UNIVERSITAS
GADJAH MADA
**Evalusi Efektivitas Penanda Molekuler Sequence-Related AMplified Polymorphism (SRAP) dan Analisis
Keragaman Genetik 32 Aksesi Hoya (Hoya spp.) di Yogyakarta**
Rizkya Nurrohma, Prof. Dr. Ir. Aziz Purwantoro, M.Sc ; Rani Agustina Wulandari, S.P., M.P., Ph.D
Universitas Gadjah Mada, 2026 | Diunduh dari http://etd.repository.ugm.ac.id/

INTISARI

Hoya spp. merupakan tanaman hias epifit dan liana yang memiliki keanekaragaman spesies tinggi dan berpotensi sebagai sumber daya genetik penting untuk konservasi dan pemuliaan tanaman, Informasi keragaman genetik diperlukan untuk mendukung upaya konservasi dan pengembangan tanaman hias. Penelitian ini bertujuan untuk menganalisis keragaman genetik dan hubungan kekerabatan 32 aksesi *Hoya* menggunakan marka molekuler *Sequence-Related Amplified Polymorphism* (SRAP). DNA genom diamplifikasi menggunakan 10 kombinasi primer SRAP, kemudian hasil amplifikasi dianalisis berdasarkan profil pita DNA polimorfik. Data biner hasil skoring digunakan untuk menganalisis efektivitas primer, parameter keragaman genetik, hubungan kekerabatan melalui dendrogram dan *Principal Coordinate Analysis* (PCoA), serta distribusi variasi genetik menggunakan *Analysis of Molecular Variance* (AMOVA). Hasil penelitian menunjukkan bahwa primer SRAP yang digunakan menghasillkan lokus polimorfik 100% yang menunjuukan efektivitas marka dalam mendeteksi variasi genetik antar aksesi. Nilai *Polymorphic Information Content* (PIC) yang didapatkan berkisar 0,12 – 0,19 dengan primer Me4+Em6 dan Me9+Em7 memiliki nilai PIC 0,19. Primer Me6+Em7 menunjukkan nilai *resolving power* (Rp) tertinggi sebesar 12,44 dan indeks diskriminasi (D) 0,99. Analisis dendrogram dan PCoA menujukkan pengelompokan aksesi berdasarkan hubungan genetik antar aksesi. Parameter keragaman genetik menunjukkan nilai rata-rata jumlah alel teramati (Na) sebesar 0,297, jumlah alel efektif (Ne) sebesar 1,103, indeks Shannon (I) sebesar 0,082, dan heterozigositas harapan (He) sebesar 0,057, yang mengindikasikan tingkat keragaman genetik relatif rendah. Analisis AMOVA menunjukkan bahwa variasi genetik lebih besar terdapat dalam aksesi (56%) dibandingkan antar aksesi (44%). Nilai diferensiasi genetik (PhiPT) sebesar 0,44 tergolong tinggi, sedangkan nilai aliran gen (Nm) sebesar 0,32 menunjukkan rendahnya pertukaran gen antar aksesi. Secara keseluruhan, aksesi Hoya menunjukkan diferensiasi genetik yang tinggi meskipun tingkat keragaman genetik dalam aksesi relatif rendah. Marka SRAP terbukti efektif untuk mengungkap variasi genetik pada Hoya dan hasil penelitian ini dapat menjadi dasar dalam upaya konservasi sumber daya genetik serta pengembangan program pemuliaan tanaman Hoya.

Kata kunci: Kekerabatan, konservasi, keragaman, marka molekuler, SRAP

UNIVERSITAS
GADJAH MADA
**Evalusi Efektivitas Penanda Molekuler Sequence-Related AMplified Polymorphism (SRAP) dan Analisis
Keragaman Genetik 32 Aksesi Hoya (Hoya spp.) di Yogyakarta**
Rizkya Nurrohma, Prof. Dr. Ir. Aziz Purwantoro, M.Sc ; Rani Agustina Wulandari, S.P., M.P., Ph.D
Universitas Gadjah Mada, 2026 | Diunduh dari http://etd.repository.ugm.ac.id/

ABSTRACT

Hoya spp. are epiphytic and climbing ornamental plants with high species diversity and potential as important genetic resources for conservation and plant breeding programs. Information on genetic diversity is essential to support conservation efforts and ornamental plant development. This study aimed to analyze the genetic diversity and genetic relationships among 32 Hoya accessions using Sequence-Related Amplified Polymorphism (SRAP) molecular markers. Genomic DNA was amplified using 10 SRAP primer combinations, and the amplification products were analyzed based on polymorphic DNA band profiles. Binary scoring data were used to evaluate primer effectiveness, genetic diversity parameters, genetic relationships through dendrogram and Principal Coordinate Analysis (PCoA), and genetic variation distribution using Analysis of Molecular Variance (AMOVA). The results showed that the SRAP primers generated 100% polymorphic loci, indicating the effectiveness of the markers in detecting genetic variation among Hoya accessions. The Polymorphic Information Content (PIC) values ranged from 0.12 to 0.19, with primers Me4+Em6 and Me9+Em7 showing the highest PIC value of 0.19. Primer Me6+Em7 exhibited the highest resolving power (Rp) value of 12.44 and a discrimination index (D) of 0.99. Dendrogram and PCoA analyses revealed the grouping of accessions based on their genetic relationships. Genetic diversity parameters showed average values of observed number of alleles (Na) of 0.297, effective number of alleles (Ne) of 1.103, Shannon's information index (I) of 0.082, and expected heterozygosity (He) of 0.057, indicating relatively low genetic diversity. AMOVA analysis revealed that genetic variation was higher within accessions (56%) than among accessions (44%). The genetic differentiation value (PhiPT) of 0.44 indicated high genetic differentiation, while the gene flow value (Nm) of 0.32 suggested low genetic exchange among accessions. Overall, Hoya accessions showed high genetic differentiation despite relatively low genetic diversity within accessions. SRAP markers proved effective in revealing genetic variation in Hoya and the results of this study may serve as a basis for genetic resource conservation and future Hoya breeding programs.

Keyword: Genetic relationship, conservation, genetic diversity, molecular markers, SRAP