

**ANALISIS VARIASI GENETIK *Capsicum annuum* AKSESI  
KOPAY DAN SSP DENGAN TEKNIK *TOUCHDOWN* RAPD  
PCR**

**SKRIPSI**

*Diajukan sebagai salah satu persyaratan memperoleh gelar Sarjana Sains*



**Oleh :  
NINA FITRIANA  
17032125/2017**

**JURUSAN BIOLOGI  
FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM  
UNIVERSITAS NEGERI PADANG  
2021**

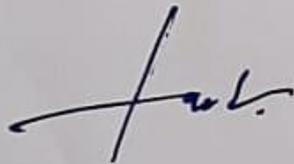
**HALAMAN PERSETUJUAN SKRIPSI**

**ANALISIS VARIASI GENETIK *Capsicum annum* AKSESI  
KOPAY DAN SSP DENGAN TEKNIK *TOUCHDOWN* RAPD  
PCR**

Nama : Nina Fitriana  
NIM : 17032125  
Program Studi : Biologi  
Jurusan : Biologi  
Fakultas : Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam

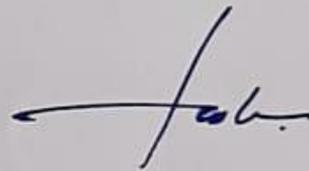
Padang, 2 Juni 2021

Mengetahui :  
Ketua Jurusan Biologi



Dr. Dwi Hilda Putri, S.Si., M.Biomed  
NIP. 19750815 200604 2 001

Disetujui oleh :  
Pembimbing



Dr. Dwi Hilda Putri, S.Si., M.Biomed  
NIP. 19750815 200604 2 001

## PENGESAHAN LULUS UJIAN SKRIPSI

Nama : Nina Fitriana  
Nim : 17032125  
Program Studi : Biologi  
Jurusan : Biologi  
Fakultas : Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam

### ANALISIS VARIASI GENETIK *Capsicum annum* AKSESI KOPAY DAN SSP DENGAN TEKNIK *TOUCHDOWN* RAPD PCR

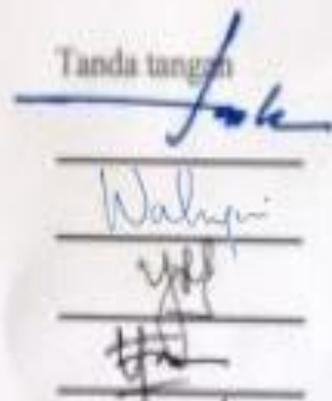
Dinyatakan lulus setelah dipertahankan di depan Tim Penguji Skripsi  
Jurusan Biologi Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam  
Universitas Negeri Padang

Padang, 2 Juni 2021

Tim Penguji

	Nama
Ketua	: Dr. Dwi Hilda Putri, S.Si., M.Biomed
Anggota	: Dr. Wahyuni, S.Si., M.Biomed
Anggota	: Dr. Yuni Ahda, S.Si., M.Si
Anggota	: Afifatul Achyar, S.Si., M.Si

Tanda tangan



The image shows three handwritten signatures in blue ink, each placed on a horizontal line. The top signature is the most prominent and appears to be 'Dwi Hilda Putri'. The middle signature is 'Wahyuni' and the bottom signature is 'Yuni Ahda'.

## SURAT PERNYATAAN TIDAK PLAGIAT

Saya yang bertanda tangan dibawah ini :

Nama : Nina Fitriana  
NIM/TM : 17032125/2017  
Program Studi : Biologi  
Jurusan : Biologi  
Fakultas : Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam

Dengan ini menyatakan bahwa, skripsi saya dengan judul “Analisis Variasi Genetik *Capiscum annum* Aksesori Kopay dan SSP dengan Teknik *Touchdown* RAPD PCR” adalah benar merupakan karya sendiri, bukan hasil plagiat dari karya orang lain. Sepanjang pengetahuan saya tidak terdapat karya yang ditulis atau diterbitkan orang lain kecuali sebagai acuan atau kutipan dengan mengikuti tata penulisan karya ilmiah yang lazim.

