

## RINGKASAN

Perakitan varietas baru menjadi salah satu solusi untuk meningkatkan produktivitas kentang. Analisis keragaman genetik menjadi modal dasar untuk merakit varietas unggul baru. Penanda molekuler contohnya SSR (*Simple Sequence Repeats*) dapat digunakan untuk menganalisis keragaman genetik karena berlimpah pada genom, bersifat kodominan, dan lebih akurat dibandingkan penanda morfologi. Penelitian ini bertujuan untuk 1) mengetahui keragaman genetik antar 29 genotipe kentang yang telah dikenal di Indonesia dan 4 klon introduksi yang berasal dari Amerika Serikat berdasarkan penanda SSR; 2) mengetahui hubungan kekerabatan antar 29 genotipe kentang yang telah dikenal di Indonesia dan 4 klon introduksi yang berasal dari Amerika Serikat berdasarkan penanda SSR; dan 3) memvalidasi 12 penanda SSR hasil pengembangan PGPI (Pusat Genom Pertanian Indonesia) dalam mengestimasi keragaman genetik dan kekerabatan kentang.

Penelitian dilaksanakan di Balai Penelitian Tanaman Sayur (Balitsa), Lembang, Kabupaten Bandung Barat dan Laboratorium Biologi Molekuler Balai Besar Penelitian dan Pengembangan Bioteknologi dan Sumberdaya Genetik Pertanian (BB Biogen), Bogor pada bulan September 2020 hingga November 2020. Daun tanaman kentang diambil dan dikoleksi untuk diisolasi DNANYA. DNA kentang diisolasi dengan metode Doyle dan Doyle (1990). DNA kentang diamplifikasi menggunakan 12 penanda SSR. Pita DNA diskoring secara biner. Data biner dari penanda SSR dianalisis nilai *Polymorphism Information Content* (PIC), jumlah alel, frekuensi alel, diversitas gen, dan heterozigositas dengan perangkat *PowerMaker*. Filogenetik dianalisis menggunakan perangkat NTSYS 2.1. *Principal Coordinates Analysis* (PCoA) dianalisis menggunakan perangkat XLSTAT Trial 2020.

Analisis molekuler menggunakan penanda SSR menunjukkan bahwa sebanyak 136 alel jumlah alel dideteksi. Rata-rata jumlah alel per lokus 12,8 (berkisar 6-22 alel per lokus). Rata-rata frekuensi alel utama 0,28 (berkisar 0,16-0,52). Rata-rata diversitas gen 0,82 dengan rentang 0,69-0,92. Heterozigositas yang diobservasi berkisar 0,03-0,97 dengan rata-rata 0,43. Seluruh penanda SSR memiliki nilai PIC > 0,5 dengan rata-rata nilai PIC 0,80 (rentang 0,66-0,92) yang menunjukkan bahwa penanda tersebut sangat informatif untuk mengestimasi keragaman genetik dan kekerabatan genotipe kentang. Hasil analisis filogenetik menunjukkan tiga kluster utama pada koefisien kesamaan genetik sebesar 0,76, sedangkan analisis PCoA menunjukkan bahwa klon introduksi asal Amerika Serikat memisah dari genotipe lainnya. Genotipe Cipanas dan Papita Agrihorti potensial untuk digunakan sebagai tetua persilangan dalam pemuliaan kentang di Indonesia.

## SUMMARY

Developing a new variety is one of solution to increased potato productivity. Genetic diversity analysis is an important basis for developing a new high yielding potato variety. Molecular markers such as Simple Sequence Repeats (SSR) can be used to analyze genetic diversity because they are abundant in genome, codominant and more accurate than morphological markers. This study aimed to 1) analyze the genetic diversity between 29 known potato genotypes in Indonesia and 4 clones originated from the United States based on SSR; 2) analyze the relationship between 29 known potato genotypes in Indonesia and 4 clones originated from the United States base on SSR; and 3) validate 12 SSR markers developed by PGPI (The Indonesian Center for Agricultural Genome) in estimating the genetic diversity and relationship of potato genotypes.

The research was conducted at Indonesian Vegetables Research Institute (IVEGRI), Lembang, West Bandung Regency and the Molecular Biology Laboratory of the Indonesian Center for Agricultural Biotechnology and Genetic Resources Research and Development (ICABIOGRAD) under Indonesian Agency for Agricultural Research and Development, Bogor from September 2020 to November 2020. Young leaves were harvested and collected for DNA isolation followed by Doyle and Doyle (1990) method. The genomic DNA were amplified using 12 SSR markers. Binary data of SSR marker were analyzed using PowerMaker to generate Polymorphism Information Content (PIC) value, the number of alleles, allele frequency, gene diversity, and heterozygosity. Phylogenetic was analyzed using NTSYS 2.1. Principal Coordinates Analysis (PCoA) was analyzed using XLSTAT Trial 2020.

Molecular analysis using SSR markers showed that as many as 136 alleles were detected in this study. The average number of alleles was 12,8 (ranged from 6 to 22 alleles per locus). The average major allele frequency was 0,28 (the range of 0,16-0,52). The average gene diversity was estimated about 0,82 with a range of 0,69-0,92. Heterozygosity observed ranged from 0,03 to 0,97 with an average of 0,43. All of the SSR markers showed PIC value  $> 0,5$  with an average PIC value of 0,80 (the range of 0,66-0,92) indicating their applicability to estimate genetic diversity and the relationship of potatoes. PCoA analysis showed that clones originated from the United States separated from other genotypes. Importantly, the genotypes of Cipanas and Papita Agrihorti could be potential to be used as crossing parents in potato breeding in Indonesia.