

## INTISARI

Mentimun (*Cucumis sativus* L.) merupakan salah satu komoditas hortikultura dari famili *Cucurbitaceae* yang memiliki nilai ekonomis. Pemuliaan tanaman diawali dengan melakukan karakterisasi dari koleksi yang dimiliki untuk dapat melihat keragaman koleksi tanaman yang dimiliki. Oleh karena itu, diperlukan karakterisasi molekuler pada 10 populasi tanaman mentimun dengan menggunakan primer *Sequence-Related Amplified Polymorphism* (SRAP). Tujuan dari penelitian ini adalah untuk mengetahui tingkat keragaman genetik dan koefisien keseragaman genetik tertinggi dan terendah terhadap sepuluh populasi tanaman mentimun dengan marka molekuler SRAP. Penelitian dilaksanakan pada bulan Juli 2020-Januari 2021 di Laboratorium Genetika dan Pemuliaan Tanaman, Departemen Budidaya Pertanian, Fakultas Pertanian, Universitas Gadjah Mada dengan menggunakan 10 populasi tanaman mentimun yaitu F1 Toska  $\times$  Shira, F1 Metavy  $\times$  SF, F1 Shira  $\times$  CS887, CS518, CS445, CS887, CS525, Metavy, F2 Shira, dan Toska, dengan masing-masing mengambil 5 tanaman. Penanda yang digunakan adalah SRAP dengan enam kombinasi yaitu k5=Me2-Em1, k7=Me2-Em3, k10=Me3-Em2, k11=Me3-Em3, k14=Me4-Em2, dan k15=Me4-Em3. Data yang diperoleh kemudian diskor dan dianalisis dengan *software* GenAleEx 6.1 dan NTSYS 2.02. Parameter genetik yang diamati adalah jumlah alel yang diamati (na), jumlah alel yang efektif (ne), indeks Shannon (I), heterozigositas harapan (He), persentase lokus polimorfik (PLP), jarak genetik, dan AMOVA. Hasil penelitian menunjukkan bahwa 10 populasi tanaman mentimun memiliki keragaman genetik dalam populasi lebih besar dari pada keragaman antarpopulasi. Nilai keragaman genetik dalam populasi sebesar 71%, sedangkan keragaman antarpopulasi sebesar 29%. Koefisien keseragaman genetik tertinggi adalah populasi Toska dengan nilai 0,87 sedangkan koefisien keseragaman genetik paling rendah adalah populasi F2 Shira dengan nilai 0,46.

**Kata Kunci : Mentimun, Keragaman Genetik, dan SRAP.**

### **ABSTRACT**

*Cucumber (*Cucumis sativus* L.) is one of the horticultural commodities of the Cucurbitaceae family which has economic value. Plant breeding begins with characterizing the collections owned to be able to see plant diversity in plant collections. Therefore, it requires molecular characterization in 10 cucumber plant populations using Sequence-Related Amplified Polymorphism (SRAP) primers. The aim of this research was to determine the level of genetic diversity within and among populations and coefficient similarity genetic highest and lowest between ten cucumber plant populations with the SRAP molecular markers. The research was carried out in July 2020-January 2021 at the Genetics and Plant Breeding Laboratory, Faculty of Agriculture, Universitas Gadjah Mada using 10 cucumber plant populations: F1 Toska × Shira, F1 Metavy × SF, F1 Shira × CS887, CS518, CS445, CS887, CS525, Metavy, F2 Shira, dan Toska, each population taking 5 plant samples. The marker used is SRAP with six combinations, namely k5=Me2-Em1, k7=Me2-Em3, k10=Me3-Em2, k11=Me3-Em3, k14=Me4-Em2, and k15=Me4-Em3. Data obtained were then scored and analyzed with GenAlex version 6.1 and NTSYS version 2.02 software. The genetic parameters observed were the number of alleles observed (na), the number of effective alleles (ne), Shannon's information index (I), expected heterozygosity (He), the percentage of polymorphic loci (PPL), genetic distance, and AMOVA. The results showed that 10 cucumber plant populations had greater genetic diversity within populations than among populations. The level of genetic diversity within population is 71%, while the diversity among population is 29%. The highest of coefficient similarity genetic is the Toska population with a value 0,87, and the lowest of coefficient similarity genetic is the F2 Shira population with the value 0,46.*

**Keywords :** *Cucumber, genetic diversity, SRAP.*