Demikianlah pernyataan ini saya buat dengan penuh kesadaran dan rasa tanggung jawab sebagai anggota masyarakat ilmiah.

Padang, 2 Juni 2021

Diketahui oleh :

a.n Ketua Jurusan Biologi



Dr. Dwi Hilda Putri, S.Si., M.Biomed  
NIP. 19750815 200604 2 001

Saya yang menyatakan



Nina Fitriana  
NIM. 17032125

## ABSTRAK

**Nina Fitriana, 2021.** “Analisis Variasi Genetik *Capsicum annuum* Aksesori Kopay dan SSP dengan Teknik *Touchdown* RAPD PCR”

Cabai merupakan tanaman hortikultura penting Indonesia yang mempunyai nilai ekonomi tinggi karena dibutuhkan oleh masyarakat. Oleh karena itu penting untuk mengembangkan varietas tanaman ini. Informasi keragaman genetik tanaman perlu diketahui sebagai dasar pertimbangan dalam menyusun strategi pemuliaan tanaman secara berkelanjutan. Penelitian ini bertujuan untuk 1) membandingkan tingkat polimorfisme *Capsicum annuum* aksesori Kopay dan SSP, 2) mengetahui jarak genetik *Capsicum annuum* aksesori Kopay dan SSP.

Penelitian ini merupakan penelitian deskriptif yang dilaksanakan mulai bulan Februari hingga April 2021 di Laboratorium Genetika dan Bioteknologi, Jurusan Biologi, FMIPA, UNP. Sampel yang digunakan adalah cabai merah keriting (*Capsicum annuum* L.) aksesori Kopay dan SSP. Protokol isolasi DNA yang digunakan berbasis Mini-prep CTAB. Primer RAPD yang digunakan sebanyak 10 buah, yaitu OPA-02, OPA-04, OPB-12, OPC-15, OPE-12, OPE-14, OPE-15, OPJ-20, OPM-09, dan OPN-15. Produk *touchdown* PCR dielektroforesis pada *gel* agarose 1% dengan tegangan listrik 50 volt selama 2 jam. Analisis skoring pita polimorfisme menggunakan sistem biner yaitu 0 untuk tidak ada (*absence*) dan 1 untuk ada (*presence*). Hasil skoring digunakan untuk menganalisis keragaman genetik dengan program aplikasi pengolahan data molekular PAST4.05.

Hasil penelitian menunjukkan tingkat polimorfisme aksesori SSP dan Kopay pada 2 primer (OPA-02 dan OPC-15) adalah sama yaitu 100%. Sedangkan pada primer OPM-09 adalah 80%, OPN-15 adalah 70%, OPE-14 adalah 33,33%, OPB-12 adalah 25%, dan OPA-04 adalah 14,28%. Aksesori cabai SSP dan Kopay memiliki jarak genetik atau kemiripan genetik yang jauh dengan nilai *Jaccard's similarity* sebesar 0.38. Hasil ini memberikan informasi mengenai keragaman genetik cabai dan pedoman untuk memilih aksesori potensial untuk pemuliaan tanaman.

**Kata kunci: variasi genetik, cabai, marka molekular, RAPD**

## ABSTRACT

**Nina Fitriana, 2021.**"Analysis of Genetic Variation in *Capsicum annuum* Accession of Kopay and SSP with Touchdown Technique RAPD PCR"

Chili is an important horticultural crop in Indonesia which has high economic value because it is needed by the community. Therefore it is important to develop varieties of this plant. Information on plant genetic diversity needs to be known as a basis for consideration in developing sustainable plant breeding strategies. This study aims to 1) compare the polymorphism levels of the *Capsicum annuum* Kopay and SSP accessions, 2) to determine the genetic distance of the *Capsicum annuum* accessions Kopay and SSP.

