

INTISARI

Aglaonema merupakan salah satu tanaman hias, dan karakter bernilai ekonomis tinggi yang diinginkan pasar dari tanaman aglaonema adalah variasi daunnya. Evaluasi terhadap keragaman genetik perlu dilakukan sebelum memulai program pemuliaan tanaman aglaonema berdasarkan karakter yang diinginkan. Tujuan dari penelitian ini adalah untuk mengidentifikasi keragaman genetik enam belas aksesori aglaonema menggunakan marka *Sequence-Related Amplified Polymorphism* (SRAP) dan menentukan tingkat kemiripan antara enam belas tanaman aglaonema berdasarkan nilai jarak genetiknya. Penelitian dilaksanakan pada bulan Januari hingga April 2022 di Laboratorium Genetika dan Pemuliaan Tanaman, Program Studi Agronomi, Fakultas Pertanian, Universitas Gadjah Mada. Tujuh kombinasi primer digunakan di antaranya yaitu K28=ME1-EM8, K30=ME1-EM10, K31=ME2-EM6, K32=ME2-EM7, K33=ME2-EM8, K34=ME2-EM9, K35=ME2-EM10. Data biner dianalisis menggunakan NTSYS 2.02 dan GenAleEx 6.503. Hasil penelitian menunjukkan bahwa enam belas tanaman aglaonema yang dianalisis menunjukkan adanya keragaman genetik yang ditunjukkan oleh adanya tingkat polimorfisme DNA yang tinggi. Penanda molekuler SRAP menghasilkan polimorfisme yang tinggi dengan nilai berkisar antara 96-100%, sehingga dapat digunakan untuk menguji keragaman genetik Aglaonema. Berdasarkan nilai jarak genetik, analisis kluster, dan PCoA yang dilakukan didapatkan informasi bahwa spesies A1 (Anjamani) dan A4 (Big Leaf) merupakan spesies dengan keragaman paling tinggi dengan jarak genetik terjauh yaitu 0,698, sedangkan spesies A8 (Legacy) dan A9 (Legacy Putih) merupakan spesies dengan keragaman paling rendah dengan jarak genetik terdekat yaitu 0,109. Hasil ini menunjukkan bahwa aksesori Aglaonema yang digunakan dalam penelitian ini memiliki keragaman genetik yang tinggi berdasarkan analisis penanda molekuler SRAP.

Kata kunci: Aglaonema, Keragaman Genetik, SRAP

ABSTRACT

Aglaonema is an ornamental plant, which has economically important for leaf morphological traits. Pre-breeding program for Aglaonema with a certain desirable characteristics must be evaluated. The purpose of this study was to identify the genetic diversity of sixteen aglaonema accessions using Sequence-Related Amplified Polymorphism (SRAP) markers and to determine the degree of similarity between the sixteen aglaonema plants based on their genetic distance. The study was carried out from January to April 2022 at the Laboratory of Genetics and Plant Breeding, Department of Agronomy, Faculty of Agriculture, Gadjah Mada University. Seven primers combination was used including K28=ME1-EM8, K30=ME1-EM10, K31=ME2-EM6, K32=ME2-EM7, K33=ME2-EM8, K34=ME2-EM9, K35=ME2-EM10. The binary data were analyzed using NTSYS 2.02 and GenAleEx 6.503. The results showed that the sixteen aglaonema plants analyzed showed genetic diversity indicated by the high level of DNA polymorphism. The molecular marker SRAP produces high polymorphism ranged from 96-100%, so it can be used to test the genetic diversity of Aglaonema. Based on the value of genetic distance, cluster analysis, and PCoA, information was obtained that species A1 (Anjamani) and A4 (Big Leaf) were the species with the highest diversity with the furthest genetic distance of 0.698, while species A8 (Legacy) and A9 (Legacy White) is the species with the lowest diversity with the closest genetic distance of 0.109. These results suggest that Aglaonema accession used in this study exhibited high genetic variation based on SRAP marker analysis.

Keywords: *Aglaonema, Genetic Diversity, SRAP*