

VARIASI DAN ANALISIS FENETIK TUMBUHAN JOHAR (*Senna siamea* (Lam.) H.S.Irwin & Barneby) DI INDONESIA BERDASARKAN KARAKTER MORFOLOGIS DAN PENANDA MOLEKULER *INTER SIMPLE SEQUENCE REPEAT*

Jundi Faaris Alhazmi Ashshidiq (15/381875/BI/09514)
Fakultas Biologi Universitas Gadjah Mada

INTISARI

Johar (*Senna siamea* (Lam.) H.S.Irwin & Barneby) merupakan salah satu anggota familia Fabaceae. Tumbuhan Johar populer digunakan sebagai bahan obat tradisional oleh masyarakat Indonesia. Daun Johar digunakan dalam pengobatan tradisional sebagai obat malaria, gatal, kudis, karena kandungan flavonoid dan karotenoid. Penelitian ini bertujuan untuk menentukan variasi dan analisis fenetik tumbuhan Johar berdasarkan karakter morfologis dan molekuler dengan analisis similaritas dan jarak genetik menggunakan penanda molekuler *Inter Simple Sequence Repeat*. Sampel sebanyak 16 aksesori berasal dari lima pulau di Indonesia yaitu Pulau Jawa, Sumatra, Kalimantan, Sulawesi dan Lombok. Karakterisasi morfologis dilakukan berdasarkan deskripsi yang ada. Variasi morfologis didapatkan dengan membandingkan 24 karakter yang berasal dari daun, sedangkan karakterisasi ISSR didasarkan oleh band yang muncul. Similaritas morfologis dan molekuler antar OTUs dihitung dengan menggunakan *Gower General Similarity Coefficient*, sedangkan analisis jarak genetik dihitung menggunakan *Nei's Genetic Distance*. Konstruksi dendrogram menggunakan algoritma UPGMA. Keragaman dalam populasi diperhitungkan menggunakan indeks *Shannon* dan heterozigositas. Hasil penelitian menunjukkan bahwa variasi morfologis terdapat pada semua karakter kuantitatif dan dua karakter kualitatif membentuk dua klaster yang dibedakan berdasar karakter bentuk pangkal daun dan penjang anak daun. Klaster I beranggotakan aksesori dari Jawa Tengah, Yogyakarta, dan Kalimantan Timur dengan similaritas 0,887. Klaster II beranggotakan aksesori dari Aceh, Sulawesi Tenggara, Jawa Timur dan Jawa Barat dengan similaritas 0,823. Analisis molekuler dengan penanda ISSR menggunakan 6 primer menghasilkan 61 *band* ISSR dan 62,3% bersifat polimorfik. Berdasarkan penanda molekuler ISSR terbentuk dua klaster yaitu Klaster I berisi aksesori dari Pulau Jawa, Sumatra dan Kalimantan dengan similaritas 0,8, sedangkan klaster II berisi aksesori dari Pulau Jawa bagian timur dan Sulawesi dengan similaritas 0,827. Berdasarkan jarak genetik terbentuk dua klaster yaitu klaster I berisi aksesori dari Pulau Jawa, Sumatra dan Kalimantan dengan jarak genetik 8,27, sedangkan klaster II berisi aksesori dari Pulau Jawa bagian timur dan Sulawesi dengan jarak genetik 8,2. Tumbuhan Johar di Indonesia menunjukkan keragaman yang rendah dengan nilai indeks *Shannon* $0,077 \pm 0,007$ dan indeks heterozigositas $0,054 \pm 0,018$.

Kata kunci: Johar, ISSR, Fenetik, Populasi

VARIATION AND PHENETIC ANALYSIS OF JOHAR (*Senna siamea* (Lam.) H.S.Irwin & Barneby) IN INDONESIA BASED ON MORPHOLOGICAL CHARACTER AND INTER SIMPLE SEQUENCE REPEAT MARKER

Jundi Faaris Alhazmi Ashshidiq (15/381875/BI/09514)
Faculty of Biology Universitas Gadjah Mada

ABSTRACT

Johar (*Senna siamea* (Lam.) H. S. Irwin & Barneby) is a member of the family Fabaceae. Johar plants are used as traditional medicinal ingredients by Indonesian people. Johar leaves are used in traditional medicine as a malaria medicine, itching, scabies, because of the content of flavonoids and carotenoids. This study aimed to determine the variation and phenetic analysis of Johar plants based on morphological and molecular characters with similarity and genetic distance analysis using Inter Simple Sequence Repeat molecular markers. The sample of 16 accessions came from five islands in Indonesia, namely Java, Sumatra, Kalimantan, Sulawesi and Lombok. Morphological characterization is based on existing descriptions. Morphological variations were obtained by comparing 24 characters from leaves, while ISSR characterization was based on the bands that appeared. Morphological and molecular similarity between OTUs was calculated using the Gower General Similarity Coefficient, while genetic distance analysis was calculated using Nei's Genetic Distance. Dendrogram construction uses the UPGMA algorithm. Diversity in populations is calculated using the Shannon index and heterozygosity. The results showed that morphological variations found in all quantitative characters and two qualitative characters formed two clusters differentiated based on the shape of the base of the leaves and the length of the leaves. Cluster I consists of accessions from Central Java, Yogyakarta and East Kalimantan with a similarity of 0.887. Cluster II consists of accessions from Aceh, Southeast Sulawesi, East Java and West Java with a similarity of 0.823. Molecular analysis with ISSR markers using 6 primers produced 61 ISSR bands and 62.3% were polymorphic. Based on molecular markers, ISSR formed two clusters namely Cluster I containing accessions from Java, Sumatra and Kalimantan with a similarity of 0.8, while cluster II contained accessions from eastern Java and Sulawesi with a similarity of 0.827. Based on the genetic distance two clusters were formed, namely cluster I containing accessions from Java, Sumatra and Kalimantan with a genetic distance of 8.27, while cluster II contained accessions from eastern Java and Sulawesi with genetic distances 8.2 Johar plants in Indonesia showed low diversity with Shannon index value 0.077 ± 0.007 and heterozygosity index 0.054 ± 0.018 .

Keywords: Johar, ISSR, Phenetics, Population