This research is a descriptive study conducted from February to April 2021 at the Laboratory of Genetics and Biotechnology, Department of Biology, FMIPA, UNP. The sample used was curly red chili (*Capsicum annuum* L.) Kopay accession and SSP. The DNA isolation protocol used was based on the Mini-prep CTAB. 10 RAPD primers were used, namely OPA-02, OPA-04, OPB-12, OPC-15, OPE-12, OPE-14, OPE-15, OPJ-20, OPM-09, and OPN-15. The touchdown PCR product was electrophoresed on 1% agarose gel with a power supply of 50 volts for 2 hours. Polymorphism band scoring analysis used the biner system, namely 0 for absence and 1 for presence. The scoring results were used to analyze genetic diversity with the molecular data processing application program PAST4.05.

The results showed the level of polymorphism of CNS and Kopay accessions in 2 primers (OPA-02 and OPC-15) was the same, namely 100%. Whereas the OPM-09 primer was 80%, OPN-15 was 70%, OPE-14 was 33.33%, OPB-12 was 25%, and OPA-04 was 14.28%. SSP and Kopay chilli accessions have far genetic distance or genetic similarity with Jaccard's similarity value of 0.38. These results provide information on the genetic diversity of chilies and guidelines for selecting potential accessions for plant breeding.

**Keywords: genetic variation, chilies, molecular markers, RAPD**

## KATA PENGANTAR



Puji dan syukur kepada Allah Subhanahu Wa Ta'ala yang telah memberikan rahmat dan karunia-Nya sehingga penulis dapat melaksanakan penelitian dan menyelesaikan skripsi ini yang berjudul “**Analisis Variasi Genetik *Capsicum annum* Aksesori Kopay dan SSP dengan Teknik *Touchdown RAPD PCR*”**. Sholawat beriring salam kepada Nabi Muhammad Shallallahu ‘Alaihi Wa Sallam sebagai uswatun hasanah junjungan umat seluruh alam.

Penulisan skripsi ini bertujuan untuk memenuhi salah satu persyaratan memperoleh gelar Sarjana Sains Jurusan Biologi Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam Universitas Negeri Padang.

Dalam menyelesaikan skripsi ini penulis tidak terlepas dari dukungan dan bantuan berbagai pihak. Oleh karena itu, ucapan terimakasih penulis sampaikan kepada :

1. Ibu Dr. Dwi Hilda Putri, S.Si, M.Biomed sebagai pembimbing I, yang telah memberikan waktu, pikiran, dan tenaga untuk membimbing dan mengarahkan penulis dalam menyelesaikan skripsi.
2. Ibu Dr. Wahyuni, S.Si, M.Biomed sebagai pembimbing II, yang telah memberikan waktu, pikiran, dan tenaga untuk membimbing dan mengarahkan penulis dalam menyelesaikan skripsi.
3. Ibu Dr. Yuni Ahda, S.Si, M.Si, sebagai dosen penguji, yang telah memberikan kritikan dan saran dalam penulisan skripsi.
4. Ibu Afifatul Achyar, M.Si sebagai dosen penguji, yang telah memberikan masukan, kritikan, saran, dan dukungan kepada penulis dalam menyelesaikan skripsi.
5. Ibu dr. Elsa Yuniarti, S.Ked, M.biomed., AIFO-K sebagai pembimbing akademik yang telah memberikan nasehat dan saran selama di Jurusan Biologi.

6. Bapak/Ibu dosen staf Jurusan Biologi yang telah memberikan ilmu dan membantu untuk kelancaran penyelesaian skripsi ini.
7. Kedua Orang Tua Tercinta, Terkasih, dan Tersayang, Ayahanda Abdul Muhfid, dan Ibunda Jumarina yang senantiasa memberikan do'a, dukungan, arahan, dan semangat, yang selalu mengiringi setiap langkah perjalanan penulis dalam proses menempuh pendidikan hingga penyelesaian skripsi ini.
8. Keluarga besar penulis yang senantiasa memberikan do'a serta dukungan terutama untuk kakak Yulia Fitriana dan Adik Muhammad Fairuz Muflih.
9. Masnaini Siregar, Indah Mardhotillah, dan Musaddad sebagai sahabat tersayang yang senantiasa memberikan dukungan dan bantuan. Penulis bersyukur dapat berproses bersama dari awal perkuliahan hingga detik ini. Terimakasih sudah selalu ada, memberikan semangat, motivasi, dan hiburan,
10. Sri Octa Handayani, partner seperjuangan penelitian tersolid, yang saling melengkapi, membantu, dan mendukung dalam lika-liku penelitian hingga penyelesaian skripsi.
11. Keluarga besar Biologi 2017 yang selalu memberikan do'a dan dukungan.

