ANALISIS KERAGAMAN GENETIK ENAM BELAS AKSESI BLEWAH (*Cucumis melo* L.) DENGAN METODE RANDOM AMPLIFIED POLYMORPHIC DNA (RAPD)

{Study on the Genetic Variability of 16 Accessions of Blewah (*Cucumis melo* L.) By Mean Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD)}

Sobir, Dwi Guntoro dan Ima Septimayani
Departemen Budidaya Pertanian, Fakultas Pertanian, IPB

ABSTRACT

Sixteen accession of endogenous blewah (Cucumis melo L.) from East Java are subjected to genetics variability analysis on their fruit morphological characters and RAPD assays. Based on five morphological characters including fruit weight, fruit length, flesh thickness, diameter of fruit, and total soluble solid, it is found that the evaluated accessions are separated into two clusters at 3.01 of genetics distance. The first cluster consists of all accessions from Jombang, Lamongan, four accessions from Pasuruan. The second cluster consists of three accessions from Mojokerto, two accessions from Tuban and two accessions from Pasuruan. Accessions from the same origin tend clustered into the same group. Screening of 55 decamer RAPD primers resulted eleven primers are able to amplify the DNA blewah genome, and five out of them are chosen for RAPD analysis. They are OPD9, OPI2, OPII7, OPN10, and OPN18. RAPD analysis reveals that the accessions are separated into three main clusters at genetics distance of 3.00. The first cluster consists of one accession of No.22 from Mojokerto, the second cluster one accession of No.36 from Lamongan, and the third cluster consists of other fourteen accessions.

Key words : ***Blewah (Cucumis melo L.), RAPD analysis, genetics distance***

PENDAHULUAN

Melon merupakan tanaman yang dikenal memiliki nilai ekonomi tinggi, akan tetapi pengembangan melon di Indonesia menghadapi kendala keterbatasan penyediaan benih karena sebagian besar benih melon masih impor. Benih yang diimpor umumnya benih hibrida hasil persilangan terkendali sehingga harganya mahal, sementara itu penggunaan benih hasil panen tidak dianjurkan karena dapat menurunkan hasil mengingat benih yang dipakai sudah mengalami segregasi. Oleh karena itu perlu program pemuliaan melon berbasis sumber genetik Indonesia, mengingat Indonesia memiliki keragaman yang tinggi untuk melon yang dikenal sebagai blewah, untuk memenuhi kebutuhan benih melon yang lebih sesuai dengan agroklimat Indonesia.

Secara botani tanaman melon (*Cucumis melo* L.) termasuk kedalam genus *Cucumis*, famili *Cucurbitaceae*. Africa diduga sebagai pusat keragaman sepecies *Cucumis* yang memiliki jumlah kromosom sebanyak 12 dalam keadaan haploid [1]. Selanjutnya melon menyebar ke Mesir dan Iran pada milenia kedua dan ketiga sebelum masehi [2]. Melon liar dapat ditemukan di Afrika, Asia hingga Australia [1], hal ini menunjukkan bahwa melon sudah menyebar luas dan proses domestikasi melon terjadi secara terpisah di Afrika dan Asia [3].

Sebagai bagian dari wilayah distribusi sekunder melon [3], Indonesia memiliki melon endigenous yang disebut blewah. Blewah biasa dibudidayakan di daerah kering Jawa Timur dan Jawa Tengah, ditanam terutama di lahan sawah setelah musim panen padi gadu. Sebagai tanaman yang sudah lama beradaptasi dengan agroklimat Indonesia, blewah merupakan potensi genetik tinggi bagi pemuliaan melon di Indonesia, akan tetapi keragaman blewah tersebut belum dikarakterisasi, sehingga belum bias dimanfaatkan secara maksimal.

Keragaman genetik dari bahan pemuliaan sangat penting terutama dalam tahap pembentukan populasi dasar [4]. Keragaman genetik yang tinggi memberikan peluang besar untuk mendapatkan kombinasi genetik sesuai dengan tipe ideal yang diharapkan. Informasi keragaman genetik dapat diperoleh dengan melakukan karakterisasi. Karakterisasi suatu sumberdaya genetic, dapat dilakukan dengan tiga pendekatan, yaitu 1) karakterisasi berdasarkan penanda visual (morfologi); 2) karakterisasi berdasarkan penanda enzimatik (isozyme); dan 3) karakterisasi berdasarkan penanda DNA [5].

Karakterisasi berdasarkan penanda DNA memiliki beberapa keuntungan yaitu tidak dipengaruhi oleh lingkungan, dapat dideteksi pada setiap tahap pertumbuhan dan dari semua bagian jaringan tanaman [5]. Penanda DNA yang potensial untuk digunakan dalam karakterisasi sumberdaya genetik adalah penanda DNA yang berbasis PCR (Polymorphic Chain Reaction), seperti analisis RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) atau VNTR (Variable Number of Tandem Repeat) [6]. Analisis RAPD memiliki beberapa keunggulan dibandingkan penanda DNA yang lain seperti RFLP, yaitu lebih sederhana, hanya memerlukan sedikit DNA dan tidak perlu terlalu murni, cocok digunakan untuk sampel banyak, cukup menggunakan satu macam primer