

VARIASI GENETIK DAN HUBUNGAN KEKERABATAN MELON (*Cucumis melo* L.) INDONESIA BERDASARKAN *INTERGENIC SPACER* DNA KLOROPLAS

Alifah Rahmi Heritiera
21/490376/PBI/01812

INTISARI

Karakter morfologis dan keragaman genetik melon (*Cucumis melo* L.) penting untuk dianalisis agar mendapatkan informasi komprehensif suatu kultivar yang dapat dimanfaatkan untuk merakit melon varietas unggul. Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui hubungan fenetik berdasarkan karakter morfologis serta mengidentifikasi variasi genetik dan hubungan kekerabatan melon Indonesia berdasarkan *intergenic spacer* kloroplas DNA yaitu *ndhF-rpl32* dan *rpl32-trnL*. Pendekatan fenetik dilakukan terhadap 15 kultivar melon dengan analisis kluster dan analisis komponen utama. Analisis kluster menghasilkan tiga kluster dengan nilai koefisien similaritas sebesar 0,7-0,83. Sementara analisis komponen utama menunjukkan bahwa pemisahan kluster dipengaruhi oleh karakter panjang dan berat biji, warna daging buah, tipe kulit buah dan bentuk buah. Pohon filogenetik direkonstruksi dengan menggunakan metode *Neighbor-Joining* dan *Maximum Likelihood*, menunjukkan pemisahan *clade* yang berbeda berdasarkan *ndhF-rpl32* (2 *clade*) dan *rpl32-trnL* (3 *clade*). Hasil menunjukkan bahwa variasi genetik intraspesifik dan interspesifik *rpl32-trnL* secara signifikan lebih tinggi dibandingkan dengan variasi polimorfisme *ndhF-rpl32*, dengan nilai sebesar 0-1,21% dan 4,90-6,06% secara berurutan. Perbedaan jarak genetik yang cukup signifikan > 1% diantara kultivar melon mendukung perbedaan karakter morfologis pada tipe kulit buah melon. Sebagai kesimpulan, *Intergenic spacer rpl32-trnL* menunjukkan hasil yang baik sebagai penanda *single-locus* dari daerah *noncoding* DNA kloroplas. Sehingga daerah ini direkomendasikan untuk mengevaluasi filogeni tanaman pada tingkat taksonomi rendah dan DNA *barcoding* pada melon.

Kata kunci: variasi genetik, *Cucumis melo*, jarak genetik, DNA kloroplas, *intergenic spacer*, *rpl32-trnL* *ndhF-rpl32*

GENETIC VARIATION AND RELATIONSHIP OF INDONESIAN MELON (*Cucumis melo* L.) BASED ON INTERGENIC SPACER OF CHLOROPLAST DNA

Alifah Rahmi Heritiera
21/490376/PBI/01812

ABSTRACT

Information on morphological characters and genetic diversity of melon (*Cucumis melo* L.) could provide comprehensive information utilized to assemble superior melon varieties. This study aims to determine the phenetic relationship based on morphological characters and identify genetic variation and genetic relationships of Indonesian melons based on *ndhF-rpl32* and *rpl32-trnL* chloroplast DNA intergenic spacer. The phenetic approach was carried out on 15 melon cultivars by cluster analysis and principal component analysis. Cluster analysis resulted in three clusters with similarity coefficient values of 0.7-0.83. Meanwhile, principal component analysis showed that cluster separation was influenced by the characters of seed length and weight, fruit flesh color, fruit skin type and fruit shape. Phylogenetic trees were reconstructed using *Neighbor-Joining* and *Maximum Likelihood* methods, showed distinct cluster separation based on *ndhF-rpl32* (2 clades) and *rpl32-trnL* (3 clades). The results indicated that the intraspecific and interspecific genetic variation of *rpl32-trnL* was significantly higher than that of *ndhF-rpl32* polymorphism, ranging from 0-1.21% and 4.90-6.06% respectively. The significant difference in genetic distance > 1% among melon cultivars supported the differences in morphological characters in melon fruit rind type. In conclusion, the *rpl32-trnL* intergenic spacer performed well as a single-locus marker of the noncoding region of chloroplast DNA. Therefore, this region is recommended for evaluating plant phylogeny at low taxonomic levels and DNA barcoding in melons.

Keyword: genetic variation, *Cucumis melo*, chloroplast DNA, intergenic spacer, *rpl32-trnL*, *ndhF-rpl32*, genetic distance