



INTISARI

Kacang panjang (*Vigna unguiculata* subsp. *sesquipedalis*) merupakan sayuran kacang-kacangan yang banyak dikonsumsi oleh masyarakat Indonesia. Walaupun demikian, produksi kacang panjang mengalami penurunan dari tahun ke tahun dan produksi dapat ditingkatkan dengan perakitan varietas unggul baru. Pengembangan kultivar unggul kacang panjang perlu diawali dengan mengetahui keragaman genetik koleksi sumber daya genetik yang tersedia melalui karakterisasi. Karakterisasi dapat dilakukan berdasarkan penanda morfologi dan penanda DNA. Penanda mikrosatelit atau *simple sequence repeat* (SSR) merupakan salah satu penanda DNA yang banyak digunakan untuk analisis keragaman genetik sekaligus pengembangan sidik jari DNA yang bermanfaat dalam perlindungan varietas tanaman. Karakterisasi dilakukan terhadap 45 aksesi kacang panjang dan 3 aksesi kacang tunggak menggunakan sifat polong dan 10 penanda mikrosatelit. Sifat polong yang diamati adalah panjang polong, lebar polong, berat segar polong, panjang polong per tanaman, dan berat segar polong per tanaman. Data sifat polong dianalisis menggunakan uji Scott-Knott, analisis gerombol, analisis korelasi, dan analisis komponen utama, sedangkan penanda mikrosatelit dianalisis dengan analisis polimorfisme, analisis pengelompokan, analisis koordinat utama, dan penentuan penanda DNA khusus. Berdasarkan analisis sifat polong, terdapat keragaman genetik pada aksesi kacang panjang yang digunakan. Aksesi kacang panjang terbagi menjadi dua kelompok besar berdasarkan ukuran panjang polong. Panjang polong diketahui memiliki korelasi positif dengan berat segar polong dan keduanya memiliki korelasi negatif dengan jumlah polong per tanaman. Berdasarkan analisis penanda mikrosatelit, CLM0032 dan CLM0792 mampu menunjukkan keragaman genetik aksesi kacang panjang secara optimal. Walaupun demikian, aksesi kacang panjang ditemukan memiliki keragaman genetik cukup rendah berdasarkan koefisien kemiripan Jaccard. Analisis pengelompokan menunjukkan kacang panjang terbagi menjadi tiga kelompok besar dan pengelompokan yang terbentuk tidak memiliki korelasi dengan sifat polong dan asal daerah. Lima dari sepuluh penanda mikrosatelit menghasilkan alel khusus yang dapat digunakan sebagai penanda DNA khusus aksesi kacang panjang.

Kata kunci: Mikrosatelit, sifat polong, karakterisasi, keragaman genetik



UNIVERSITAS
GADJAH MADA

KARAKTERISASI AKSESI KACANG PANJANG (*Vigna unguiculata* subsp. *sesquipedalis*)
BERDASARKAN PENANDA
MORFOLOGI DAN MIKROSATELIT

FEBRIANNA INDAH N, Dr. Ir. Taryono, M.Sc.

Universitas Gadjah Mada, 2022 | Diunduh dari <http://etd.repository.ugm.ac.id/>

ABSTRACT

Yardlong bean (*Vigna unguiculata* subsp. *sesquipedalis*) is a vegetable legume widely consumed by Indonesian. Yardlong bean production has decreased year by year, however, production can be increased through high yielding cultivar development. Genetic improvement of superior cultivar needs to be initiated by assessing genetic diversity of genetic resource collections through characterization. Characterization can be done based on morphological and DNA markers. Microsatellite or Simple sequence repeat (SSR) marker is one of the DNA markers widely used for assessing genetic diversity and development of DNA fingerprinting that is useful for plant varieties protection. In this study, characterization was carried out on 45 accessions of yardlong beans and 3 accessions of cowpea using pod traits and 10 microsatellite markers. The observed pod traits were pod length, pod width, fresh pod weight, pod length per plant, and pod fresh weight per plant. Morphological data were analyzed by Scott-Knott test, cluster analysis, correlation analysis, and principal component analysis. Meanwhile, DNA marker data were analyzed by polymorphism analysis, cluster analysis, principal coordinate analysis, and specific DNA marker. Based on the analysis of pod traits, genetic diversity was found among yardlong bean accessions. Accessions were divided into two major groups based on pod length. Pod length showed positive correlation with fresh pod weight and both had negative correlation with the number of pods per plant. Based on DNA marker data, CLM0032 and CLM0792 were two best markers that revealed genetic diversity. However, low genetic diversity was identified by Jaccard similarity coefficient. Cluster analysis showed accessions were divided into three major groups that had no correlation with pod traits and regional origin. Five of the ten microsatellite markers produced specific alleles that could be used as specific DNA markers of yardlong bean accessions.

Keywords: Microsatellite, pod traits, characterization, genetic diversity