

RINGKASAN

Tanaman melon (*Cucumis melo*) termasuk famili Cucurbitaceae. Spesies ini memiliki kekerabatan yang sangat tinggi dan banyak ditanam baik di daerah tropis maupun subtropis. Penilaian keragaman genetik dapat dilakukan melalui pendekatan molekuler. Penanda molekuler lebih memiliki hasil yang lebih stabil dan tidak dipengaruhi oleh lingkungan luar. Salah satu metode yang digunakan untuk mengetahui variasi genetik pada tanaman melon adalah penanda molekuler *Simple Sequence Repeats* (SSR).

Penelitian yang dilakukan ini mempunyai tujuan: 1) mengetahui kekerabatan varietas melon adaptif di dataran rendah menggunakan SSR, 2) menguji hubungan kekerabatan varietas melon adaptif di dataran rendah dengan menggunakan marka SSR dan 3) mengetahui hubungan/korelasi keragaman morfologi dan genetik varietas melon adaptif di dataran rendah. Penelitian ini dilaksanakan pada bulan Mei sampai Oktober 2015 di Laboratorium Pemuliaan Tanaman dan Bioteknologi, Fakultas Pertanian, dan Laboratorium Genetika Molekuler, Fakultas Biologi, Universitas Jenderal Soedirman, Purwokerto. Penelitian ini menggunakan enam pasang primer mikrosatelit (*forward* dan *reverse*) dan 11 genotipe melon.

Hasil penelitian menunjukkan bahwa enam primer yang diuji menghasilkan primer polimorfik. Dari enam primer yaitu CMBR 27, CMBR 40, CMBR 83, CMBR 140, CMBR 12 dan CMBR 56 bersifat polimorfik. Nilai rata-rata PIC 0,442 yang termasuk dalam kategori informatif sedang pada 11 genotipe yang diuji. Tingkat kekerabatan bervariasi dan mengelompok pada populasi dalam delapan klaster pada jarak genetik antara 0,0-1,62 pada 11 genotipe yang diuji dengan enam marka mikrosatelit polimorfik. Penggunaan enam marka DNA mikrosatelit yang polimorfik menunjukkan hasil yang cukup akurat, karena mampu mengetahui hubungan kekerabatan antara varietas melon dalam satu spesies.

SUMMARY

Melon (*Cucumis melo*) is categorized into Cucurbitaceae family. This species has a high morphological diversity and has been commonly cultivated both in tropical and sub tropical regions. Determination of genetic diversity can be achieved by using molecular approaches. Molecular markers are tend to have a more stable result, and are not influenced by the environment. One of the method which can be used to measure the genetic variation in melons are SSR (Simple Sequence Repeats) markers.

This research was aimed to: 1) to measure genetic diversity of low-land adaptive melons varieties using SSR markers 2) study genetic relationship of low-land adaptive melons using SSR markers, and 3) to identify the correlation between morphological and genetic variations of low-land adaptive melons. This research was conducted from May to October 2015 in the Laboratory of Plant Breeding and Biotechnology, Faculty of Agriculture and in the Laboratory of Molecular Genetic, Faculty of Biology, both in Jenderal Soedirman University, Purwokerto. Six pairs of SSR primers (forward and reverse) and 11 melons genotypes were used in this research.

The result showed that all six primers were polymorphic. The primers were CMBR 27, CMBR 40, CMBR 83, CMBR 140, CMBR 12 and CMBR 56. The average PIC value was 0.442 which is categorized into medium informative level. The genetic relationships were various and we grouped to eight clusters, with a genetic range value of 0.0 – 1.62 on 11 genotypes which were assayed using six polymorphic SSR primers. Six polymorphic DNA SSR markers were accurate, because it was able to reveal genetic relationship between melon varieties within species.