

INTISARI

Analisis keragaman genetik memegang peranan penting dalam program pemuliaan untuk pemanfaatan sumber daya plasma nutfah secara efisien dan sistem pemuliaan yang efektif. Tanaman krokot merupakan tanaman hias berbunga yang berpotensi dijadikan sebagai tanaman lanskap tahunan yang populer. Akan tetapi, kurangnya pengetahuan tentang karakterisasi genetik dapat menghambat program pemuliaan yang tepat untuk spesies tersebut. Dalam penelitian ini dilakukan analisis molekuler pada 24 aksesii *Portulaca* spp. menggunakan penanda SRAP (*Sequence-Related Amplified Polymorphism*). Penelitian ini bertujuan untuk menganalisis keefektifan dan keefisienan penanda SRAP, keragaman genetik, dan hubungan kekerabatan 24 aksesii *Portulaca* spp. Sebanyak 24 aksesii *Portulaca* spp. dianalisis menggunakan 5 kombinasi primer SRAP. Berdasarkan nilai PIC (0,294) dan H (0,361) diketahui bahwa primer atau penanda SRAP sangat handal dan informatif, namun hanya terdapat 2 kombinasi primer (Me5-Em6 dan Me4-Em8) yang efektif dan efisien ($E, MI, R > \text{rerata}$), sementara berdasarkan nilai D (0,942) kemampuan penanda SRAP tidak diragukan untuk digunakan untuk menganalisis keragaman genetik pada 24 aksesii *Portulaca* spp. Analisis keragaman genetik pada 24 aksesii *Portulaca* spp. dengan lima kombinasi primer SRAP menunjukkan bahwa keragaman genetik antar populasi lebih besar (83%) daripada keragaman genetik dalam populasi (17%). Berdasarkan dendogram dan PCoA diketahui bahwa 24 aksesii *Portulaca* spp. terbagi menjadi tiga kluster utama yaitu A, B1, dan B2 dengan koefisien kemiripan masing-masing sebesar 0.70, 0.89, dan 0.74.

Kata kunci: Krokot (*Portulaca* spp.); SRAP (*Sequence-Related Amplified Polymorphism*); Keragaman Genetik; Hubungan Kekerabatan

ABSTRACT

Genetic diversity analysis plays an important role in plant breeding programs for efficient utilization of germplasm resources and effective breeding systems. *Portulaca* is a flowering ornamental plant that has the potential to be used as a popular annual landscape plant. However, the lack of genetic characterization hinders the proper breeding programs. In this study, molecular analysis was conducted on 24 *Portulaca* spp. accessions using SRAP (Sequence-Related Amplified Polymorphism) marker. This study aims to analyze the effectiveness and efficiency of SRAP marker, genetic diversity, and genetic relationship of 24 *Portulaca* spp. accessions. A total of 24 *Portulaca* spp. accessions were analyzed using 5 SRAP primer combinations. Based on the PIC value (0.294) and H (0.361) it is known that SRAP primer or marker is very reliable and informative, but there are only 2 primer combinations (Me5-Em6 and Me4-Em8) are effective and efficient (E, MI, R > average), while based on the D value (0.942) the ability of the SRAP marker is undoubtedly used to analyze genetic diversity in 24 *Portulaca* spp. accessions. Analysis of genetic diversity in 24 *Portulaca* spp. accessions with 5 SRAP primer combinations showed that genetic diversity between populations was greater (83%) than genetic diversity within populations (17%). Based on the dendrogram and PCoA it is known that 24 *Portulaca* spp. accessions are divided into three main clusters, namely A, B1, and B2 with similarity coefficients of 0.70, 0.89, and 0.74, respectively.

Keywords: *Portulaca* spp.; SRAP (Sequence-Related Amplified Polymorphism); Genetic Diversity; Genetic Relationship