

**KARAKTERISASI GENOM KULTIVAR PISANG BERDASARKAN
MARKA MORFOLOGI DAN MARKA MOLEKULER RAPD (RANDOM
AMPLIFIED POLYMORPHIC DNA)**

SKRIPSI

Oleh:

LAILATUS SHOLICHAH

NIM. 15620111



**JURUSAN BIOLOGI
FAKULTAS SAINS DAN TEKNOLOGI
UNIVERSITAS ISLAM NEGERI MAULANA MALIK IBRAHIM
MALANG
2019**

**KARAKTERISASI GENOM KULTIVAR PISANG BERDASARKAN
MARKA MORFOLOGI DAN MARKA MOLEKULER RAPD (RANDOM
AMPLIFIED POLYMORPHIC DNA)**

SKRIPSI

Oleh :

LAILATUS SHOLICHAH

15620111

diajukan kepada:

Fakultas Sains dan Teknologi

Universitas Islam Negeri (UIN) Maulana Malik Ibrahim Malang

untuk Memenuhi Salah Satu Persyaratan dalam

Memperoleh Gelar Sarjana Sains (S.Si)

**JURUSAN BIOLOGI
FAKULTAS SAINS DAN TEKNOLOGI
UNIVERSITAS ISLAM NEGERI MAULANA MALIK IBRAHIM
MALANG
2019**

**KARAKTERISASI GENOM KULTIVAR PISANG BERDASARKAN
MARKA MORFOLOGI DAN MARKA MOLEKULER RAPD (RANDOM
AMPLIFIED POLYMORPHIC DNA)**

SKRIPSI

Oleh :

**LAILATUS SHOLICHAH
15620111**

**telah diperiksa dan disetujui untuk diuji
tanggal: 17 Juli 2019**

Pembimbing I



**Didik Wahyudi, M.Si
NIP. 19860102201801 1001**

Pembimbing II



**Oky Bagas Prasetyo, M.PdI
NIP. 19890113201802011244**

Tanggal 7 Agustus 2019

Mengetahui,

Ketua Jurusan Biologi



Romaidi, M.Si., D.Sc

NIP. 19810201 200901 1 019

**KARAKTERISASI GENOM KULTIVAR PISANG BERDASARKAN
MARKA MORFOLOGI DAN MARKA MOLEKULER RAPD (RANDOM
AMPLIFIED POLYMORPHIC DNA)**

SKRIPSI

Oleh:
LAILATUS SHOLICHAH
NIM. 15620111

telah dipertahankan
di depan Dewan Penguji Skripsi dan dinyatakan diterima sebagai
salah satu persyaratan untuk memperoleh gelar Sarjana Sains (S.Si)
Tanggal: 17 Juli 2019

Penguji Utama : **Dr. Eko Budi Minarno, M.Pd**
NIP. 19630114 199903 1 001
Ketua Penguji : **Azizatur Rohmah, M.Sc**
NIP. 19860930201601082065
Sekretaris Penguji : **Didik Wahyudi, M.Si**
NIP. 19860102201801 1001
Anggota Penguji : **Oky Bagas P., M.PdI**
NIP. 19890113201802011244


(.....)

(.....)

(.....)

(.....)

Mengesahkan,

Ketua Jurusan Biologi




Romaidi, M.Si., D.Sc
NIP. 19810201 200901 1 019

HALAMAN PERSEMBAHAN

Sebelumnya, luapan rasa syukur tak henti-hentinya saya haturkan kepada Allah SWT yang telah meridhoi dan senantiasa memudahkan jalan saya untuk menyelesaikan tugas akhir ini

Tugas akhir ini saya persembahkan untuk orang-orang terkasih yang secara langsung maupun tidak langsung ikut berjuang dalam penyelesaian tugas akhir saya. Terkhusus kepada kedua orangtua yang teramat sangat saya cintai, mohon maaf saya tidak bisa memenuhi janji saya untuk menyelesaikan studi saya tepat semester. Namun insyaAllah saya tetap bisa menepati janji saya untuk lulus tepat tahun ini. Terimakasih untuk segala peluh yang telah Bapak dan Mamak keluarkan hanya demi kesuksesan saya. Terimakasih.. sungguh tak akan cukup hanya dengan kata terimakasih. Semoga Allah membalas segalanya. Teruntuk 'Mahad Sunan Ampel Al'Aly', tempat saya bernaung dan belajar artinya hidup dan membuat hidup lebih berarti, Ustadz Ustadzah yang saya ta'dzimi, juga untuk para manusia di belakang layar yang tidak pernah bosan mendorong saya untuk segera menyelesaikan tugas akhir ini, serta rekan seperjuangan yang saya cintai. Saya sungguh berterimakasih <3

MOTTO

Dahulukan Allah, maka semua urusan akan didahulukan oleh Allah



PERNYATAAN KEASLIAN TULISAN

Saya yang bertanda tangan dibawah ini:

Nama : Lailatus Sholichah
NIM : 15620111
Jurusan : Biologi
Fakultas : Sains dan Teknologi
Judul Penelitian : Karakterisasi Genom Kultivar Pisang Berdasarkan Marka Morfologi Dan Marka Molekuler RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA)

menyatakan dengan sebenarnya bahwa skripsi yang saya tulis ini benar-benar merupakan hasil karya saya sendiri, bukan merupakan pengambilalihan data, tulisan atau pikiran orang lain yang saya akui sebagai hasil tulisan atau pikiran saya sendiri, kecuali dengan mencantumkan sumber cuplikan pada daftar pustaka. Apabila dikemudian hari terbukti atau dapat dibuktikan skripsi ini hasil jiplakan, maka saya bersedia menerima sanksi atas perbuatan tersebut.

Malang, 8 Agustus 2019

Yang membuat pernyataan,



Lailatus Sholichah

NIM. 15620111

ABSTRAK

Sholichah, Lailatus. 2019. **Karakterisasi Genom Kultivar Pisang Berdasarkan Marka Morfologi dan Marka Molekuler RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*)**. Skripsi Jurusan Biologi. Fakultas Sains dan Teknologi. Universitas Islam Negeri (UIN) Maulana Malik Ibrahim Malang. Pembimbing : (I) Didik Wahyudi, M.Si (II) Oky Bagas Prasetyo, M.PdI.

Kata Kunci : *Kultivar Pisang, clustering, genom, marka morfologi, molekuler RAPD*

Pisang merupakan tumbuhan monokotil yang ditemukan di lebih dari 120 negara. Pisang terdiri dari berbagai macam jenis dengan ciri morfologi yang berbeda-beda. Salah satu jenis pisang yang banyak dijumpai saat ini berasal dari kelompok genus *Musa*. Keanekaragaman pisang dari genus *Musa* banyak terpusat di wilayah Asia Tenggara yang memiliki lebih dari 80 kultivar pisang. Hal ini menimbulkan permasalahan tata nama kultivar pisang serta permasalahan identifikasi dan pengelompokan kultivar pisang berdasarkan ciri morfologi maupun genetik (genom) nya. Penelitian mengenai karakterisasi genom kultivar pisang menggunakan marka morfologi telah banyak dilakukan, namun hasil dari penelitian ini seringkali bersifat subjektif dan dipengaruhi oleh faktor lingkungan dan fase pertumbuhan. Oleh karena itu perlu didukung dengan menggunakan pendekatan marka molekuler untuk membedakan genotip individu intra maupun inter-spesies secara tepat yang nantinya dapat menunjang upaya pemuliaan kultivar pisang di kemudian hari. Oleh karena itu, diperlukan adanya klasifikasi genom kultivar pisang berdasarkan marka morfologi dan marka molekuler RAPD. Tujuan dilakukannya penelitian ini adalah untuk mengetahui hasil karakterisasi genom kultivar pisang berdasarkan marka morfologi, marka molekuler RAPD, serta perbandingan antar keduanya.

Penelitian ini menggunakan 14 sampel kultivar pisang dari genom AA, AAA, AAB, ABB, dan BB. Jenis penelitian ini adalah deskriptif eksploratif kualitatif. Tahap penelitian yang dilakukan adalah uji kualitatif, kuantitatif dan amplifikasi menggunakan primer RAPD OPA 1-20. Data analisis yang digunakan adalah hasil skoring data, analisis kekuatan primer, dan analisis *clustering* (pengelompokan) berdasarkan marka morfologi dan marka molekuler RAPD.

Hasil analisis kekuatan primer memperlihatkan primer yang paling efisien digunakan untuk mengamplifikasi DNA kultivar pisang berdasarkan nilai PIC (Polymorphism Information Content) dan jumlah pita polimorfik yang terbentuk adalah primer OPA 7 dengan nilai PIC sebesar 0,5. Hasil skoring data berdasarkan marka morfologi dan marka molekuler akan digunakan dalam analisis *clustering* (pengelompokan). Hasil analisis morfologi menunjukkan ke 14 kultivar pisang belum dapat mengelompok dengan baik berdasarkan genomnya. Hal ini disebabkan oleh faktor lingkungan dan faktor subyektivitas peneliti. Sedangkan hasil clustering berdasarkan analisis PCR RAPD menunjukkan ke 14 kultivar pisang dapat mengelompok dengan baik berdasarkan genomnya (AA, AAA, AAB, ABB, dan BB). Hal ini menunjukkan bahwasannya marka molekuler RAPD sangat efisien digunakan untuk mengelompokkan kultivar pisang berdasarkan genomnya.

ABSTRACT

Sholichah, Lailatus. 2019 . **Characterization of Banana Cultivar Genomes Based on Morphological and *Random Amplified Polymorphic DNA* Markers.** Thesis of Biology Department. Science and Technology Faculty. State Islamic University (UIN) Maulana Malik Ibrahim Malang. Advisor: (i) Didik Wahyudi, M.Si (II) Oky Bagas Prasetyo, M.PdI .

Keywords: *Banana cultivars , clustering, genomes , morphological markers, molecular RAPD*

Bananas are monocot plants that can be found in more than 120 countries. Bananas consist of various types with different morphological characteristics. One type of banana that is often found today comes from the group of genus *Musa*. The diversity of bananas from the genus *Musa* are more concentrated in Southeast Asia which has more than 80 species of bananas. This creates some problems in nomenclature, identification and grouping of banana cultivars based on morphological and genetic characteristics (genome). Research on the genome characterization of banana cultivars using morphological markers has been carried out, but the results of this study are often subjective and are influenced by environmental factors and growth phases. Therefore it needs to be supported by using the molecular markers approach to distinguish genotypes of intra and inter-species individuals precisely which can later support efforts to breed banana cultivars in the future. Therefore, it is necessary to classify banana cultivar genomes based on morphological markers and RAPD molecular markers. The purpose of this study was to determine the results of the characterization of banana cultivar genomes based on morphological markers, RAPD molecular markers, as well as comparisons between both of them.

This study used 14 samples of banana cultivars from the different genomes AA, AAA, AAB, ABB, and BB . This type of research is descriptive explorative qualitative . The research phase is qualitative, quantitative and amplification tests using OPA RAPD primers 1-20. The analysis data that used are the results of data scoring, primary strength analysis, and clustering analysis based on morphological markers and RAPD molecular markers .