Semoga bantuan yang Bapak/Ibu serta rekan-rekan berikan bernilai ibadah dan mendapatkan pahala dari Allah Subhanahu Wa Ta'ala. penulis menyadari bahwa skripsi ini banyak terdapat kekurangan, oleh karena itu penulis dengan sangat senang hati menerima kritik dan saran yang membangun. Penulis berharap penulisan skripsi ini dapat bermanfaat bagi penulis maupun bagi semua orang yang membacanya.

Padang, Mei 2021

Penulis

## DAFTAR ISI

Halaman

<b>HALAMAN PERSETUJUAN SKRIPSI</b>	
<b>PENGESAHAN LULUS UJIAN SKRIPSI</b>	
<b>SURAT PERNYATAAN TIDAK PLAGIAT</b>	
<b>ABSTRAK.....</b>	<b>i</b>
<b>KATA PENGANTAR.....</b>	<b>Error! Bookmark not defined.i</b>
<b>DAFTAR ISI.....</b>	<b>v</b>
<b>DAFTAR TABEL.....</b>	<b>vi</b>
<b>DAFTAR GAMBAR.....</b>	<b>vii</b>
<b>DAFTAR LAMPIRAN.....</b>	<b>viii</b>
<b>BAB I PENDAHULUAN.....</b>	<b>1</b>
A. Latar Belakang.....	1
B. Rumusan Masalah.....	6
C. Tujuan Penelitian.....	6
D. Manfaat Penelitian.....	6
<b>BAB II TINJAUAN PUSTAKA.....</b>	<b>8</b>
A. Cabai ( <i>Capsicum annuum</i> L.).....	8
B. Variasi Genetik.....	11
C. Marka Molekular.....	12
D. RAPD.....	14
<b>BAB III METODE PENELITIAN.....</b>	<b>18</b>
A. Jenis Penelitian.....	18
B. Waktu dan Tempat.....	18
C. Alat dan Bahan.....	18
D. Prosedur Penelitian.....	19
<b>BAB IV HASIL DAN PEMBAHASAN.....</b>	<b>26</b>
A. Hasil.....	26
B. Pembahasan.....	34
<b>BAB V KESIMPULAN DAN SARAN.....</b>	<b>43</b>
A. Kesimpulan.....	43
B. Saran.....	43
<b>DAFTAR PUSTAKA.....</b>	<b>44</b>
<b>LAMPIRAN.....</b>	<b>51</b>

## DAFTAR TABEL

<b>Tabel</b>	<b>Halaman</b>
1. Primer RAPD yang digunakan untuk Amplifikasi DNA Cabai.....	19
2. Komposisi Campuran Reaksi PCR.....	23
3. Konsentrasi dan Kemurnian Hasil Isolasi DNA.....	27
4. Polimorfisme Cabai SSP dan Cabai Kopay dari 7 Primer.....	31
5. Nilai <i>Jaccard's Similarity</i> atau <i>Distance Indeces</i> .....	34

## DAFTAR GAMBAR

<b>Gambar</b>	<b>Halaman</b>
1. Hasil Kualifikasi DNA Total Cabai dengan Gel Agarose 0.8% dan Penanda DNA 1 kb.....	26
2. Hasil Amplifikasi 2 Aksesori Cabai dengan 10 Buah Primer .....	29

## DAFTAR LAMPIRAN

Lampiran	Halaman
1. Hasil Skoring Pita Elektroforesis dari Hasil Amplifikasi Masing – Masing DNA Sampel.....	51
2. Optimasi Konsentrasi DNA <i>Template</i> pada Sampel Kopay.....	53
3. Dokumentasi Penelitian.....	54

