

INTISARI

Keragaman genetik yang dibutuhkan dalam upaya perbaikan varietas, dapat ditingkatkan melalui kegiatan persilangan, baik antar spesies dalam satu genus maupun dalam famili yang sama. Pada penelitian ini, digunakan enam kombinasi primer SRAP untuk menganalisis keragaman genetik empat populasi F3 kacang hijau hasil persilangan interspesifik kacang hijau [*Vigna radiata* (L.) Wilczek] varietas lokal Malang sebagai tetua betina dengan buncis (*Phaseolus vulgaris* L.) varietas Lebat-3 sebagai tetua jantan. Total 122 pita berhasil diobservasi dengan rata-rata 20.3 pita per pasang primer. Pita yang teramplifikasi berukuran 100 hingga 2000 bp. Jarak genetik antar populasi berkisar 0,021 hingga 0,076 dan persentase lokus polimorfik yang dihasilkan berkisar 45,08% hingga 63,11%. Dendrogram berbasis SAHN-UPGMA yang dikomputasi menggunakan perangkat lunak NTSYS-pc 2.02 menampilkan pengelompokan 64 individu dari empat populasi F3 yang diuji menjadi 6 klaster. Populasi F3.4 mengelompok menjadi satu klaster tersendiri. Analisis koordinat utama (PCoA) menggunakan perangkat lunak GenAlex 6.503 juga menampilkan pengelompokan yang mirip dengan dendrogram. Hasil AMOVA menunjukkan keragaman genetik yang tersebar dalam populasi (71%) lebih besar daripada antar populasi (29%).

Kata kunci : keragaman genetik, kacang hijau, penanda molekuler, SRAP

ABSTRACT

Necessary genetic diversity for varietal improvement can be increased through hybridization between species in the same genus or family. In this study, six combinations of SRAP primers were used to analysis the genetic diversity of four populations of F3 mung bean progeny of an interspecific hybridization between mung bean [*Vigna radiata* (L.) Wilczek] a local variety of Malang as the female parent and bush bean (*Phaseolus vulgaris* L.) Lebat-3 variety as the male parent. A total of 122 bands were observed and the average per set of primer is 20.3 bands. The size of amplified bands ranged from 100 bp to 2000 bp. Genetic distance among populations ranged from 0.021 to 0.076, and the percentage of polymorphic loci ranged from 45.08% to 63.11%. SAHN-UPGMA dendrogram computed by NTSYS-pc 2.02 showed that 64 genotypes of four F3 populations were grouped into 6 clusters. Populations of F3.4 were grouped as a distinctive cluster. Principal coordinate analysis (PCoA) by GenAlex 6.503 also revealed a similar grouping to the dendrogram. Analysis of molecular variance (AMOVA) indicated that the genetic diversity distributed within populations (71%) was higher than among populations (29%).

Key words: genetic diversity, mung bean, molecular marker, SRAP