The primary strength analysis results show that the most efficient primer is used to amplify banana cultivar DNA based on PIC (Polymorphism Information Content) value and the number of polymorphic bands formed is OPA 7 primer with a PIC value of 0.5. The results of data scoring based on morphological markers and molecular markers will be used in clustering analysis. Morphological analysis results showed the 14 banana cultivars have not been able to group properly based on their genomes. This is caused by environmental factors and the subjectivity of the researcher. While the results of clustering based on PCR RAPD analysis showed that 14 banana cultivars could group well based on their genomes (AA, AAA, AAB, ABB, and BB). This shows that RAPD molecular markers are very efficiently used to classify banana cultivars based on their genomes.

ملخص البحث

صالحة، ليلة ٢٠١٩. توصيف جينومات أصناف الموز على أساس العلامات المورفولوجية والحمض النووي متعدد الأشكال المضخم العشوائي. بحث جامعي. قسم الكيمياء، كلية العلوم والتكنولوجيا، جامعة مولانا مالك إبراهيم الحكومية الإسلامية مالانج. المشرف الأول: ديديك وحيودي الماجستير المشرف الثاني: أوكييكاسفراستيا الماجستير

الكلمة الرئيسية: أصناف الموز ، التجميع ، الجينومات ، علامات المورفولوجية ، الجزئي RAPD الموز هو نباتات أحادية اللون موجودة في أكثر من ١٢٠ دولة. يتكون الموز من أنواع مختلفة ذات خصائص مورفولوجية مختلفة. أحد نوع من الموز الذي غالب يوجد اليوم يأتي من مجموعة جنس موسى (Musa). يمكن العثور على تنوع الموز من جنس موسى في جميع أنحاء العالم تقريباً. ومع ذلك، فإن توزيع جنس موسى أكثر تركيزاً في المنطقة الآسيوية، خاصةً جنوب شرق آسيا الذي يحتوي على أكثر من ٨٠ نوعاً من الموز. هذا يؤثر مشكلة تسميات أصناف الموز ومشكلة تحديد وتصنيف أصناف الموز بناءً على خصائصها المورفولوجية والوراثية (الجينوم). تم إجراء بحث عن توصيف الجينوم لأصناف الموز باستخدام العلامات المورفولوجية ، لكن نتائج هذه الدراسة غالباً ما تكون ذاتية وتتأثر بالعوامل البيئية ومراحل النمو. لذلك ، يجب دعمها باستخدام نهج الواسمات الجزئية لتمييز الأنماط الجينية للأفراد داخل الأنواع وعلى وجه التحديد والتي يمكن أن تدعم لاحقاً الجهود المبذولة لتربية أصناف الموز في المستقبل. لذلك ، من الضروري تصنيف جينومات صنف الموز بناءً على الواسمات المورفولوجية وعلامات RAPD الجزئية. كان الغرض من هذه الدراسة هو تحديد نتائج توصيف جينوم صنف الموز بناءً على علامات مورفولوجية ، علامات جزئية RAPD، وكذلك مقارنات بين الاثنين.

استخدمت هذا البحث ١٤ عينة من أصناف الموز من الجينوم AA و AAA و AAB و ABB و BB. هذا النوع من البحث هو نوعي استكشافي وصفي. مرحلة البحث هي الاختبارات النوعية والكمية والتضخيم باستخدام الاشعال RAPD OPA ١-٢٠. بيانات التحليل المستخدمة هي نتائج تسجيل البيانات، وتحليل القوة الأولية وتحليل المجموعات بناءً على العلامات المورفولوجية والعلامات الجزئية (RAPD) ظهر نتائج تحليل القوة الأولية أن التمهيدي الأكثر كفاءة يستخدم لتضخيم الحمض النووي لأصناف الموز بناءً على قيمة (PIC محتوى معلومات تعدد الأشكال) وعدد العصابات متعددة الأشكال المتكونة هو OPA 7 التمهيدي بقيمة 0.5. سيتم استخدام نتائج تسجيل البيانات استناداً إلى العلامات المورفولوجية والعلامات الجزئية في تحليل المجموعات. أظهرت نتائج التحليل المورفولوجي أن أصناف الموز الـ ١٤ لم تكن قادرة على التجميع بشكل صحيح استناداً إلى جينوماتها. يحدث هذا بسبب عوامل بيئية وذاتية الباحثين. بينما أظهرت نتائج التكتل بناءً على تحليل RAPD PCR أن أصناف الموز الـ ١٤ قد تتجمع جيداً وفقاً لجينوماتها (AA ، AAA ، AAB ، ABB، و BB). هذا يدل على أن علامات RAPD الجزئية تستخدم بكفاءة عالية لتصنيف أصناف الموز على أساس جينوماتها

KATA PENGANTAR

Bismillahirrohmanirrohim...

Alhamdulillah dengan penuh rasa syukur kepada Allah ‘azza wajalla, akhirnya penulis dapat merampungkan studi di Universitas Islam Negeri Maulana Malik Ibrahim Malang sekaligus berhasil menyelesaikan tugas akhir ini dengan baik. Penulis menyadari bahwasannya dalam menyelesaikan tugas akhir ini, penulis telah banyak dibantu oleh banyak pihak. Oleh karena itu penulis ingin mengucapkan terimakasih yang tak terhingga kepada:

1. Prof. Dr. H. Abdul Haris, M.Ag selaku Rektor Universitas Islam Negeri Maulana Malik Ibrahim Malang
2. Ibu Dr. Sri Harini, M.Si selaku Dekan Fakultas Sains dan Teknologi Universitas Islam Negeri Maulana Malik Ibrahim Malang
3. Bapak Romaidi, M.Si, Ph.D selaku Ketua Jurusan Biologi Universitas Islam Negeri Maulana Malik Ibrahim Malang
4. Ibu Nur Kusmiyati, M.Si selaku dosen wali
5. Bapak Didik Wahyudi, M.Si selaku Dosen Pembimbing Skripsi dan Bapak Okky Bagas Prasetyo, M.PdI selaku Dosen Pembimbing Agama yang dengan sabar telah membimbing penulis hingga akhir
6. Bapak Dr. Eko Budi Minarno, M.Pd dan Ibu Azizatur Rohmah, M.Si selaku dosen penguji yang telah memberikan kritik dan saran sehingga tugas akhir dapat terselesaikan dengan baik
7. Orangtua tercinta Ayahanda H. Ali Hasan dan Ibunda Siti Maimunah yang senantiasa mendukung dan tak pernah lelah memohonkan doa demi kesuksesan penulis
8. Kakak dan adik tersayang yang selalu memberikan semangat kepada penulis untuk menyelesaikan tugas akhir ini
9. Partne penelitian penulis, Tim Banana anak papa Didik yang selalu menyemangati dan sudah sama-sama berjuang untuk menyelesaikan penelitian ini
10. Semua pihak yang ikut membantu dalam menyelesaikan skripsi ini baik berupa materil maupun moril

Laporan ini berisi mengenai seluruh hasil penelitian penulis yang berjudul Karakterisasi Genom Kultivar Pisang Berdasarkan Marka Morfologi dan Marka Molekuler RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*). Penulis sadar, bahwa laporan ini masih jauh dari kata sempurna. Oleh karena itu, penulis membuka kesempatan yang sebesar-besarnya bagi pembaca untuk memberikan kritik, saran, serta opini yang konstruktif demi kebaikan laporan ini. Semoga laporan ini dapat memberikan manfaat bagi seluruh pembaca.

Malang, 8 Agustus 2019

Penulis

DAFTAR ISI

HALAMAN SAMPUL	i
HALAMAN JUDUL	ii
HALAMAN PERSETUJUAN	iii
HALAMAN PENGESAHAN	iv
HALAMAN PERSEMBAHAN	v
HALAMAN MOTTO	vi
HALAMAN PERNYATAAN	vii
ABSTRAK	viii
ABSTRACT	ix
ملخص البحث	x
KATA PENGANTAR	xi
DAFTAR ISI	xii
DAFTAR TABEL	xv
DAFTAR GAMBAR	xvi
DAFTAR LAMPIRAN	xviii
BAB I PENDAHULUAN	
1.1 Latar Belakang.....	1
1.2 Rumusan Masalah.....	6
1.3 Tujuan Penelitian	6
1.4 Manfaat Penelitian	7
1.5 Batasan Masalah	7
BAB II TINJAUAN PUSTAKA	
2.1 Botani Pisang	9
2.1.1 Botani Umum Pisang	9
2.1.2 Persebaran Pisang.....	15
2.2 Tata Nama dan Pengelompokan Genom Kultivar Pisang	18
2.3 Marka Molekuler RAPD.....	23

BAB III METODE PENELITIAN

3.1	Jenis Penelitian	26
3.2	Waktu dan Tempat.....	26
3.3	Alat dan Bahan	26
3.3.1	Alat	26
3.3.1.1	Tahap Pengamatan Morfologi dan Pengambilan Sampel	26
3.3.1.2	Tahap Isolasi DNA.....	26
3.3.1.3	Tahap Uji Kualitatif DNA.....	26
3.3.1.4	Tahap Uji Kuantitatif DNA.....	27
3.3.1.5	Tahap Amplifikasi PCR dan Visualisasi DNA	27
3.3.2	Bahan	27
3.3.2.1	Sampel DNA.....	27
3.3.2.2	Ekstraksi Sampel.....	29
3.3.2.3	Elektroforesis	29
3.4	Prosedur Penelitian	30
3.4.1	Identifikasi Karakter Morfologi	30
3.4.2	Pengambilan Sampel.....	30
3.4.3	Ekstraksi DNA	30
3.4.4	Amplifikasi dan Visualisasi DNA.....	31
3.5	Analisis Data	32
3.5.1	Skoring Data	32
3.5.1.1	Skoring Data Berdasarkan Marka Morfologi.....	32
3.5.1.2	Skoring Data Berdasarkan Marka Molekuler RAPD.....	32
3.5.2	Analisis Kekuatan Primer	33
3.5.3	Analisis Pengelompokan	33
3.5.3.1	Analisis Pengelompokan Berdasarkan Marka Morfologi	33
3.5.3.2	Analisis Pengelompokan Berdasarkan Marka Molekuler RAPD	34
3.5.4	Analisis Persamaan Pita DNA	34

BAB IV HASIL DAN PEMBAHASAN

4.1	Karakterisasi 14 Kultivar Pisang Berdasarkan Marka Morfologi	35
4.2	Karakterisasi 14 Kultivar Pisang Berdasarkan Marka Molekuler RAPD ...	50

4.3 Perbandingan Karakterisasi 14 Kultivar Pisang Berdasarkan Marka Morfologi dan Marka Molekuler RAPD	72
BAB V PENUTUP	
5.1 Kesimpulan	75
5.2 Saran	75
DAFTAR PUSTAKA	76
LAMPIRAN.....	85



DAFTAR TABEL

Tabel 2.1 Penentuan Kelompok Genom Berdasarkan Nilai Total Skor	23
Tabel 3.1 Kode, Nama Lokal, Nama Ilmiah, Genom, dan Asal Daerah Koleksi Kultivar Pisang	28
Tabel 3.2 Identitas Primer yang Digunakan.....	29
Tabel 4.1 Karakter Sinapomorfi Kultivar Pisang Genom AA	35
Tabel 4.2 Karakter Sinapomorfi Kultivar Pisang Genom AAA	37
Tabel 4.3 Karakter Sinapomorfi Kultivar Pisang Genom AAB	38
Tabel 4.4 Karakter Sinapomorfi Kultivar Pisang Genom ABB.....	40
Tabel 4.5 Karakter Sinapomorfi Kultivar Pisang Genom BB.....	42
Tabel 4.6 Nilai Koefisien Similaritas <i>Bray Curtis</i> 14 Kultivar Pisang	46
Tabel 4.7 Hasil Pengukuran Uji Kuantitatif Ekstraksi DNA	53
Tabel 4.8 Analisis Polimorfisme Hasil Amplifikasi Primer RAPD (OPA 1-20)	63
Tabel 4.9 Nilai Koefisien Similaritas <i>Jaccard</i> 14 Kultivar Pisang	65