## **BAB I PENDAHULUAN**

### **A. Latar Belakang**

Cabai keriting (*Capsicum annuum*) berasal dari Amerika Tengah, tepatnya Bolivia, merupakan salah satu komoditas sayuran utama dunia, dengan total luas tanam sekitar 3,7 juta hektar dan produksi 33,4 juta ton per tahun (FAOSTAT, 2011). Meskipun bukan tanaman asli Indonesia, cabai keriting adalah tanaman hortikultura penting Indonesia karena dibutuhkan oleh masyarakat dalam kehidupan sehari-hari. Cabai keriting berkembang luas hampir di seluruh wilayah Indonesia, dengan luas panen pada tahun 2018 mencapai 136,857 hektar dengan produksi 1.067.373 ton (Direktorat Jenderal Hortikultura, 2019).

Cabai keriting memiliki kandungan gizi yang cukup lengkap, yaitu: protein, lemak, karbohidrat, kalsium, fosfor, besi, vitamin, dan berbagai macam senyawa bioaktif, seperti capsaicin, flavonoid, serta minyak esensial (Pawar *et al.*, 2011). Senyawa-senyawa bioaktif yang terdapat pada cabai keriting banyak dimanfaatkan sebagai bahan baku industri makanan, bidang farmasi serta bidang kesehatan, diantaranya untuk menyembuhkan kejang, sakit tenggorokan, sakit kepala, alergi, anti kanker, rematik, membantu sirkulasi darah dalam jantung dan lain-lain (Saleh *et al.*, 2018; Fattori *et al.*, 2016).

Pemanfaatan cabai keriting yang begitu luas disebabkan keanekaragaman jenisnya, sehingga memiliki peranan strategis dalam pembangunan perekonomian nasional. Hal ini mengakibatkan tanaman cabai keriting memiliki nilai ekonomi yang tinggi. Namun, tingginya permintaan pasar terhadap cabai terkadang tidak diimbangi dengan ketersediaan produknya. Salah satu penyebab menurunnya ketersediaan produksi cabai yaitu akibat rendahnya daya tahan tanaman cabai terhadap hama, penyakit, cuaca, dan rendahnya daya tahan simpan buah setelah

masa panen. Sumber daya genetik cabai memiliki peranan penting untuk perbaikan varietas di masa depan. Perubahan preferensi konsumen dan kebutuhan pasokan cabai yang terus meningkat memerlukan adanya varietas baru yang berkualitas dan berproduksi tinggi. Oleh karena itu, sumber daya genetik cabai perlu dilestarikan dan dikelola dengan baik, selanjutnya dimanfaatkan untuk perbaikan varietas melalui kegiatan pemuliaan (Permadi dan Kusandriani, 2006).

Secara umum cabai keriting memiliki karakteristik yang lebih tahan terhadap penyakit dan hama, buahnya tidak mudah busuk karena kulitnya tipis, dan mempunyai rasa yang cukup pedas (Djarwaningsih, 2005). Namun karakter ini tidak selalu sama antar aksesinya. Menurut Wartono *et al.*, (2019), cabai keriting memiliki banyak aksesori, diantaranya aksesori Laris, Anies, Yuni, Cibinong, Lokal Lembang, Vitra, Kencana, Cakri Andalas, Lembang-1, Kopay, dan SSP.

Cabai Kopay adalah cabai yang berasal dari Kota Payakumbuh. Cabai Kopay memiliki karakteristik yang berbeda dengan cabai keriting lainnya, mulai dari aspek produktivitasnya, bentuk fisik, daya tahan cabai, dan tingkat kepedasan cabai. Karakteristik unggul cabai Kopay yaitu memiliki hasil panen yang tinggi (18-21 ton/ha), sedangkan rata-rata produksi cabai keriting lainnya berkisar 7-8 ton/ha. Kemudian memiliki panjang buah mencapai 30-35 cm, sedangkan cabai keriting lainnya sekitar 10-15 cm. Kadar vitamin C cabai Kopay juga lebih tinggi dibandingkan cabai keriting lainnya yaitu sebesar 0,29%, sedangkan cabai keriting lain sekitar 0,18 %. Namun, kadar air cabai Kopay yang lebih tinggi (78,99%) dibandingkan dengan cabai keriting lainnya (75,69%) menyebabkan cabai ini memiliki masa simpan buah yang tidak terlalu lama. Tingginya kadar air pada cabai

Kopay karena daging kulit buahnya yang lebih tebal. Selain itu, cabai Kopay juga memiliki rasa yang tidak begitu pedas. (Harpenas *et al.*, 2010).

