

**ANALISIS KERAGAMAN GENETIK AKSESI KACANG PANJANG
(*Vigna unguiculata* (L.) Walp. ssp. *sesquipedalis* (L.) Verdc.) DENGAN
PENANDA RETROTRANSPOSON**

INTISARI

Kacang panjang merupakan komoditas hortikultura yang dikonsumsi polong segarnya. Produksi kacang panjang di Indonesia mengalami penurunan dan salah satu penyebabnya yaitu penurunan luas panen, namun di sisi yang lain permintaannya selalu meningkat akibat pertambahan penduduk. Peningkatan produktivitas perlu dilakukan dan dapat dilaksanakan melalui pembentukan varietas unggul baru berdaya hasil tinggi dan berumur pendek. Analisis keragaman genetik kacang panjang merupakan tahap awal pemuliaan tanaman. Penanda DNA dapat menduga keragaman genetik secara lebih efisien. Retrotransposon tersebar luas pada kromosom, memiliki jumlah salinan berbeda pada setiap individu, dan terbagi secara acak dalam genom. Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui keragaman genetik kacang panjang menggunakan penanda DNA berbasis retrotransposon yaitu *inter-retrotransposon amplified polymorphism* (IRAP) dan *retrotransposon-microsatellite amplified polymorphism* (REMAP). Bahan penelitian yang digunakan berasal dari Pusat Inovasi Agroteknologi Universitas Gadjah Mada ((PIAT-UGM)) yang terdiri dari 46 aksesori kacang panjang dan dua aksesori kacang tunggak. Analisis dilakukan dengan menggunakan 13 penanda IRAP dan 9 penanda REMAP. Data yang diperoleh dianalisis menggunakan iMEC untuk menghitung indeks polimorfisme serta perangkat lunak DARwin 5.0 untuk analisis gerombol *neighbor joining* dan *Principle Coordinate Analysis* (PCoA). Penanda IRAP, REMAP, dan gabungan IRAP+REMAP membagi aksesori menjadi dua, tiga, dan tiga kelompok secara berurutan. Hasil yang diperoleh diperkuat dengan PCoA yang mampu menjelaskan 31,8% keragaman pada penanda IRAP, 37,72% keragaman pada penanda REMAP, dan 30,96% keragaman pada penanda IRAP+REMAP.

Kata kunci: IRAP, keragaman genetik, REMAP, retrotransposon.

**GENETIC DIVERSITY ANALYSIS OF YARDLONG BEAN
ACCESSIONS (*Vigna unguiculata* (L.) Walp. ssp. *sesquipedalis* (L.) Verdc.)
USING RETROTRANSPONON MARKERS**

ABSTRACT

Yardlong bean is a horticultural crop, in which fresh young pods are harvested and consumed. Production of yardlong bean in Indonesia has decreased due to the decreasing of harvested area, but on the other hand, yardlong bean demand always increase due to population growth. Therefore, high-yielding and short-lived yardlong bean cultivars need to be developed through utilization of genetic resource collections. Genetic diversity analysis is an initial stage of plant breeding. DNA markers have the ability more efficiently to predict genetic diversity. Retrotransposons are widely distributed on chromosomes, having different copies in each individual, and randomly distributed in the genome. This research was aimed to explore the genetic diversity of yardlong bean using retrotransposon-based molecular marker; inter-retrotransposon amplified polymorphism (IRAP) and retrotransposon-microsatellite amplified polymorphism (REMAP). The research materials were obtained from Agrotechnology Innovation Center of Universitas Gadjah Mada (AIC-UGM) consisting of 46 accessions of yardlong bean and two accessions of cowpea. Molecular analysis were carried out using 13 IRAP and 9 REMAP markers. Molecular data were analyzed using iMEC to calculate polymorphism indices and DARwin 5.0. software to perform neighbor-joining dendrogram and Principle Coordinate Analysis (PCoA) biplot. IRAP, REMAP, and IRAP+REMAP combination classified all accessions into two, three, and three clusters respectively. Those results were then confirmed by PCoA that able to explain 31.8% of total variation for IRAP marker, 37.72% of total variation for REMAP marker, and 30.96% of total variation for IRAP-REMAP combination markers.

Keyword: genetic diversity, IRAP, REMAP, retrotransposon.