunakan, yaitu OPA-09 yang memiliki 5 pita polimorfik (71,4%), serta OPA-07 dan OPA-10 yang menghasilkan 4 pita polimorfik (66%). Ketiga primer tersebut menunjukkan hasil sebanyak 39 pita polimorfik yang diujikan pada 36 individu dengan persentase 95,83%. Nilai variasi genetik intrapopulasi *C. sumatrana* Miq. tertinggi pada populasi Agam dan Pesisir Selatan ($H = 0,1582$) dan terendah pada populasi Padang ($H = 0,1530$). Variasi genetik interpopulasi ($D_{ST} = 0,0341$) lebih rendah dibandingkan variasi genetik intrapopulasi ($H_s = 0,1569$) dengan nilai diferensiasi genetik rendah ($G_{ST} = 0,1794$) dan nilai aliran gen tinggi ($N_m = 2,3593$). Analisis *cluster* menunjukkan bahwa populasi Dharmasraya dengan Pesisir Selatan dan Agam memiliki jarak genetik terjauh (0,0916).

Kata Kunci: *Curcuma sumatrana*; RAPD; Sumatera Barat; Variasi Genetik; Zingiberaceae

ABSTRACT

Curcuma sumatrana Miq. is a plant that belongs to the Zingiberaceae group. The *C. sumatrana* population is currently in a vulnerable status to extinction due to its decreasing habitat area, which has implications for the possibility of decreasing genetic variation in nature. This study aims to determine intrapopulation and interpopulation genetic variation, as well as genetic differentiation of *C. sumatrana* in four populations in West Sumatra. The research was conducted using descriptive methods through genetic variation data and sample collection using survey methods. Genetic variation of *C. sumatrana* was analyzed using RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*) markers on 36 individual young leaf samples from four different populations, namely Padang City, Agam Regency, South Pesisir Regency, and Dhamasraya Regency. The results showed that three primers were obtained that had a higher number of polymorphic bands and polymorphic percentage than the 20 primers used, namely OPA-09 which had 5 polymorphic bands (71,4%), and OPA-07 and OPA-10 which produced 4 polymorphic bands (66%). These three primers showed a total of 39 polymorphic bands tested on 36 individuals with a percentage of 95.83%. The value of intrapopulation genetic variation of *C. sumatrana* Miq. was highest in Agam and Pesisir Selatan populations ($H = 0.1582$) and lowest in Padang population ($H = 0.1530$). Interpopulation genetic variation ($D_{ST} = 0.0341$) was lower than intrapopulation genetic variation ($H_s = 0.1569$) with low genetic differentiation value ($G_{ST} = 0.1794$) and high gene flow value ($N_m = 2.3593$). Cluster analysis showed that the Dhamasraya population with South Pesisir and Agam had the farthest genetic distance (0.0916).

Key Words: *Curcuma sumatrana*; Genetic Variation; RAPD; West Sumatera; Zingiberaceae

