

## INTISARI

Analisis segregasi dan keragaman genetik merupakan analisis yang perlu dilakukan untuk mengetahui pola pewarisan dan mengevaluasi hasil persilangan. Tujuan akhir dari analisis tersebut adalah memudahkan kegiatan seleksi. Populasi F2 memiliki keragaman genetik tinggi sehingga tepat dilakukan analisis tersebut. Pada penelitian ini, analisis dilakukan pada populasi F2 hasil persilangan mentimun Indonesia varietas 'Metavy' dengan mentimun landrace asal Jepang 'Shiroibo Fushinari' yang memiliki asal daerah berbeda. Persilangan antara kultivar dengan asal berbeda akan menghasilkan keragaman genetik yang tinggi karena jarak genetik yang jauh. Analisis segregasi dan keragaman genetik dilakukan menggunakan marka molekuler berbasis retrotransposon yakni *Inter-Retrotransposon Amplified Polymorphism* (IRAP) dan *Inter-SINE Amplified Polymorphism* (ISAP). Retrotransposon termasuk dalam kelas *transposable element* yang terdapat dalam organisme eukariotik namun pemanfaatannya belum banyak digunakan. Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui pola segregasi, keragaman genetik, dan kekerabatan genetik populasi F2 mentimun hasil persilangan Metavy x Shiroibo Fushinari berdasarkan marka ISAP dan IRAP. Bahan tanam yang digunakan adalah tanaman populasi F2, tanaman tetua jantan 'Shiroibo Fushinari', dan tanaman tetua betina 'Metavy'. Analisis molekuler dilakukan dengan 4 kombinasi ISAP dan 3 kombinasi IRAP. Hasil analisis segregasi menunjukkan bahwa berdasarkan marka ISAP 20.83% lokus sesuai dengan nisbah segregasi sedangkan berdasarkan marka IRAP 17.39%. Nilai keragaman genetik berdasarkan marka ISAP 0.283 dan marka IRAP 0.266. Analisis dendrogram menunjukkan populasi F2 terbagi 2 kelas berdasarkan kemiripan dengan kedua tetuanya. Marka ISAP lebih baik untuk analisis kekerabatan karena dapat mengelompokkan populasi F2 berdasarkan kemiripan dengan tetuanya secara lebih baik pada *Principal Component Analysis* (PCoA).

**Kata Kunci :** *Cucumis sativus*, Persilangan, Populasi F2, Retrotransposon, Segregasi

## ABSTRACT

Segregation and genetic diversity analysis are entailed to identify the inheritance pattern and evaluate crossing for further use allocating selection process. An F2 population is an appropriate generation to analyze based on its high diversity. In this research, the analysis is implemented on the F2 population crossed of Indonesia's commercial cucumber 'Metavy' and Japan's landrace cucumber 'Shiroibo Fushinari'. Crossing the different origins will generate high diversity due to the farness of genetic distance. Segregation and genetic diversity analysis used molecular retrotransposon-based marker, *Inter-Retrotransposon Amplified Polymorphism* (IRAP) dan *Inter-SINE Amplified Polymorphism* (ISAP). Retrotransposon encompassed the transposable element that establishes in eucaryotic organisms but is slightly useful yet. The objectives of the research are to understand the segregation inheritance, genetic diversity, and genetic relationship of the F2 population using IRAP dan ISAP markers. Planting material used plants of F2 population, female parent 'Metavy', and male parent 'Shiroibo Fushinari'. Molecular analysis used 4 combinations of ISAP and 3 combinations of IRAP. The segregation analysis shown on ISAP markers is 20.835% loci fit segregation ratio compared to IRAP markers is 17.39%. Genetic diversity in the F2 population based on ISAP marker is 0.283 and based IRAP marker is 0.266. Furthermore, in dendogram analysis F2 population is separated into 2 clusters based on parental similarity. ISAP marker is preferable than IRAP marker for genetic analysis due to ISAP marker can cluster F2 population on parental similarity exceeding than IRAP marker on *Principal Component Analysis* (PCoA).

**Keywords** : Crossing, *Cucumis sativus*, F2 population, Retrotransposon, Segregation