

RINGKASAN

Kentang merupakan tanaman hortikultura yang prospektif sebagai pengganti beras dalam rangka diversifikasi pangan di Indonesia. Salah satu masalah kentang yaitu menurunnya produksi akibat penurunan luas lahan panen dan tidak disertai peningkatan produktivitas. Oleh karena itu, perlu dilakukan pembentukan varietas unggul baru yang memiliki produktivitas tinggi. Pembentukan varietas baru memerlukan informasi mengenai analisis tingkat kekerabatan sebagai pertimbangan dasar pemilihan tetua. RAPD dan SSR merupakan penanda yang dapat digunakan untuk analisis keragaman genetik karena memiliki tingkat polimorfisme tinggi. Penelitian ini bertujuan untuk mengkaji polimorfisme primer RAPD dan SSR serta mengetahui keragaman genetik kentang.

Penelitian ini telah dilaksanakan di Laboratorium Pemuliaan Tanaman dan Bioteknologi Fakultas Pertanian Universitas Jenderal Soedirman. Waktu pelaksanaan penelitian dari November 2016 – Juli 2017. Penelitian menggunakan sampel yang diambil dari pertanaman rakyat di Banjarnegara dan Wonosobo. Selanjutnya sampel diekstraksi menggunakan metode CTAB dengan modifikasi. DNA hasil ekstraksi selanjutnya dikuantifikasi dan dikualifikasi menggunakan elektroforesis pada gel agarosa 1 % yang direndam dalam EtBr (Etidium Bromida). PCR dilakukan menggunakan komponen dan siklus sesuai hasil optimasi yang telah dilakukan. Hasil PCR diskoring setiap primer dengan memberikan notasi 1 pada pita yang muncul dan 0 untuk yang tidak muncul. Data tersebut digunakan untuk menghitung tingkat polimorfisme setiap primer. Pohon filogenetik dibentuk menggunakan metode UPGMA (*Unweighted Pair-Group Method with Arithmetic*) dengan aplikasi MEGA (*Molecular Evolutionary Genetic Analysis*) versi 6.06.

Hasil penelitian diperoleh 34 pola pita dengan rata-rata persentase polimorfik sebesar 63 %. Lima primer yang digunakan menghasilkan satu primer informatif yaitu OPX 04 dengan PIC sebesar 0,54, sedangkan empat primer lainnya kurang informatif yaitu OPJ 13, OPG 13, STM 3012, dan RGH 48 dengan PIC berturut-turut 0,46; 0,31; 0,26; 0,09. Selanjutnya berdasarkan konstruksi pohon filogenetik aksesori kentang terbagi menjadi dua klaster utama pada koefisien jarak 0,27. Klaster pertama terdiri atas Ungu, MZ, Granola L., Merah, Lokal Dieng, Gareta Vega NH₂, NH₁, Klon 17, dan Bliss, sedangkan klaster kedua terdiri atas X dan Margahayu.

SUMMARY

Potato is a prospective horticulture crop as a substitute for rice in order to diversify food in Indonesia. One of the potato problem is the decrease of production due to decreasing of harvested area which not followed by increasing productivity. Therefore, it was necessary to assembled new superior varieties that have high productivity. For assembling new varieties, there were information required on genetic diversity as a basic consideration for parent's choice. RAPD and SSR are markers that can be used for analyzed genetic diversity because they have high degree of polymorphism. This study aimed to study polymorphism of RAPD and SSR primer and to study the genetic diversity of potatoes.

This research was carried out at the Laboratory of Plant Breeding and Biotechnology the Faculty of Agriculture, University of Jenderal Soedirman from November 2016 until July 2017. This study used leaf samples from potato crops at Banjarnegara and Wonosobo. Total genomic DNA from each sample was isolated by modified CTAB method. Quantification and qualification DNA was done by electrophoresis using 1 % agarose gel and stained by ethidium bromide. PCR was performed using components and cycles according to the optimization results that have been done. The amplified bands were scored 1 for present and 0 for absent. These were used to estimate polymorphic loci. Phylogenetic tree was established by UPGMA (Unpaired Group Method of Arithmetic Means) method used MEGA (Molecular Evolutionary Genetic Analysis) version 6.06 software.

The genomic DNA of 13 potato accession was amplified with three RAPD primers and two SSR primers that generated 63 % polymorphic from 34 alleles. Five primers used produced an informative primer, that was OPX 04 with PIC of 0.54, while four other primers were less informative, that were OPJ 13, OPG 13, STM 3012, and RGH 48 with PIC 0.46; 0.31; 0.26; 0.09. Meanwhile, based on the construction of phylogenetic tree accession potato is divided into two main clusters on the coefficient of distance 0.27. The first cluster consists of Purple, MZ, Granola L., Red, Local Dieng, Gareta Vega NH2, NH1, Klón 17, and Bliss, while the second cluster consists of X and Margahayu.