DAFTAR GAMBAR

Gambar 2.1 Corak Warna pada Batang Semu (<i>Pseudostem</i>).....	9
Gambar 2.2 Warna Getah pada Batang Semu Pisang	10
Gambar 2.3 Perawakan Tumbuhan Pisang Secara Keseluruhan	11
Gambar 2.4 Bentuk Dasar Helai Daun Pisang	12
Gambar 2.5 Karakteristik Bentuk Tepi Kanal Tangkai Daun Pisang	12
Gambar 2.6 Bunga Jantan Pisang	13
Gambar 2.7 Perbungaan Jantan (Jantung Pisang)	14
Gambar 2.8 Peta Persebaran Pisang dari Genus Musa	16
Gambar 2.9 Wilayah Distribusi Pisang Kultivar Berdasarkan Genom.....	17
Gambar 2.10 Diagram <i>Pathway</i> Evolusi Kultivar Pisang.....	21
Gambar 2.11 Mekanisme Reaksi RAPD.....	25
Gambar 4.1 Karakter Sinapomorfi Kultivar Pisang Genom AA	36
Gambar 4.2 Karakter Sinapomorfi Kultivar Pisang Genom AAA	37
Gambar 4.3 Karakter Sinapomorfi Kultivar Pisang Genom AAB.....	39
Gambar 4.4 Karakter Sinapomorfi Kultivar Pisang Genom ABB.....	41
Gambar 4.5 Karakter Sinapomorfi Kultivar Pisang Genom BB.....	43
Gambar 4.6 Dendogram 14 Kultivar Pisang Berdasarkan Genom Menggunakan Marka Morfologi.....	48
Gambar 4.7 Hasil <i>scatter plot</i> analisis PCoA dari 14 sampel kultivar Pisang berdasarkan marka morfologi	50
Gambar 4.8 Visualisasi hasil ekstraksi DNA <i>whole genome</i>	51
Gambar 4.9 Pita DNA hasil amplifikasi RAPD primer 1-20	59

Gambar 4.10 Dendogram 14 kultivar pisang berdasarkan genom menggunakan marka molekuler RAPD.....67

Gambar 4.11 Hasil analisis *scatter plot* PCoA dari 14 sampel kultivar Pisang berdasarkan marka molekuler RAPD69



DAFTAR LAMPIRAN

Lampiran 1 Jadwal Penelitian	85
Lampiran 2 Descriptor For Banana.....	86
Lampiran 3 Hasil Karakterisasi Morfologi Kultivar Pisang	90
Lampiran 4 Hasil Skoring Pita DNA	94



BAB I PENDAHULUAN

1.1 Latar belakang

Allah SWT telah menciptakan berbagai macam tumbuhan yang baik dan dapat dimanfaatkan oleh umat manusia. Hal ini sebagaimana disebutkan di dalam Al-Quran Surat Asy-Syu'ara' ayat 7 yang berbunyi:

أَوَلَمْ يَرَوْا إِلَى الْأَرْضِ كَمْ أَنْبَتْنَا فِيهَا مِنْ كُلِّ زَوْجٍ كَرِيمٍ

Artinya: "Dan apakah mereka tidak memperhatikan bumi, berapakah banyaknya Kami tumbuhkan di bumi itu pelbagai macam tumbuh-tumbuhan yang baik?" (Q.S Asy-Syu'ara' : 7).

Kata **أَوَلَمْ** yang memiliki arti (dan apakah mereka tidak memperhatikan) maksudnya tidak memikirkan tentang - **إِلَى الْأَرْضِ كَمْ أَنْبَتْنَا فِيهَا** (bumi, berapakah banyaknya Kami tumbuhkan di bumi itu) alangkah banyaknya- **مِنْ كُلِّ زَوْجٍ كَرِيمٍ** (dari bermacam-macam tumbuh-tumbuhan yang baik) jenisnya (Al-Mahalli, 2008). Kata **إِلَى** yang artinya (ke) di awal ayat ini mengandung makna batas akhir. Kata ini berfungsi memperluas arah pandangan hingga batas akhir, dengan kata lain ayat ini berisi tentang ajakan kepada manusia untuk mengarahkan pandangan hingga batas kemampuannya dalam memandang seantero bumi dan seisinya yang menyimpan banyak rahasia termasuk berbagai macam tumbuh-tumbuhan yang ada di dalamnya. Kata **زَوْجٍ** dalam hal ini diartikan sebagai pasangan tumbuh-tumbuhan, karena tumbuhan muncul di celah-celah tanah yang terhampar di bumi. Ayat ini mengisyaratkan bahwa tumbuh-tumbuhan memiliki pasangan sebagai penunjang pertumbuhan dan perkembangannya. Ada tumbuhan yang memiliki benang sari dan putik, sehingga dapat menyatu dalam diri pasangannya. Ada pula yang hanya memiliki salah satunya saja (Shihab, 2002).

Kata **أَوَلَمْ يَرَوْا إِلَى** pada awal kalimat yang memiliki arti 'apakah mereka tidak melihat', merupakan pertanyaan yang berisi unsur sindiran dari Allah kepada orang-orang yang tidak memfungsikan indra penglihatannya untuk melihat penciptaan Allah SWT yakni berbagai macam tanaman yang baik. Maksud dari ayat ini adalah Allah memerintahkan kepada manusia untuk mengamati sekaligus memikirkan segala sesuatu yang Allah ciptakan di alam ini, karena pada penciptaan tersebut terdapat suatu pelajaran yang dapat dipetik manfaatnya. Kata

كريم digunakan untuk menggambarkan segala sesuatu (dalam hal ini termasuk dari golongan tumbuh-tumbuhan) yang baik bagi setiap objek yang disifatinya. Tumbuhan yang baik dalam ayat ini maksudnya adalah tumbuhan yang subur dan bermanfaat bagi manusia (Shihab, 2002).

Salahsatu tumbuhan yang baik dan memiliki banyak manfaat yakni tumbuhan pisang. Pisang merupakan tumbuhan monokotil yang banyak ditemukan di lebih dari 120 negara (Simmonds, 1962; Wong, 2001; Uma, 2006; OGTR, 2008; Wardhany, 2014). Pisang terdiri dari berbagai macam jenis dengan ciri morfologi yang berbeda-beda. Salah satu jenis pisang yang banyak dijumpai saat ini berasal dari kelompok genus *Musa*. Genus *Musa* spp. bersama dua genus lain yakni *Ensete* dan *Musella* termasuk ke dalam famili *Musaceae* (Christelova, 2011; Uma, 2006; Janssens, 2016). Dibanding *Ensete* dan *Musella*, genus *Musa* memiliki keanekaragaman spesies paling banyak yang tersebar luas di seluruh dunia (Wu & Kress, 2000; Ma, 2011; Janssens, 2016).

Keanekaragaman pisang dari genus *Musa* paling banyak ditemukan di wilayah Asia, khususnya Asia Tenggara yang memiliki lebih dari 80 spesies (Janssens, 2016; Nayar, 2010). Bahkan Asia Tenggara diketahui merupakan daerah asal tetua pisang liar *Musa acuminata* dan *Musa balbisiana*, sehinggadijuluki sebagai *The Center Origin of Banana* (Valmayor, 2000). Banyaknya kultivar pisang yang terdapat di Asia Tenggara menimbulkan permasalahan tersendiri dalam sistem tata nama pisang (Valmayor, 2000).

Pada mulanya sistem tata nama pisang menggunakan sistem tata nama Linnaeus yang terdiri dari dua suku kata yakni genus dan penunjuk spesies (*binomial nomenclature*). Linnaeus membagi kultivar pisang menjadi 2 kelompok, yakni *plantain* (kelompok pisang yang harus diolah dulu sebelum dikonsumsi), dan *banana* (kelompok pisang yang dapat langsung dikonsumsi ketika matang). Namun sistem tata nama Linnaeusnya dapat diterapkan di wilayah Eropa, Amerika Latin, dan Afrika Barat (Valmayor, 2000). Hal ini dikarenakan kultivar pisang yang ditemukan di wilayah tersebut memiliki ciri yang sesuai dengan deskripsi dari Linnaeus, sedangkan untuk wilayah Asia Tenggara tidak sesuai jika harus menggunakan sistem tata nama tersebut dikarenakan begitu banyaknya jumlah kultivar pisang yang ada di wilayah ini (Simmonds, 1959; Espino, 1992;

Valmayor, 2000). Oleh karena itu, pada tahun 1955 Simmonds dan Shepherd mengusulkan sistem tata nama baru berdasarkan genom dan telah ditetapkan secara konsensus di Asia Tenggara di tahun 1999 (Valmayor, 2000; INIBAP, 2006).

Sistem tata nama genom ditentukan berdasarkan kelompok genom yang dibawa oleh masing-masing tetua kultivar pisang (Valmayor, 2000; INIBAP, 2006). Penulisan tata nama genom terdiri atas tiga unsur utama yakni nama spesies tetua pisang, kelompok genom dari tetua pisang, dan diikuti nama kultivarnya (Valmayor, 2000). Sebagai contoh tata nama pisang Mas ditulis dengan nama ilmiah *Musa acuminata* (AA) cv. Pisang Mas (Hapsari, 2016).

Penentuan sistem tata nama genom didasarkan pada penemuan Cheesman pada tahun 1948 yang menyatakan bahwa kultivar pisang yang ada saat ini berasal dari tetua pisang *Musa acuminata* dan *Musa balbisiana* yang masing-masing menyumbang genom 'A' dan 'B' (Simmonds & Shepherd, 1954; Valmayor, 2000; Sarabhai, 2016; Singh, 2014; Mohammed, 2013; Wong, 2001; Pillay, 2000; Uma, 2006). Genom atau set kromosom pada kultivar pisang dapat berupa diploid (AA, BB, atau AB), triploid (AAA, AAB atau ABB), dan juga tetraploid (AAAB, AABB, atau ABBB) (Sarabhai, 2016; Sunandar, 2018).

