

**ANALISIS KEKERABATAN ANGGOTA FAMILIA SOLANACEAE  
BERDASARKAN SIKUEN DNA DAERAH ITS  
(INTERNAL TRANSCRIBED SPACER)**

**ABSTRAK**

Solanaceae merupakan familia tumbuhan dengan tingkat keanekaragaman yang tinggi sehingga diperlukan penanda molekuler untuk memberikan karakter yang lebih akurat dalam membentuk pola kekerabatan. *Internal Transcribed Spacer* (ITS) merupakan penanda molekuler universal yang sering digunakan dalam analisis kekerabatan tumbuhan tinggi maupun rendah. Penelitian ini bertujuan untuk melihat pengelompokan anggota familia Solanaceae berdasarkan daerah ITS-1; 5,8S; dan ITS-2 secara terpisah, serta gabungan dari ketiganya, selain itu juga untuk mengetahui konsistensi pengelompokan tersebut dengan pengelompokan yang telah ada sebelumnya. Analisis filogenetik dilakukan terhadap dua puluh spesies anggota Solanaceae yang terdiri dari sebelas genus serta tiga *outgroup* yang berasal dari familia Convolvulaceae, Apocynaceae, dan Plantaginaceae. Pembentukan pohon filogeni menggunakan *software* Mega versi 4 dengan metode *bootstrap test of phylogeny* dan *maximum parsimony* dengan data yang berasal dari ITS-1; 5,8S; ITS-2, serta gabungan ketiganya. Hasil dari penelitian ini menunjukkan bahwa pohon dengan data yang berasal dari gabungan daerah ITS membentuk pola kekerabatan secara tepat dibandingkan jika hanya menggunakan salah satu daerah ITS saja. Terdapat tiga kelompok besar yang terbentuk yaitu kelompok I terdiri dari supergenus Datureae, Cestreae, dan Petuninae, kelompok II terdiri dari supergenus Withininae dan Physalinae yang merupakan anggota dari *tribe* Physaleae, serta kelompok III terdiri dari supergenus Solaneae. Penggunaan ITS sebagai penanda molekuler mendukung pengelompokan yang telah ada sebelumnya.

**Kata kunci :** Solanaceae, *Internal Transcribed Spacer*, dan Filogeni.

## **PHYLOGENETIC ANALYSIS OF SOLANACEAE BASED ON ITS (INTERNAL TRANSCRIBED SPACER) SEQUENCE**

### **ABSTRACT**

Solanaceae is a family of plants with high diversity so that the molecular marker needed to provide more accurate character in determine of relationship among Solanaceae members. Internal Transcribed spacer (ITS) is a universal molecular marker that is often used for relationship analysis of plants. This study aims to find out relationship among the member of Solanaceae family based on ITS-1; 5,8S; ITS-2; and the combination of all, and also to determine the consistency of the relationship based on previous study. Phylogenetic analysis has been conducted on twenty species of eleven genera Solanaceae and three outgroup derived from family Convolvulaceae, Apocynaceae, and Plantaginaceae. Phylogeny tree analysis using software Mega version 4 with bootstrap test of phylogeny and maximum parsimony method with data derived from the ITS-1; 5,8S; ITS-2, and the combination of all. Results from this study indicate that phylogeny tree with the data derived from the combined sequences of ITS establish relationship patterns accurately than if use only one of ITS region. There are three major groups formed namely group I consists of supergenus Datureae, Cestreae, and Petuninae; group II consists of supergenus Withaninae and Physalinae that are member of tribe Physaleae, and group III consists of supergenus Solaneae. The use of ITS as a molecular markers support the Solanaceae relationship that has been studied before.

**Keywords :** Solanaceae, *Internal Transcribed Spacer*, and Phylogeny.