

1. PENDAHULUAN

1.1 Latar Belakang

Kedelai merupakan komoditas penting di Indonesia setelah padi dan jagung. Pada tahun 2015, kebutuhan kedelai di Indonesia mencapai 2,54 juta ton/tahun (Detikfinance, 2015), sedangkan produksinya hanya mencapai 963,183 ribu ton/tahun (BPS, 2015). Hal tersebut menyebabkan pemerintah harus melakukan impor untuk mencukupi kebutuhan kedelai dalam negeri. Produksi kedelai dipengaruhi 2 faktor utama, yaitu produktivitas dan luas areal panen. Beberapa hal yang menyebabkan rendahnya produktivitas kedelai di Indonesia antara lain: 1) pertumbuhan kedelai di daerah tropis tidak sebaik pertumbuhan di daerah subtropis, 2) tanaman kedelai sering ditanam di tanah yang kurang sesuai, 3) hama di daerah tropik lebih beragam dibanding di daerah subtropik, 4) penggunaan input yang belum optimal dan lain-lain (Adisarwanto, 2014).

Salah satu upaya untuk meningkatkan produktivitas kedelai adalah dengan melakukan pemuliaan tanaman kedelai. Dalam pemuliaan tanaman, keragaman genetik sangat penting untuk digunakan sebagai bahan pemuliaan. Salah satu upaya untuk meningkatkan keragaman genetik kedelai adalah dengan melakukan introduksi dari daerah subtropis. Amerika Serikat merupakan negara produsen kedelai terbesar ke-2 dunia dan mempunyai koleksi kedelai terbanyak ke-2 dunia yaitu 21.810 aksesori kedelai (GRSciColl, 2016) sehingga dilakukan introduksi dari Amerika Serikat untuk meningkatkan koleksi plasma nutfah kedelai. Informasi tentang keragaman dan kekerabatan antar genotipe kedelai introduksi dan kekerabatan antara kedelai introduksi dengan kedelai yang sudah dibudidayakan di Indonesia diperlukan karena merupakan informasi dasar ketika akan melakukan persilangan/ pemuliaan tanaman (Ojo *et al.*, 2012). Cara yang dapat digunakan untuk mengidentifikasi kekerabatan kedelai adalah dengan identifikasi menggunakan marka morfologi, marka isozim, dan marka molekuler (Rukhsar *et al.*, 2017).

Marka morfologi merupakan marka yang pertama kali digunakan diantara marka lain. Marka morfologi mempunyai kelebihan yaitu mudah dan cepat dalam penyekoran. Selain itu, marka morfologi dapat mengetahui penampilan/karakter sehingga memudahkan dalam seleksi tetua. Akan tetapi, marka morfologi

mempunyai kekurangan yaitu tingkat polimorfis rendah, rendahnya heritabilitas, ekspresi yang lama, dan terpengaruh lingkungan (Rukhsar *et al.*, 2017; Beyene *et al.*, 2005). Marka molekuler mempunyai kelebihan antara lain: 1) tidak dipengaruhi lingkungan, 2) dapat mendeteksi alel (variasi urutan basa) yang lebih banyak, 3) konsisten, 4) bebas dari interaksi epistatik (gen satu menutupi ekspresi gen lain), dan 5) terekspresi sejak awal perkembangan tanaman (Syukur *et al.*, 2012). Salah satu marka molekuler yang dapat digunakan yaitu SNPs (*Single Nucleotide Polymorphisms*) dengan menggunakan marka SNAP (*Single Nucleotide-Amplified Polymorphism*). Marka SNAP merupakan marka spesifik alel yang dapat mengamplifikasi alel tertentu. Primer SNAP biasanya dirancang berdasarkan karakter tertentu seperti kemampuan supernodulasi kedelai, kualitas rasa beras, ketahanan pisang terhadap penyakit, kandungan lemak tak jenuh kelapa sawit dan lain-lain (Lestari dan Koh, 2013; Kim *et al.*, 2005; Rismayanti, 2014; Susanto *et al.*, 2013). Identifikasi menggunakan kombinasi marka morfologi dan molekuler diharapkan dapat meningkatkan keakuratan dalam identifikasi keragaman dan kekerabatan sehingga dapat meningkatkan efektivitas seleksi tetua persilangan dan lebih menghemat waktu, tenaga, dan biaya (Pal *et al.*, 2013).

1.2 Tujuan

1. Mengetahui keragaman genetik 66 genotipe kedelai introduksi dan unggul nasional berdasarkan karakter morfologi dan marka molekuler SNAP.
2. Mengetahui kekerabatan 66 genotipe kedelai introduksi dan unggul nasional berdasarkan karakter morfologi dan marka molekuler SNAP.

1.3 Hipotesis

1. Kedelai yang diuji mempunyai keragaman genetik yang tinggi berdasarkan karakter morfologi dan marka molekuler SNAP.
2. Antara kedelai introduksi dan unggul nasional mempunyai jarak genetik yang jauh.