Cabai SSP adalah cabai yang berasal dari Kota Bogor. Cabai SSP memiliki ukuran yang tidak terlalu besar, namun memiliki rasa yang lebih pedas, dan memiliki daya simpan buah yang lebih tahan lama dibandingkan dengan cabai keriting lainnya karena daging kulit buahnya yang tipis (Djarwaningsih, 2005). Kedua karakter cabai ini dapat menghasilkan jenis cabai baru sesuai karakter yang diinginkan dengan menggabungkan sifat unggulnya atau dengan melakukan perakitan varietas unggul pada pemuliaan tanaman. Tujuan pemuliaan tanaman adalah memaksimalkan potensi genetik suatu tanaman melalui perakitan kultivar unggul baru yang berdaya hasil dan berkualitas tinggi, serta resisten terhadap kendala biotik dan abiotik (Kurniawati *et al.*, 2017).

Proses seleksi tanaman yang tepat merupakan salah satu faktor yang menentukan keberhasilan suatu budidaya tanaman. Namun, seleksi tanaman merupakan kendala tersendiri dalam peningkatan produktivitas dan pemuliaan tanaman cabai di Indonesia, sebab proses seleksi secara konvensional atau seleksi secara fenotipe membutuhkan waktu yang cukup lama (Woelan *et al.*, 2010). Kendala seleksi tanaman ini dapat diatasi dengan teknik penanda atau marka molekular. Pemanfaatan penanda molekular untuk karakterisasi dan identifikasi plasma nutfah memberikan hasil yang lebih cepat, efektif, efisien, konsisten dan akurat dibandingkan dengan hanya menggunakan penanda morfologi atau biokimia saja. Hal ini karena aplikasi penanda molekular tidak dipengaruhi oleh lingkungan dan musim, perkembangan tanaman, dapat mengakses langsung ke bagian material genetik (DNA), dapat dilakukan pada stadium awal bahkan pada benih sekalipun,

serta tidak bersifat merusak karena hanya membutuhkan sedikit sampel (Zulfahmi, 2013). Selain itu, marka molekular dapat menggambarkan keragaman karakter antar individu yang lebih tinggi (Langga et al., 2012). Metode penanda molekular telah banyak diaplikasikan untuk pengujian varietas, perbanyakan benih, pemuliaan tanaman, dan sebagai alat bantu seleksi (Mulsanti *et al.*, 2015). Meski demikian, identifikasi berdasarkan marka molekular, morfologi, biokimia, dan marka lainnya dapat digunakan bersama dan saling melengkapi (Septiningsih *et al.*, 2004).

Identifikasi variasi genetik tanaman sangat penting bila dihubungkan dengan pemuliaan tanaman (Mulsanti *et al.*, 2015). Keberhasilan program pemuliaan tanaman salah satunya bergantung pada analisis keragaman genetik dan kekerabatan, baik antar spesies maupun antargenotipe (Mahatma *et al.*, 2009) Rodriguez *et al.* (1999) menjelaskan bahwa adanya keragaman genetik yang tinggi merupakan salah satu acuan utama yang harus dimiliki pemulia untuk memperoleh kultivar unggul. Perlu dilakukan evaluasi terhadap sumber daya genetik cabai sehingga akan diperoleh genotip cabai potensial yang memiliki cukup kandungan nutrisi yang baik dan akan sangat bermanfaat bagi ketersediaan sumber bahan pangan yang berkualitas (Balitbag, 2011). Peluang untuk memperoleh karakter ideal akan lebih tinggi jika tersedia keanekaragaman genetik yang tinggi pula (Sulistyawati *et al.*, 2014). Keanekaragaman genetik terjadi karena adanya perubahan basa nukleotida penyusun DNA. Perubahan ini dapat mempengaruhi fenotipe secara langsung atau mempengaruhi reaksi individu terhadap lingkungan tertentu (Suryanto, 2003).

