

INTISARI

Salak (*Salacca zalacca* (Gaert.) Voss) adalah salah satu komoditas buah asli asal Indonesia yang penting dan menjadi komoditas yang paling banyak diekspor di urutan keempat pada tahun 2019. Dalam upaya peningkatan kualitas produksi salak, perakitan varietas baru yang memiliki sifat-sifat unggul menjadi salah satu faktor pentingnya. Namun, untuk dapat melepas varietas baru terutama untuk perbanyak benih, terdapat beberapa aturan yang dipenuhi, salah satunya adalah memiliki keseragaman yang tinggi pada populasi varietas baru tersebut. Tujuan dari penelitian ini adalah untuk menghitung keragaman populasi salak betina F3, salak betina F4, dan salak jantan F4 hasil persilangan antara salak Pade Bali dan salak Mawar milik PT. Benih Sumber Andalan. Penelitian ini meliputi isolasi DNA genom total tanaman salak, analisis PCR menggunakan primer SCOPA, skoring data, analisis data dan interpretasinya. Data hasil analisis genotipik diolah menggunakan perangkat lunak NTSys 2.02i dan GenAlEx. Hasil penelitian menunjukkan bahwa populasi salak Pade Bali x salak Mawar betina F3 memiliki nilai heterozigositas rata-rata sebesar 0,139, salak betina F4 memiliki nilai heterozigositas rata-rata sebesar 0,261, dan salak jantan F4 memiliki nilai heterozigositas rata-rata sebesar 0,343. Berdasarkan persentase varians interpopulasi diketahui bahwa salak Pade Bali x salak Mawar memiliki nilai 11%, sedangkan intrapopulasinya memiliki nilai 89%.

Kata kunci: *Salacca zalacca* (Gaert.) Voss, heterozigositas, penanda DNA, SCOPA.

ABSTRACT

Salak (*Salacca zalacca* (Gaert.) Voss) is one of the most important fruit commodities native from Indonesia and become the fourth most exported commodity in 2019. With regards to the improvement on the quality of the salak production, the development of new varieties with superior characteristics can be one of the important factors. Prior to their propagation, however, new released varieties should meet several requirements, one of which is the population of new variety should be uniform. The objective of this study was to calculate the population diversity of F3 generation female salak, F4 generation female salak, and F4 generation male salak generated from Pade Bali salak and Mawar salak crosses of PT. Benih Sumber Andalan. Present study consisted of major steps as follows: DNA isolation, PCR analysis using SCOPA primers, scoring, data analysis and data interpretation. The genotypic data was subjected for genetic variation analysing using NTSys 2.02i and GenAlEx softwares. Results showed that Pade Bali salak x salak Mawar female F3, female salak F4, and male salak F4 populations revealed an average heterozygosity value of 0.139, of 0.261, and 0.343, respectively. Based on the percentage of interpopulation variance value, Pade Bali salak x Mawar salak had a value of 11%, while that in the intrapopulation had a value of 89%.

Keywords: *Salacca zalacca* (Gaert.) Voss, heterozygosity, DNA marker, SCOPA