Penelitian mengenai genom kultivar pisang sebelumnya sudah banyak dilakukan menggunakan karakter morfologi (Pillay, 2006; Jeridi, 2011; Ambarita, 2015; Hapsari, 2016; Gusmiati, 2018). Hasil penelitian tersebut seringkali kurang akurat karena bersifat subyektif berdasarkan pengamatan masing-masing peneliti, selain itu jugakenampakan morfologi cenderung berubah-ubah karena dipengaruhi oleh faktor lingkungan dan fase perkembangan tumbuhan (Guzow-Krzeminsk, 2001). Sebagai contoh di negara Malaysia penyebutan Pisang Radjah diterapkan pada lebih dari satu kultivar, padahal beberapa kultivar tersebut memiliki karakter morfologi yang berbeda (Langhe, 2009). Meski begitu, penelitian menggunakan marka morfologi masih banyak dilakukan hingga saat ini. Hal ini dikarenakan pengetahuan terkait karakteristik suatu populasi tanaman dengan keanekaragaman genetik serta morfologi yang tinggi seperti pisang ini penting untuk diketahui dengan tujuan untuk membedakan genotip individu intra maupun inter-spesies secara tepat (Ambarita, 2015). Pengetahuan ini berguna untuk menunjang upaya

pemuliaan tanaman guna menghasilkan varietas pisang yang lebih baik sesuai keinginan masyarakat di masa mendatang (Ambarita, 2015; dan Hapsari, 2015). Selain karakterisasi berdasarkan marka morfologi, dibutuhkan cara lain sebagai pendukung untuk mengidentifikasi genom kultivar pisang. Salah satunya yakni dengan menggunakan marka molekuler (Jesus, 2013; Hapsari, 2016; Guzow-Krzeminsk, 2001; Shivashankar, 2013). Marka molekuler dapat memberikan hasil yang lebih akurat dalam mengkarakterisasi kultivar pisang (Maftuchah, 2001; Jesus, 2013,) karena analisis yang dilakukan menggunakan deoxiribo nucleid acid (DNA) sebagai material genetik sehingga tidak dipengaruhi oleh lingkungan (Dwiatmini, 2003). Oleh karena itu perlu dilakukan analisis marka morfologi sekaligus marka molekuler untuk mengetahui perbandingan hasil dari keduanya.

Beberapa jenis marka molekuler yang sering digunakan antara lain yaitu RAPD (Pillay, 2000; Mukhuntakumar, 2015; Kundu, 2018; Sarabhai, 2016), RFLP (Nwakanma, 2003; Uma, 2006; Ekasari, 2012), dan AFLP (Wong, 2002; Uma, 2006; Shaibu, 2012). Marka molekuler tersebut mampu membedakan genotip diantara individu tumbuhan dengan tingkat akurasi yang tinggi (Virk, 1995). Selain digunakan dalam mengkarakterisasi suatu spesies tumbuhan tertentu, pendekatan molekuler juga dapat digunakan untuk mengidentifikasi genom (Martin, 2013 dan Hapsari, 2015), studi taksonomi dan evolusi (Janssens, 2016), studi keanekaragaman genetik (Khatri, 2009; Prasetyono, 2018; Kundu, 2018), studi filogenetik (Uma, 2006), serta menggambarkan hubungan kekerabatan pada beberapa spesies tumbuhan (Retnoningsih, 2009; Liu, 2010; Ahmad, 2014).

RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*) menjadi marka molekuler yang banyak digunakan untuk melihat keanekaragaman serta pengelompokan kultivar pisang saat ini (Pillay, 2000; Khatri, 2009; Kiran, 2015; Mukhuntakumar, 2015; Kundu, 2018). RAPD merupakan teknik amplifikasi DNA berbasis PCR (*Polymerase Chain Reaction*) (Khatri, 2009) yang memanfaatkan primer tunggal dan digunakan untuk mendeteksi sekuens nukleotida dari polimorfisme DNA (Shivashankar, 2013). Beberapa kelebihan yang dimiliki oleh analisis RAPD dibanding dengan marka molekuler lain yaitu tekniknya sederhana, tidak memerlukan latar belakang pengetahuan terkait genom yang akan dianalisis,

bahan-bahan yang digunakan relatif lebih murah, memberikan hasil lebih cepat karena setelah tahap amplifikasi DNA dapat segera divisualisasi, serta mampu mendeteksi secara spesifik genotip dari genus *Musa* hingga ke tingkat kultivar (Pillay, 2000; Yasminingsih, 2009; Mukunthakumar, 2013). Analisis RAPD telah banyak digunakan untuk pemetaan genom (Pillay, 2006), penanda gen, dan studi populasi (Sarabhai, 2016).

Identifikasi tumbuhan menggunakan marka molekuler RAPD hingga ke tingkat genom telah terbukti efisien dan dapat diandalkan. Hal ini dikarenakan marka molekuler RAPD dapat menghasilkan pita polimorfik DNA dalam jumlah banyak, sehingga dapat menentukan tingkat polimorfisme dari kultivar pisang yang diteliti (Uma, 2006; Sarabhai, 2016). Studi mengenai marka molekuler merupakan salah satu implementasi dari Firman Allah dalam Al-Quran Surat Yasiin ayat 36 yang berbunyi:

سُبْحَانَ الَّذِي خَلَقَ الْأَزْوَاجَ كُلَّهَا مِمَّا تُنْبِتُ الْأَرْضُ وَمِنْ أَنْفُسِهِمْ وَمِمَّا لَا
يَعْلَمُونَ

Artinya: "Mahasuci (Allah) yang telah menciptakan semuanya berpasang-pasangan, baik dari apa yang ditumbuhkan oleh bumi dan dari dirimereka sendiri, maupun dari apa yang tidak mereka ketahui" (Q.S Yasiin [36]: 36)

Kata **الَّذِي خَلَقَ الْأَزْوَاجَ** yang artinya 'Maha Suci Allah yang telah menciptakan pasang-pasangan' yang berjenis-jenis, **كُلَّهَا مِمَّا تُنْبِتُ الْأَرْضُ** 'semuanya, baik yang ditumbuhkan oleh bumi' yakni berupa biji-bijian dan lain-lainnya, maupun **وَمِنْ أَنْفُسِهِمْ** 'dari diri mereka sendiri' yaitu jenis pria dan wanita, serta **وَمِمَّا لَا يَعْلَمُونَ** 'maupun dari apa yang tidak mereka ketahui' yaitu makhluk-makhluk yang ajaib dan aneh. Berdasarkan ayat tersebut, diketahui bahwasannya (Al-Mahalli, 2008). Ayat tersebut secara implisit menjelaskan kepada manusia bahwa segala sesuatu yang ada di muka bumi baik yang kasat mata (tumbuhan, hewan, manusia, benda) maupun yang tak kasat mata (yang belum banyak diketahui oleh manusia) ini telah Allah ciptakan secara berpasang-pasangan. Sesuatu yang tak kasat mata yang Allah sebutkan dalam ayat tersebut mengandung makna tersembunyi dan belum banyak diketahui oleh manusia serta butuh tindakan khusus untuk dapat melihatnya, dan hal ini dapat mengarah pada dunia molekuler. Dunia molekuler yang antara lain terdiri dari susunan DNA dan RNA yang terbentuk dari pasangan

basa nitrogen purin (adenin dan guanin) dan pirimidin (sitosin dan timin untuk DNA, urasil untuk RNA) (Wang, 1985; Loya-Vargas, 2016). DNA yang berbentuk *double helix* memiliki fungsi vital sebagai pembawa informasi genetik dari seluruh molekul kehidupan dan makhluk hidup yang ada di dunia ini (Loya-Vargas, 2016). DNA memiliki ukuran yang sangat kecil hingga skala molekuler, sehingga dibutuhkan metode khusus untuk melihatnya. Hal ini menjadi bukti bahwa kebesaran dan kekuasaan Allah SWT tidak hanya terbatas pada sesuatu yang terlihat nyata oleh mata saja, akan tetapi juga mencakup hal-hal tak kasat mata seperti DNA ini. Ayat tersebut menjadi pedoman dalam studi penelitian molekuler ini, sehingga dapat menjadi dasar pentingnya melakukan analisis pengelompokan genom secara morfologi maupun molekuler pada kultivar pisang sebagai penunjang upaya perbaikan sifat dan genetik kultivar pisang di kemudian hari (Gusmiati, 2018). Oleh karena itu pada penelitian kali ini akan dilakukan Karakterisasi Genom Kultivar Pisang Berdasarkan Marka Morfologi dan Marka Molekuler RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*).

1.2 Rumusan masalah

Rumusan masalah pada penelitian ini yaitu:

1. Bagaimana karakterisasi genom kultivar pisang berdasarkan marka morfologi?
2. Bagaimana karakterisasi genom kultivar pisang berdasarkan marka molekuler RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*)?
3. Bagaimana hasil perbandingan karakterisasi genom kultivar pisang berdasarkan marka morfologi dan marka molekuler RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*)?

1.3 Tujuan penelitian

Tujuan penelitian ini adalah untuk:

1. Mengetahui hasil karakterisasi genom kultivar pisang berdasarkan marka morfologi.
2. Mengetahui hasil karakterisasi genom kultivar pisang berdasarkan marka molekuler RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*).
3. Mengetahui hasil perbandingan karakterisasi genom kultivar pisang berdasarkan marka morfologi dan marka molekuler RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*).

1.4 Manfaat penelitian

Manfaat penelitian ini adalah sebagai berikut:

1. Memberi informasi kepada pembaca mengenai studi pengelompokan genom sebagai acuan dasar dalam upaya pengelolaan, pengembangan potensi, dan pemuliaan tanaman pisang yang ada di Indonesia.
2. Memberikan informasi kepada pembaca mengenai kekayaan plasma nutfah dan keragaman genetik yang dimiliki Indonesia khususnya pada aksesori pisang.
3. Memberikan informasi kepada pembaca terkait hubungan kekerabatan antar aksesori pisang berdasarkan marka molekuler RAPD.
4. Memberi manfaat bagi pengembangan ilmu pengetahuan khususnya dan bagi masyarakat pada umumnya.

1.5 Batasan masalah

Batasan masalah pada penelitian ini adalah sebagai berikut:

1. Sampel yang digunakan yaitu daun pisang yang masih muda, masih menggulung, dan berwarna hijau muda dari 14 kultivar pisang bergenom AA, AAA, AAB, ABB, dan BB (Berdasarkan Album Koleksi Pisang Kebun Raya Purwodadi Seri 1: 2010– 2015) yang diambil dari Kebun Plasma Nutfah Pisang, Dinas Pertanian dan Pangan, Giwangan Kota Yogyakarta kemudian disimpan dengan *silica gel* sebelum diekstraksi.
2. Amplifikasi DNA dilakukan menggunakan 20 primer RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*) terpilih, yaitu (Operon Technology Ltd).
3. Analisis data yang dilakukan yaitu analisis morfologi dan analisis molekuler. Analisis morfologi menggunakan 33 karakter morfologi (karakter kualitatif dan kuantitatif) pada organ vegetatif kultivar pisang berdasarkan Deskriptor untuk Pisang (*Descriptors for Banana (Musa spp.)*) dari INIBAP IPGRI (1996).
4. Karakter kualitatif yang diamati meliputi bentukan susunan daun, susunan daun, warna batang, permukaan batang, warna dasar batang yang dominan, semburat warna batang/pigmentasi, warna getah, lilin pada pelepah daun, perkembangan anakan, posisi anakan, bercak/bintik pada dasar tangkai, warna bintik, kanal tangkai daun ke-3, margin tangkai, tipe margin, warna margin, warna permukaan atas daun, kenampakan permukaan atas daun, warna

permukaan bawah daun, kenampakan permukaan bawah daun, lilin pada permukaan bawah daun, titik penyisipan helai daun pada tangkai, bentuk dasar helai daun, urat daun, warna midrib permukaan dorsal, dan warna midrib permukaan ventral. Sedangkan karakter kuantitatif meliputi tinggi batang, aspek batang, tepi margin, lebar margin, panjang helai daun, lebar helai daun, dan panjang tangkai.

