



INTISARI

Calathea spp. merupakan genus tanaman hias yang dikenal dengan keanekaragaman morfologinya, khususnya pada warna dan pola daun, yang berpotensi menghasilkan varietas dengan nilai estetika dan komersial yang tinggi. Penelitian ini bertujuan untuk mengkarakterisasi secara genetik serta mengevaluasi hubungan kekerabatan antar dua puluh lima akses *Calathea* spp. menggunakan penanda molekuler SRAP. Analisis dilakukan pada periode September 2023 hingga Januari 2024 di Laboratorium Genetika dan Pemuliaan Tanaman, Departemen Budidaya Pertanian, Fakultas Pertanian, Universitas Gadjah Mada, Yogyakarta. Sebanyak 25 akses *Calathea* spp., yang masing-masing diwakili oleh 3 tanaman, dianalisis menggunakan tujuh primer SRAP terpilih, yaitu K1 (ME 2–EM9), K4 (ME2–EM8), K10 (ME1–EM6), K11 (ME8–EM2), K12 (ME4–EM4), K13 (ME7–EM6), dan K15 (ME4–EM8). Data yang diperoleh dianalisis menggunakan perangkat lunak PAST 4.03 dan GenAlex 6.503. Parameter yang dianalisis meliputi persentase lokus polimorfik (PLP), jumlah alel yang diamati (N_a), jumlah alel yang efektif (N_e), indeks Shannon (I), heterozigositas harapan (H_e), dan jarak genetik. Hasil analisis menunjukkan adanya diferensiasi genetik yang signifikan antar populasi, dengan 75% varians genetik teramati antar populasi dan 25% dalam populasi. Hubungan kekerabatan antar populasi terbagi menjadi dua kelompok utama: Kelompok I (Akses A.8) dan Kelompok II (aksesi lainnya).

Kata kunci: *Calathea*, keragaman genetik, SRAP



ABSTRACT

The genus Calathea is renowned for its morphological diversity, particularly in leaf color and patterns, which holds potential for the varieties development with significant aesthetic and commercial value. This study aimed to characterize the genetic pattern and assess the phylogenetic relationships among twenty-five Calathea spp. accessions using SRAP molecular markers. The analysis was conducted from September 2023 to January 2024 at the Genetics and Plant Breeding Laboratory, Department of Agronomy, Faculty of Agriculture, Universitas Gadjah Mada, Yogyakarta. A total of 25 distinct accessions, each represented by three plants, were analyzed with seven selected SRAP primers: K1 (ME 2–EM9), K4 (ME2–EM8), K10 (ME1–EM6), K11 (ME8–EM2), K12 (ME4–EM4), K13 (ME7–EM6), and K15 (ME4–EM8). Data were processed using PAST 4.03 and GenAlex 6.503 software, evaluating parameters such as polymorphic locus percentage (PLP), observed alleles (Na), effective alleles (Ne), Shannon index (I), expected heterozygosity (He), and genetic distance. Results revealed significant genetic differentiation between populations, with 75% of the total genetic variance attributed to differences between populations, and 25% within populations. Phylogenetic analysis identified two primary clusters: Group I (Accession A.8) and Group II (all other accessions).

Keywords: *Calathea*, genetic diversity, SRAP