UNIVERSITAS
GADJAH MADA
Analisis Keragaman Genetik 20 Aksesi Mangga (Mangifera spp.) Menggunakan Penanda Molekuler IRAP (Inter-Retrotransposon Amplified Polymorphism)
Nidaul Hasanah, Agus Budi Setiawan, S.P., M.Sc., Ph.D.; Prof. Dr. Ir. Aziz Purwantoro, M.Sc., Ph.D.
Universitas Gadjah Mada, 2026 | Diunduh dari http://etd.repository.ugm.ac.id/

INTISARI

Mangga (*Mangifera indica* L.) merupakan salah satu komoditas hortikultura yang memiliki beragam jenis dan banyak diminati masyarakat Indonesia. Penelitian ini bertujuan untuk menentukan keragaman genetik dan hubungan kekerabatan antar dua puluh aksesi mangga menggunakan penanda molekuler IRAP. Analisis profil pita DNA menunjukkan bahwa seluruh lokus yang teramati bersifat 100% polimorfik, yang menunjukkan tingginya variasi genetik pada keseluruhan aksesi. Analisis kekerabatan menggunakan dendrogram dan Principal Coordinate Analysis (PCoA) menunjukkan adanya pengelompokan aksesi ke dalam beberapa klaster yang mencerminkan hubungan genetik antar aksesi. Parameter keragaman genetik menunjukkan nilai rata-rata jumlah alel teramati (Na) sebesar sebesar 0,82, jumlah alel efektif (Ne) sebesar 1,15, indeks Shannon (I) sebesar 0,16, dan heterozigositas harapan (He) sebesar 0,1, yang mengindikasikan tingkat keragaman genetik yang relatif tinggi dalam populasi. Analisis jarak genetik menunjukkan adanya variasi tingkat kedekatan antar populasi, yang selanjutnya mendukung pola pengelompokan pada analisis klaster dan PCoA. Hasil Analysis of Molecular Variance (AMOVA) menunjukkan bahwa variasi genetik lebih besar terdapat dalam populasi (73%) dibandingkan antar populasi (27%). dengan nilai diferensiasi genetik (PhiPT) sebesar 0,267 yang tergolong moderat. Nilai aliran gen (Nm) sebesar 0,69 tergolong cukup tinggi dan mengindikasikan adanya gene flow seperti peristiwa hibridisasi yang kuat antar populasi indica, odorata, dan foetida. Secara keseluruhan, penelitian ini dapat menunjukkan keragaman genetik antar spesies *Mangifera indica,* namun belum dapat memisahkan *Mangifera odorata* dan *Mangifera foetida*.

Kata kunci: molekuler, IRAP, Mangifera, keragaman, genetik.

UNIVERSITAS
GADJAH MADA
Analisis Keragaman Genetik 20 Aksesi Mangga (Mangifera spp.) Menggunakan Penanda Molekuler IRAP (Inter-Retrotransposon Amplified Polymorphism)
Nidaul Hasanah, Agus Budi Setiawan, S.P., M.Sc., Ph.D.; Prof. Dr. Ir. Aziz Purwantoro, M.Sc., Ph.D.
Universitas Gadjah Mada, 2026 | Diunduh dari http://etd.repository.ugm.ac.id/

ABSTRAK

Mango (Mangifera indica L.) is a horticultural commodity characterized by high diverse typologies and is widely favored by the Indonesian public. This study aims to determine the genetic diversity and phylogenetic relationships among twenty mango accessions utilizing Inter-Retrotransposon Amplified Polymorphism (IRAP) molecular markers. DNA banding profile analysis revealed that all observed loci were 100% polymorphic, indicating high genetic variation across all accessions. Phylogenetic analysis using a dendrogram and Principal Coordinate Analysis (PCoA) demonstrated the segregation of accessions into several clusters, reflecting the genetic relationships among them. Genetic diversity parameters yielded a mean observed number of alleles (Na) of 0.82, an effective number of alleles (Ne) of 1.15, a Shannon's information index (I) of 0.16, and an expected heterozygosity (He) of 0.10, indicating a relatively high level of genetic diversity within the population. Genetic distance analysis revealed variation in the degree of proximity among populations, further supporting the clustering patterns observed in the cluster analysis and PCoA. The Analysis of Molecular Variance (AMOVA) showed that genetic variation was predominantly distributed within populations (73%) rather than among populations (27%), with a genetic differentiation value (Phipt) of 0.267, which is categorized as moderate. The gene flow value (Nm) of 0.69 is considered relatively high and indicates the occurrence of gene flow, such as intensive hybridization events, among the indica, odorata, and foetida populations. Overall, this study successfully demonstrates the genetic diversity within Mangifera indica species but has not yet been able to fully segregate Mangifera odorata and Mangifera foetida.

Keyword: molecular, IRAP, Mangifera, diversity, genetic.