5. Analisis molekuler yang dilakukan yaitu analisis kekuatan primer, meliputi PIC (*Polymorphism Information Content*), EMR (*Effective multiplex Ratio*), MI (*Marker Index*) dan RP (*Resolution Power*), dan analisis pengelompokan genom kultivar pisang.

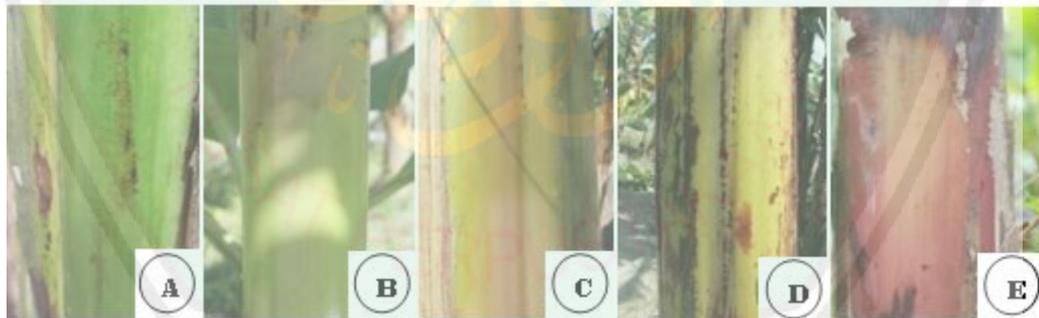


BAB II TINJAUAN PUSTAKA

2.1 Botani pisang

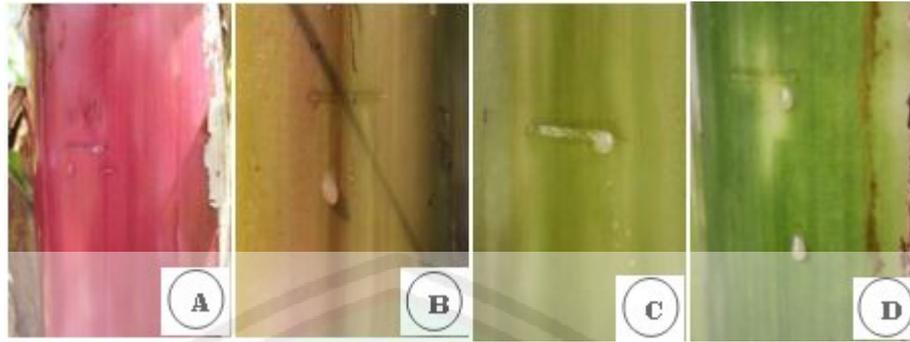
2.1.1 Botani umum pisang

Pisang termasuk ke dalam tumbuhan herba monokotil yang memiliki tinggi antara 2 hingga 9 meter. Pisang memiliki perawakan pohon yang tersusun atas batang semu (*pseudostem*), bonggol atau tunas, daun, perbungaan, buah, dan anakan. Batang semu pisang terdiri dari susunan pelepah daun yang bertumpuk-tumpuk. Batang semu (*pseudostem*) pisang memiliki warna yang bermacam-macam tiap kultivarnya, mulai dari warna hijau kekuningan, hijau, hingga merah keunguan (Gambar 2.1) (IPGRI, 1996). Dilihat dari warna batangnya, karakteristik khusus yang dimiliki oleh *Musa acuminata* (AA) adalah terdapat bercak (spot) berukuran besar berwarna coklat hingga kehitaman, sedangkan *Musa balbisiana* (BB) memiliki karakteristik khusus yakni hampir tidak terdapat bercak melebar pada batang pisang (Valmayor, 2000).



Gambar 2.1 Corak warna pada batang semu (*pseudostem*) (Dokumen pribadi)

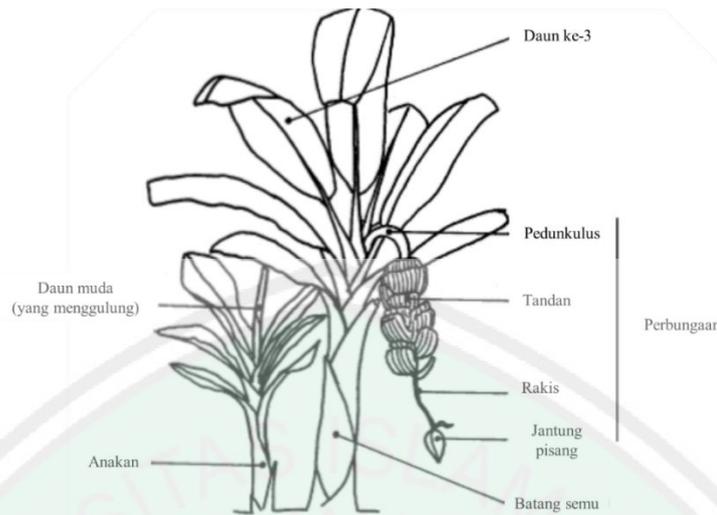
Batang semu pada beberapa kultivar pisang memiliki lapisan lilin. Dari batang semu biasanya mengandung getah yang memiliki warna bening, putih susu (milky), hingga merah keunguan (Gambar 2.2).



Gambar 2.2 Warna getah pada batang semu pisang A. dan B. Berair (*watery*), C. Putih susu (*milky*), D. Merah keunguan (Dokumen pribadi)

Batang sesungguhnya pada pisang tertanam setengah bagian atau keseluruhan di dalam tanah dan disebut dengan umbi akar. Bagian ini memiliki bentuk membulat dan secara anatomi telah mengalami diferensiasi pada silinder pusat dan korteks. Pada ujung meristem apikal, akan tumbuh ke atas dan kemudian membentuk daun baru. Pada bagian terluar dari jaringan korteks diproduksi alat perkembangbiakan vegetatif yang disebut dengan bonggol pisang. Bonggol pisang inilah yang nantinya akan menjadi anakan pisang. Anakan pisang akan muncul dari bonggol dan tumbuh secara horizontal sebelum kemudian tumbuh secara vertikal ke atas tanah. Pada dasarnya pisang memiliki tipe perakaran serabut yang tumbuh ke bawah dengan kedalaman 75-150 cm (Satuhu dan Supriyadi, 1999). Akar primer pisang akan mati dan digantikan oleh akar sekunder atau akar adventif secara langsung (Cizkova, 2013).

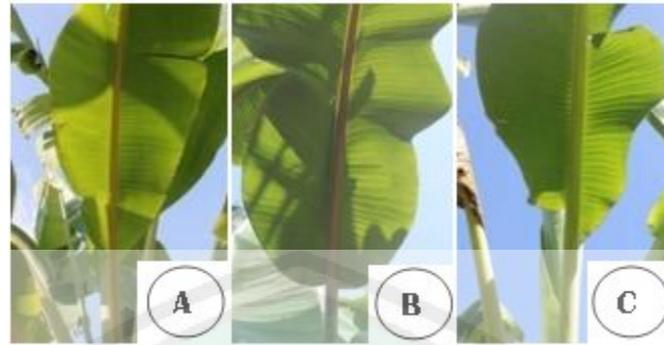
Pisang memiliki tipe percabangan simpodial dengan meristem ujung memanjang. Pisang hanya dapat memproduksi satu perbungaan yang nantinya akan berkembang menjadi buah. Pada bagian bawah batang pisang terdapat alat perkembangbiakan vegetatif yang disebut dengan tunas atau bonggol. Pucuk lateral (*sucker*) muncul dari mata tunas yang ada pada kuncup bonggol yang selanjutnya tumbuh menjadi anakan pisang (OGTR, 2008) (Gambar 2.3).



Gambar 2.3 Perawakan tumbuhan pisang secara keseluruhan (IPGRI, 1996)

Daun pisang berbentuk lembaran dan letaknya tersebar. Helai daun berbentuk lanset memanjang dengan panjang 1,5-3 m, lebar 30-70 cm. Permukaan bawah daun pisang berkilau, tulang tengah penopang jelas disertai tulang daun yang nyata, tersusun sejajar dan menyirip, serta berwarna hijau. Daun termuda pisang terbentuk pada bagian tengah tanaman, keluar secara menggulung dan akan terus tumbuh memanjang dan lambat laun membuka secara sempurna (Suyanti dan Satu, 1992). Pangkal daun pisang memiliki tiga bentuk yang berbeda. Ada yang kedua sisinya meruncing, kedua sisinya melengkung, dan satu sisi meruncing serta sisi lainnya melengkung (Gambar 2.4).

Pada tangkai daun pisang terdapat semacam tepi kanal tangkai daun, yang mana merupakan salah satu dari 15 karakter penanda genom pisang yang dirumuskan oleh Simmond dan Shepperd (1955). Karakter yang dimiliki oleh *Musa acuminata* (AA) adalah tepi tangkai daunnya yang tegak dan membuka, bersayap, serta tidak saling bertemu (tidak mengatup), sedangkan karakteristik khusus yang dimiliki oleh *Musa balbisiana* (BB) adalah tepi tangkai daunnya menutup, tidak bersayap, dan saling bertemu (mengatup) (Gambar 2.5) (Valmayor, 2000).



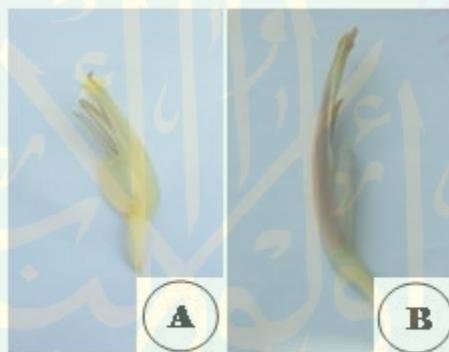
Gambar 2.4 Bentuk dasar helai daun pisang: Ket: A. kedua sisi meruncing; B. kedua sisi melengkung; C. satu sisi meruncing dan sisi lainnya melengkung (Dokumen pribadi)

Pisang mempunyai tipe perbungaan tunggal majemuk. Tiap kelompok bunga disebut dengan sisir dan tersusun dalam bentuk tandan. Jumlah sisir pada buah pisang terdiri atas 5-15 buah. Perbungaan pisang termasuk struktur yang kompleks yang tersusun dari tangkai bunga dengan rangkaian bunga bersusun spiral dan ditutupi dengan daun modifikasi yang disebut dengan braktea. Bunga betina berada paling dekat dengan dasar tangkai bunga kemudian diikuti oleh bunga hermaphrodit pada bagian bawahnya dan pada ujung tangkai terdapat bunga jantan (Suhardiman, 1997; Cizkova, 2013).



Gambar 2.5 Karakteristik bentuk tepi kanal tangkai daun pisang: A. *Musa acuminata* B. *Musa balbisiana* (Dokumen pribadi)

Bunga betina akan berkembang secara normal menjadi buah yang berbiji (pisang liar), buah berdaging dan berbiji, serta buah yang hanya berdaging saja (klon kultivar), sedangkan bunga jantan tidak berkembang dan tetap tertutup oleh seludang berwarna merah keunguan yang disebut sebagai jantung pisang dan biasanya berada di ujung tandan (Cizkova, 2013). Bunga hermaphrodit tidak berkembang menjadi buah, melainkan keberadaannya tergantung tiap varietas. Pada kelompok pisang dari tetua *Musa acuminata* (AA) bunga jantan berwarna krem (Gambar 2.6A), sedangkan pada pada kelompok pisang dari tetua *Musa balbisiana* (BB) bunga jantan berwarna semu merah muda (Gambar 2.6B) (Valmayor, 2000).