Dalam penelitian ini, penanda molekular yang digunakan adalah *Random Amplified Polymorphic DNA* (RAPD). Penanda ini dipilih karena memiliki

keunggulan dari penanda molekular DNA lainnya baik dari segi ekonomis maupun aplikasinya, yaitu mudah dilakukan, hanya membutuhkan kuantitas DNA yang sedikit untuk reaksi PCR (*Polymerase Chain Reaction*), tidak memerlukan informasi awal genom target, memiliki kemampuan yang cepat dalam mendeteksi polimorfisme pada sejumlah lokus, dan mempunyai tingkat polimorfisme yang tinggi (Martida dan Pharmawati, 2016). Besarnya tingkat polimorfisme yang dihasilkan dipengaruhi oleh genotipe yang diuji, jumlah dan jenis primer yang digunakan (Rosmaina dan Zulfahmi, 2013).

Metode RAPD telah banyak digunakan dalam proses genetika *fingerprinting*, menyajikan peta hubungan kekerabatan, menemukan gen ketahanan penyakit, identifikasi penanda spesifik dalam kromosom dan karakterisasi hibrida somatik (Cheema, 2013). Teknik yang digunakan pada penelitian ini adalah *touchdown* RAPD PCR. Teknik ini digunakan untuk mengidentifikasi adanya variasi genetik berdasarkan perbedaan pita DNA polimorfisme yang teramplifikasi oleh primer RAPD. Primer RAPD yang digunakan merupakan primer tunggal yang bersifat universal, sehingga diperlukan teknik *touchdown* PCR untuk *mengoptimalkan* program PCR, meningkatkan spesifisitas dan sensitivitasnya tanpa perlu mendesain ulang primer (Darren & John, 2008). *Touchdown* PCR merupakan pendekatan yang secara mendasar berbeda dengan optimasi PCR (Don *et al.*, 1991). Kekuatan *touchdown* PCR telah didemonstrasikan dengan memperkuat amplikon tunggal dari DNA genom menggunakan beberapa kombinasi primer atau *template* yang secara signifikan tidak cocok. Pendekatan ini memiliki penerapan yang cukup luas (Newton dan Graham, 1994).

Beberapa penelitian capsicum menggunakan marka molekular RAPD telah berhasil mengidentifikasi variasi genetik dari gen-gen yang menarik bagi agronomi dan membantu membangun peta keterkaitan atau studi tentang keragaman genetik serta filogeni (Prince et al. 1995, ; Vazquez et al. 1996; Livingstone et al. 1999; Rodriguez et al. 1999; Engle et al. 2001). Namun penelitian tentang perbandingan variasi genetik antar aksesori *Capsicum annuum* belum banyak dilakukan (Prince et al. 1995).

Berdasarkan uraian di atas, maka dilakukan penelitian yang berjudul :  
**“Analisis Variasi Genetik *Capsicum annuum* Aksesori Kopay dan SSP dengan Teknik *Touchdown* RAPD PCR.”**

#### **B. Rumusan Masalah**

1. Bagaimana perbandingan tingkat polimorfisme *Capsicum annuum* aksesori Kopay dan SSP?
2. Bagaimana jarak genetik atau kemiripan genetik *Capsicum annuum* aksesori Kopay dan SSP?

#### **C. Tujuan Penelitian**

1. Membandingkan tingkat polimorfisme *Capsicum annuum* aksesori Kopay dan SSP.
2. Mengetahui jarak genetik atau kemiripan genetik *Capsicum annuum* aksesori Kopay dan SSP.

#### **D. Manfaat Penelitian**

1. Sebagai informasi dasar bagi pemulia tanaman dalam mengidentifikasi dan mengelompokkan genotip cabai Kopay dan cabai SSP.
2. Sebagai informasi bagi pemulia untuk mengembangkan varietas cabai unggul.

3. Sebagai dasar ilmu bioteknologi dalam pemanfaatan tanaman dibidang industri dan pertanian.
4. Sebagai informasi serta bahan acuan awal untuk penelitian selanjutnya.