Gambar 2.6 Bunga jantan pisang A. *Musa acuminata* B. *Musa balbisiana*
(Dokumen pribadi)

Pada ujung perbungaan jantan (jantung pisang) terdiri dari braktea yang bertumpuk-tumpuk menutupi dua ruas dari bunga jantan. Ukuran, bentuk, dan jumlah buah sesuai dengan bentukan bunga, dan warna serta bentuk dari braktea jantung pisang adalah karakter yang penting dalam klasifikasi pisang (Cizkova, 2013). Karakter perbungaan yang dimiliki oleh kelompok pisang dari tetua *Musa acuminata* (AA) antara lain yakni memiliki bahu (pangkal) braktea memanjang, braktea berbentuk meruncing seperti ujung tombak, serta berwarna merah, ungu kusam, atau kuning pada permukaan luar, dan berwarna pink, ungu kusam atau

kuning pada permukaan dalam (Gambar 2.7A). *Musa balbisiana* (BB) memiliki karakteristik khusus pada perbungaannya, yakni bentuk bahu (pangkal) braktea melebar, ujung braktea berbentuk bulat, serta berwarna ungu kecoklatan pada permukaan luar, dan merah menyala pada permukaan dalamnya (Gambar 2.7B) (Valmayor, 2000).



Gambar 2.7 Perbungaan jantan (jantung pisang) A. *Musa acuminata* B. *Musa balbisiana* (Dokumen pribadi)

Pisang merupakan tumbuhan yang berbuah sekali selama pertumbuhannya. Buah pisang dapat dipanen setelah 80-90 hari sejak keluarnya jantung pisang. Buah pisang umumnya tidak berbiji atau bersifat partenokarpi. Buah pisang tersusun dalam tandan. Tiap tandan terdiri atas beberapa sisir, dan tiap sisir terdiri dari 6-22 buah atau tergantung pada varietasnya (Rukmana, 1999).

Buah pisang bertipe buni, memiliki bentuk bulat memanjang dan sedikit membengkok, tersusun seperti sisir dua baris, dengan kulit berwarna hijau, kuning, hingga coklat. Tiap kelompok buah atau sisir terdiri dari beberapa buah pisang. Buah pisang ada yang berbiji dan ada yang tidak berbiji. Biji pisang berbentuk bulat dan berwarna hitam (Suhardiman, 1997). Ukuran buah pisang bervariasi, dengan panjang rata-rata antara 10-18 cm dan memiliki diameter sekitar 2,5-4,5 cm. Daging buah (*mesokarp*) tebal dan lunak. Kulit buah (*epikarp*) yang masih muda berwarna hijau, namun setelah tua (matang) berubah menjadi kuning dan berstruktur tipis hingga tebal (Cahyono, 2002).

Dilihat dari buahnya, karakteristik penanda genom AA (*Musa acuminata*) antara lain yaitu buah ditutupi lapisan lilin atau rambut halus, tangkai buah pendek, dan susunan lembaga buah dua baris teratur dalam setiap lokus. Sedangkan karakteristik khusus yang dimiliki oleh *Musa balbisiana* (BB) antara lain yaitu licin, tidak ditutupi lapisan lilin atau rambut halus, tangkai buah panjang, serta susunan lembaga buah berjumlah empat baris tidak teratur dalam setiap lokus (Valmayor, 2000).

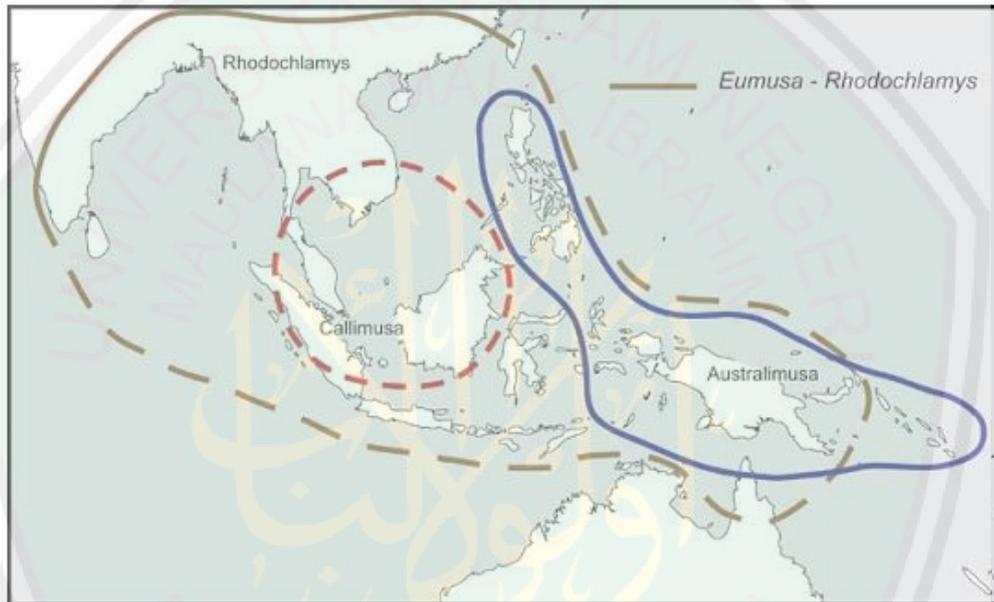
Pisang termasuk ke dalam genus *Musa* famili *Musaceae*, dan anggota dari ordo Zingiberales. Ordo Zingiberales adalah bagian dari Subkelas Commeliniidae dan terbagi dalam klad monokotil bersama 8 famili yang lain, yaitu Cannaceae, Costaceae, Heliconiaceae, Lowiaceae, Maranthaceae, Strelitziaceae, Zingiberaceae, dan Musaceae (Chizkova, 2013).

Pisang menjadi tumbuhan yang banyak dimanfaatkan oleh masyarakat di seluruh dunia. Bahkan pisang dinobatkan sebagai tumbuhan pangan nomor empat setelah padi, gandum, dan jagung (OGTR, 2008; Kiran, 2015; Hapsari, 2016). Selain buahnya yang dapat dikonsumsi, bagian lain dari pisang seperti bunga dan buah berbijinya pun dapat dimanfaatkan sebagai bahan makanan, batangnya dapat digunakan sebagai bahan tekstil, daunnya dapat digunakan untuk peralatan rumah tangga, bahkan umbi dan rimpangnya juga dapat dimanfaatkan sebagai pakan ternak dan obat-obatan. Selain itu, pisang juga digunakan sebagai simbol dalam perayaan hari-hari besar di beberapa wilayah di Asia Tenggara (Hapsari, 2016; Kennedy, 2009).

2.1.2 Persebaran Pisang

Pisang (Family *Musaceae*) terdiri dari genus *Ensete*, *Musella*, dan *Musa*. Genus *Ensete* termasuk genus monokarpik yang wilayah penyebarannya meliputi Madagaskar, Afrika, dan Asia (Janssens, 2016) mulai dari Afrika Barat hingga ke Papua Nugini. Genus *Ensete* merupakan genus yang mengandung banyak pati sehingga dimanfaatkan sebagai makanan pokok di wilayah Afrika Timur (Langhe, 2009). Genus *Musella* merupakan genus *monotypic* yang hanya memiliki satu spesies yakni *Musella lasiocarpa*. Spesies yang jarang ditemukan ini hanya tumbuh di pegunungan di wilayah Asia Tenggara (Langhe, 2009). Sedangkan genus *Musa* merupakan genus dengan spesies terbanyak yang tersebar luas di

seluruh dunia. Genus *Musa* memiliki kurang lebih 65 spesies yang sebagian besar tersebar luas di wilayah Asia dan Pasifik (Liu, 2010). Di selatan, diketahui terdapat spesies pisang liar yang ditemukan di wilayah Asia Tenggara yakni Malaysia yang ditetapkan menjadi daerah asal pisang liar (Langhe, 2009), sehingga dijuluki sebagai *the Center of Origin of Banana* (Valmayor, 2000).

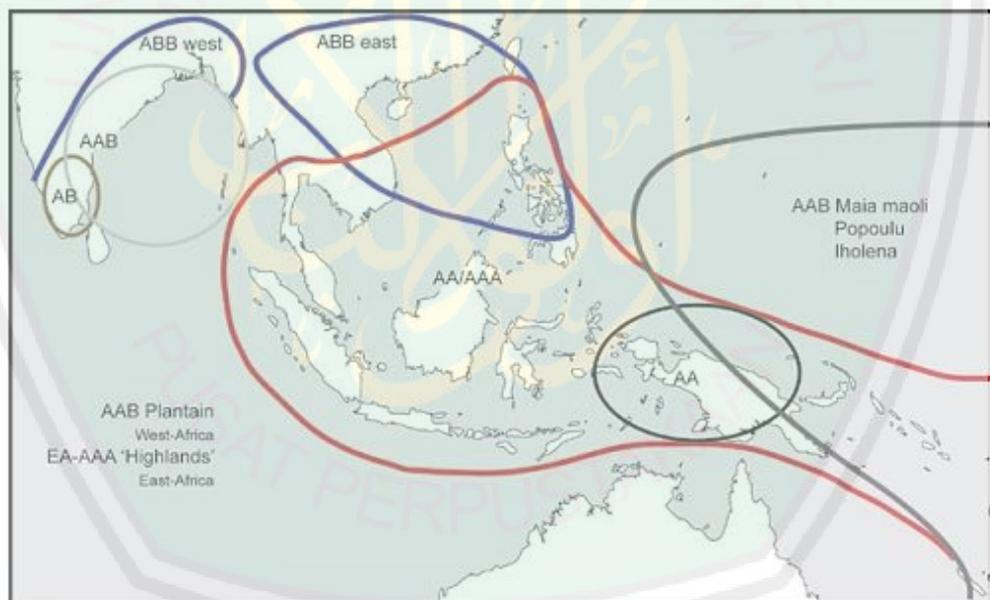


Gambar 2.8 Peta Persebaran pisang dari genus *Musa* (Langhe, 2009)

Pisang termasuk ke dalam ordo *Zingiberales* yang secara spesifik tersurat di dalam Al-Qur'an. Selain pisang, terdapat tumbuhan lain dari ordo *Zingiberales* yang juga disebutkan di dalam Al-Qur'an yakni jahe (Q.S Al-Insan: 17). Kedua tumbuhan tersebut merupakan tumbuhan istimewa yang dijanjikan Allah SWT untuk para penghuni surga. Jika dilihat dari sejarahnya, pisang merupakan salah satu tanaman prasejarah hasil domestikasi di wilayah Arab. Karena pada saat itu kultivar pisang yang ditemukan di Semenanjung Arab diketahui bukan asli berasal dari daerah tersebut, akan tetapi berasal dari Asia Tenggara dan Cina Selatan.

Semenanjung Arab hanya menjadi jalur lalu lintas perdagangan dari laut India yang akan menuju ke wilayah Afrika Timur (Langhe, 2009; Al-Busaidi, 2013). Selanjutnya pisang bertranslokasi ke bagian dunia yang lain selama era prasejarah. Hal inilah yang menjadi bukti bahwa kultivar pisang yang ada saat ini benar berasal dari wilayah Asia Tenggara, sehingga wilayah ini mendapat julukan sebagai *The Center Origin of Banana* (Valmayor, 2000).

Simmonds (1962) membagi genus *Musa* menjadi 4 bagian: *Eumusa* yang mencakup wilayah Asia Timur, kecuali Melanesia Timur, *Rhodochlamys* tersebar di sepanjang daratan Asia Tenggara, *Australimusa* terdistribusi dari Indonesia tenggara dan Filipina selatan hingga ke Melanesia, sedangkan *Callimusa* ditemukan di Vietnam Selatan, Malaysia, Kalimantan dan Sumatra (Gambar 2.8).



Gambar 2.9 Wilayah distribusi pisang kultivar berdasarkan genom (Langhe, 2009)

Persebaran pisang jika dibagi berdasarkan genomnya memiliki wilayah distribusi yang tergolong tinggi. Mayoritas pisang siap makan bergenom AA dan AAA tersebar di wilayah Indonesia, Filipina, dan Malaysia. Pisang bergenom AA

tersebar di wilayah Papua Nugini dan sekitarnya, sedang pisang bergenom AAA lebih banyak ditemukan di wilayah dataran tinggi Afrika Timur. Untuk pisang bergenom AAB (*Plantain*) tersebar di zona hutan hujan Afrika. Sedang genom AAB lainnya tersebar di sepanjang wilayah perairan Maia maoli -Popoulu-Iholena. Pisang dengan genom AB dan AAB banyak ditemukan di India Selatan. Subgrup ABB timur (terdiri dari beberapa spesies pisang bergenom ABB yang berasal dari pisang bergenom BBB) tersebar di wilayah Filipina dan Vietnam. Selanjutnya subgrup pisang bergenom ABB barat tersebar di wilayah India utara hingga India Selatan (Langhe, 2009 dan Al-Busaidi, 2013) (Gambar 2.9).

Berdasarkan sumber lain, dikatakan bahwa pisang berasal dari kawasan Asia Tenggara. Tanaman buah ini kemudian menyebar luas ke dataran Afrika (Madagaskar), Amerika Selatan dan Amerika Tengah. Selanjutnya penyebaran pisang merata hampir ke seluruh dunia yang meliputi daerah tropis dan subtropis. Selain itu, tanaman pisang juga menyebar ke barat melalui Samudra Atlantik, Kepulauan Kanari hingga ke Benua Amerika (Satuhu dan Supriyadi, 1992). Setidaknya terdapat kurang lebih 1000 kultivar pisang yang tersebar di daerah tropis dan subtropis dengan karakter morfologi yang sangat beragam (INIBAP, 2006). Beberapa literatur menyebutkan pusat keanekaragaman tanaman pisang berada di kawasan Asia Tenggara (Satuhu dan Supriyadi, 1990). Persilangan alami yang terjadi pada intraspecies maupun interspecies, di antara keturunan dan persilangan balik antar keturunan dengan tetuanya serta terjadinya mutasi, autopoliploidi, partenokarpi dan kesterilan menghasilkan keturunan kultivar pisang yang beragam. Domestikasi, seleksi dan cara budidaya manusia juga berperan dalam proses evolusi pisang dan penyebaran pisang ke berbagai tempat di seluruh dunia (Simmonds & Shepherd, 1955; De Langhe, 2009).

2.2 Tata nama dan pengelompokan genom kultivar pisang

Sejarah tata nama pisang pertama kali dicetuskan oleh Linneaus pada tahun 1753 dalam bukunya yang berjudul *Species Plantarum, the Origin of Modern Botanical Nomenclature*. Linneaus berhasil mempublikasikan kelompok pisang yang harus dimasak terlebih dahulu sebelum dikonsumsi, dan diberi nama *Musa paradisiaca* Linn. (Valmayor, 2000). Linneaus kembali mempublikasikan spesies *Musa sapientum* Linn. dalam bukunya yang berjudul *Systema Naturae* pada tahun

1759. Spesies ini merupakan kelompok pisang yang dapat langsung dikonsumsi ketika matang. Sistem tata nama Linnaeus berlaku selama kurang lebih 2 abad dan dapat diterapkan di wilayah Eropa, Amerika Latin, dan Afrika Barat (Valmayor, 2000).

Di wilayah Asia Tenggara sendiri sistem tata nama ini tidak sesuai digunakan untuk menentukan tata nama kultivar pisang. Hal ini dikarenakan tingginya keanekaragaman pisang yang ada di wilayah ini (Simmonds, 1959; Espino, 1992; Valmayor, 2000). Oleh karena itu, pada tahun 1955 diusulkan perubahan sistem tata nama baru oleh Simmonds dan Shepherd yang disebut dengan tata nama genom dan telah ditetapkan secara konsensus di Asia Tenggara pada tahun 1999 (Valmayor, 2000; INIBAP, 2006).

Sistem tata nama genom ditentukan berdasarkan kelompok genom yang dibawa oleh masing-masing tetua kultivar pisang (Valmayor, 2000; INIBAP, 2006). Penulisan tata nama genom terdiri atas tiga unsur utama yakni nama spesies tetua pisang, kelompok genom dari tetua pisang, dan diikuti nama kultivarnya (Valmayor, 2000). Sebagai contoh tata nama pisang mas ditulis dengan nama ilmiah *Musa acuminata* (AA) cv. Pisang Mas (Hapsari, 2016). Penentuan sistem tata nama genom dapat dilakukan dengan metode skoring berdasarkan 15 karakter morfologi dengan taraf skor 1-5, sedangkan untuk identifikasi kelompok genom ditentukan berdasarkan nilai total skor keseluruhan (Simmonds & Shepherd, 1955; Valmayor, 2000; Hapsari, 2016).

Hampir semua pisang modern yang dapat dimakan saat ini berasal dari dua spesies liar *Musa acuminata* dan *Musa balbisiana*. Tata nama dari spesies pisang baik *Musa acuminata* dan *Musa balbisiana* atau hasil persilangan antar keduanya tergantung pada ketentuan genom masing-masing, taksonomi, dan daerah asal budidaya pisang (Singh, 2014).

Secara umum terdapat dua jenis pisang yang menjadi tetua kultivar pisang, yakni *Musa acuminata* (AA) dan *Musa balbisiana* (BB). Dari kedua jenis pisang liar tersebut kemudian barulah muncul berbagai kultivar pisang yang memiliki variasi genetik tinggi. Munculnya variasi genetik pisang terjadi melalui proses-proses yang berperan penting dalam evolusi pisang (Gambar 2.10). Berbagai proses yang menyebabkan terjadinya evolusi ini antara lain yaitu melalui mutasi

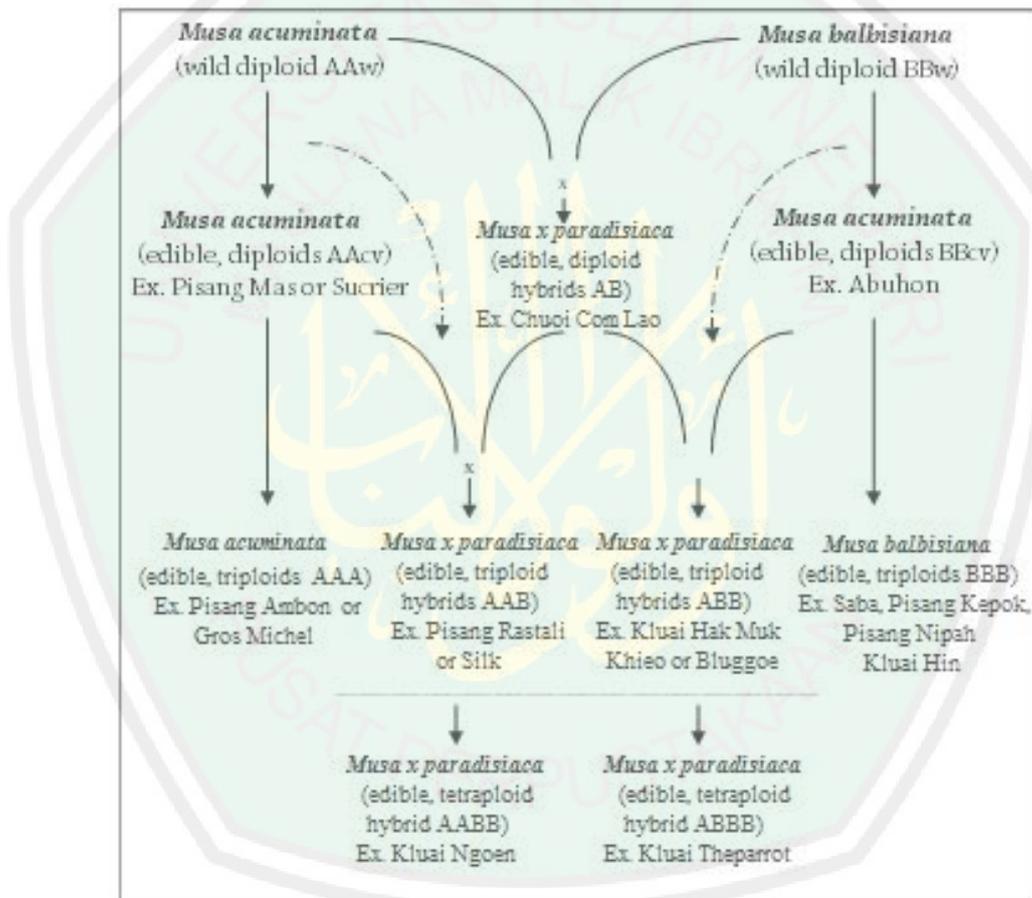
genetik (INIBAP, 2006), seleksi alam maupun manusia (Kaemmer, 1997), persilangan sendiri di dalam jenis maupun antar jenis serta persilangan balik dengan induknya (Jeridi, 2011).

Proses evolusi yang terjadi pada pisang liar tersebut juga menghasilkan kultivar pisang dengan berbagai tingkat ploidi (diploid, triploid, dan tetraploid) dengan variasi kombinasi genom AA, BB, AB, AAA, AAB, ABB, AAAA, ABBB, AAAB, dan AABB (Stover dan Simmonds 1987, Pillay, 2006) (Gambar 2.8), serta genom BBB dari evolusi dua jenis pisang liar bergenom BB (Valmayor, 2000).

Secara umum, karakteristik yang dimiliki oleh pisang bergenom A adalah berbuah kecil, kulit buah tipis dan berwarna kuning keemasan. Sedangkan untuk kelompok pisang dengan genom B memiliki karakteristik buah dengan ukuran yang besar dan berkulit tebal, serta berwarna orange. Selain itu, beberapa jenis pisang dari genom B memiliki kandungan pati yang cukup tinggi, sehingga harus dimasak terlebih dahulu sebelum dimakan (Espino, 1992). Pada kebanyakan tanaman budidaya, meningkatnya jumlah set kromosom atau genom berpengaruh pada peningkatan produktivitas tanaman (Simmonds, 1966). Misalnya, pisang Ambon yang bergenom triploid AAA memiliki tandan dan buah yang lebih besar dibandingkan dengan pisang mas yang bergenom diploid AA (Sunandar, 2018).

Selain itu level ploidi tidak hanya mempengaruhi kenampakan fenotip (karakter morfologi) saja, akan tetapi juga pada karakter anatomi. Salah satu contohnya yakni ukuran dan jumlah stomata, jumlah lapisan hypodermal, struktur dan jumlah palisade parenkim, ukuran aerenkim pada petiol dan mesofil daun berbeda antara pisang diploid (*M. acuminata* 'Penjalin' dan *M. balbisiana* 'Khlutuk Warangan') dan pisang triploid (*M. acuminata* 'Ambon Warangan', *M. paradisiaca* 'Raja Nangka', dan *M. paradisiaca* 'Kluthuk Susu') (Sumardi & Wulandari, 2010). Secara alamiah populasi kultivar pisang kebanyakan memiliki genom triploid AAA, AAB dan menjadi kultivar pisang yang paling banyak dibudidayakan saat ini. Kelompok pisang ini dapat dikonsumsi secara langsung maupun diolah terlebih dahulu. Selain itu, kultivar pisang bergenom AAB dan ABB diduga memiliki sifat ketahanan terhadap penyakit dan toleran pada lingkungan marginal yang diturunkan dari tetuanya *M. balbisiana* (BB)

(Simmonds 1962) (Gambar 2.10). Pengetahuan tentang keunggulan-keunggulan yang dimiliki oleh pisang bergenom B memberikan peluang untuk mencari sifat atau karakter yang dapat dimanfaatkan dalam perbaikan kualitas dan kuantitas produksi pisang ini. Untuk itu diperlukan informasi keanekaragaman genetika pisang bergenom B (AAB, ABB, dan BB) sebagai data awal dalam program pemuliaan pisang.



Gambar 2.10 Diagram *pathway* evolusi kultivar pisang (Valmayor, 2000)

Beberapa pisang yang banyak dikonsumsi saat ini diketahui memiliki genom AA atau BB, akan tetapi kebanyakan merupakan triploid (AAA, AAB, maupun ABB). Secara rinci, karakteristik dasar yang dimiliki oleh kelompok pisang

bergenom AA yakni memiliki buah berukuran kecil dengan kulit tipis dan berwarna kuning keemasan, daging buah berwarna orange terang dengan tekstur yang lembut, memiliki rasa manis yang dominan namun ada pula yang sedikit asam serta memiliki aroma yang khas. Kelompok pisang bergenom triploid AAA memiliki ukuran lebih besar, sedikit melengkung, dan cenderung lebih berat dari pisang diploid AA. Daging buah lebih besar, berwarna putih krem hingga kuning, bertekstur lembut dan halus, rasanya manis dengan aroma yang khas. Pisang kelompok genom AAB ditandai dengan buahnya yang besar dengan kulit tebal dan kasar, berwarna oranye, daging buah berwarna krem hingga orange, dengan tekstur kasar namun memiliki rasa manis. Kelompok pisang bergenom ABB memiliki buah dengan bentuk yang hampir lurus, berkulit tebal, kasar dan berlilin, dan memiliki banyak kandungan pati sehingga harus dimasak terlebih dahulu baru bisa dikonsumsi (Espino, 1992; Hapsari, 2016).

Pisang yang kebanyakan dijual di supermarket biasanya bergenotip AAA yang merupakan hasil keturunan dari *Musa acuminata*. Pisang bergenotip AAA menjadi menjadi pisang yang banyak diperdagangkan saat ini, namun pisang tersebut tidak terlalu banyak dicari secara global. AAB dan ABB jauh lebih penting di wilayah Afrika dan Asia dimana mereka banyak ditanam oleh para petani kecil untuk membantu ketahanan pangan masyarakat (Singh, 2014).

Pengelompokan genom kultivar pisang dapat dilakukan dengan metode skoring berdasarkan 15 karakter morfologi. 15 karakter morfologi tersebut antara lain yaitu tangkai daun, *pedunculus* (tangkai tandan), *peduncle* (tangkai buah), susunan lembaga buah, bahu braktea, gulungan braktea, bentuk braktea, ujung braktea, warna braktea, pemucatan warna pada permukaan braktea, bekas duduk braktea, kelopak bebas bunga jantan, warna bunga jantan, dan kepala putik (Valmayor, 2000; Hapsari, 2015). Penilaian skoring dilakukan dengan taraf skor 1-5. Sedangkan untuk identifikasi kelompok genom ditentukan berdasarkan nilai total skor keseluruhan yang ada pada Tabel 2.1 (Simmonds & Shepherd, 1955; Valmayor, 2000; Hapsari, 2016).

Tabel 2.1 Penentuan kelompok genom berdasarkan nilai total skor (Valmayor, 2000)

No.	Kelompok Genom	Total Skor	Contoh Kultivar pisang
1.	AA/AAA	15-25	Pisang Cici, Mas, Berlin, Ambon, Lumut
2.	AAB	26-46	Pisang Raja
3.	AB/AABB	47-49	-
4.	ABB	59-63	Pisang Kepok, Ebung, Awak
5.	ABBB	67-69	-
6.	BB/BBB	70-75	Pisang Klutuk wulung, klutuk ijo

2.3 Marka molekuler RAPD

RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*) merupakan salah satu teknik analisis biologi molekuler berbasis PCR (*Polymerase Chain Reaction*) yang digunakan dalam analisis genetik (Sharma, 2018). PCR sendiri merupakan salah satu metode *in vitro* yang dapat menghasilkan sejumlah besar fragmen DNA spesifik dengan panjang sekuens yang telah ditentukan dari sejumlah kecil DNA template kompleks.

Teknik PCR didasarkan pada amplifikasi (perbanyak) fragmen DNA dengan menggunakan dua primer tunggal oligonukleotida yang komplementer dengan ujung 5 dari kedua rantai sekuens target. Oligonukleotida ini digunakan sebagai primer (primer PCR) untuk memungkinkan DNA template dikopi oleh DNA polimerase (Anggereini, 2008).

Tahap-tahap dalam teknik PCR terdiri dari denaturasi (pemisahan untai DNA), annealing (penempelan primer pada sekuens DNA), elongasi (pemanjangan), dan *post extension*. Untuk mendukung terjadinya annealing primer pada template pertama kali diperlukan pemisahan untai DNA yang double stranded melalui pemanasan. Suhu reaksi selanjutnya diturunkan untuk membiarkan terjadinya perpasangan sekuens dan akhirnya reaksi polimerisasi dilakukan oleh DNA polimerase untuk membentuk DNA komplementer. Proses ini dikenal dengan siklus PCR (Anggereini, 2008).

RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*) merupakan teknik amplifikasi DNA berbasis PCR (*Polymerase Chain Reaction*) (Khatri, 2009) yang

memanfaatkan single primer secara random dan digunakan untuk mendeteksi sekuens nukleotida dari polimorfisme DNA (Shivashankar, 2013). Analisis RAPD telah banyak digunakan untuk pemetaan genom (Pillay, 2006), penanda gen, dan studi populasi (Sarabhai, 2016). Dibandingkan dengan marka molekuler lain seperti ISSR (Chandra, 2018), RFLP (Nwakanma, 2003; Uma, 2006; Ekasari, 2012), dan AFLP (Wong, 2002; Uma, 2006; Shaibu, 2012), teknik RAPD menjadi metode yang lebih efisien karena hanya memerlukan sekuens DNA berupa primer oligonukleotida pendek (biasanya 10 bp) yang akan berikatan dengan bagian (*sites*) komplemennya.

Metode RAPD biasanya digunakan untuk mendeteksi polimorfisme DNA, sehingga dapat digunakan sebagai penanda genetik dalam menentukan hubungan kekerabatan. Selain itu RAPD juga dapat digunakan untuk mengidentifikasi sejumlah besar polimorfisme DNA pada genom dengan cepat karena tidak memerlukan informasi mengenai sekuens (urutan DNA) sebelumnya (Grosberg, 1996; Sharma, 2018) dan lebih efisien karena hanya membutuhkan waktu selama 2,5 jam untuk menyelesaikan siklusnya hingga menghasilkan pola pita yang lebih tajam. Program PCR yang dijalankan dalam teknik analisis RAPD menggunakan 35 siklus dengan DNA genom alfaalfa 10-mers (panjang nukleotida) secara acak yaitu 5 detik proses denaturasi pada 94°C, 30 detik proses annealing (penempelan) pada suhu 36°C, dan 60 detik proses extention (pemanjangan pita DNA) pada suhu 72 °C (Yu, 1992). Hal ini membuat RAPD cocok untuk studi keanekaragaman genetik, hubungan kekerabatan, peta genetik, serta sidik jari DNA yang banyak digunakan dalam analisis forensik.

Analisis molekuler PCR RAPD bertujuan untuk mengamplifikasi DNA polimorfik, namun segmen DNA yang diamplifikasi tidak diketahui dan akan dipilih secara acak. Amplifikasi pita DNA tidak memerlukan pengetahuan tentang urutan DNA untuk gen target, karena primer akan mengikat pada suatu tempat yang didapatkan secara acak (Kumar, 2011). Pillay (2000) menggambarkan mengenai penanda DNA RAPD yang spesifik untuk A dan B genom dan dapat digunakan untuk mengidentifikasi komposisi genom dari berbagai kultivar *Musa*. Keuntungan dari penggunaan teknik analisis molekuler RAPD yakni tidak bergantung pada karakteristik morfologi, dapat digunakan pada setiap tahap siklus

BAB III METODE PENELITIAN

3.1 Jenis penelitian

Penelitian ini merupakan jenis penelitian deskriptif eksploratif kualitatif. Penelitian ini menggunakan 14 kultivar pisang dengan genom AA, AAA, AAB, ABB, dan BB yang diambil dari Kebun Plasma Nutfah Pisang, Dinas Pertanian dan Pangan, Giwangan Kota Yogyakarta.

3.2 Waktu dan tempat

Penelitian ini dilaksanakan pada bulan Desember 2018 hingga Juni 2019 (*Lampiran 1*). Pengambilan sampel serta pengamatan morfologi pisang dilakukan di Kebun Plasma Nutfah Pisang, Dinas Pertanian dan Pangan, Giwangan Kota Yogyakarta sedangkan analisis DNA dilakukan di Laboratorium Genetika dan Biologi Molekuler Jurusan Biologi Fakultas Sains dan Teknologi Universitas Islam Negeri Maulana Malik Ibrahim Malang.

3.3 Alat dan bahan

3.3.1 Alat

3.3.1.1 Tahap pengamatan morfologi dan pengambilan sampel

Alat-alat yang digunakan pada pengamatan morfologi dan pengambilan sampel antara lain 1 buah penggaris, 1 buah meteran, 1 buah kamera, 1 buah buku deskriptor IPGRI, 1 buah *colour chart*, lembar penelitian, alat tulis, 1 buah gunting/cutter, 1 buah *ice box*, 84 buah *silica gel*, serta 28 buah plastik klip.

3.3.1.2 Tahap isolasi DNA

Alat-alat yang digunakan pada proses isolasi DNA antara lain yaitu 14 buah mortar alu, 2 buah spatula, 1 buah neraca analitik, 1 buah vortex (*Barnstead Thermolyne*), 1 buah *Freezer*, 1 buah *Waterbath/inkubator* (*Memmert*), 1 pack Tube 1,5 ml, 4 buah Mikropipet 0,5 – 1000 µl (*BioRAD*), *White tip*, *yellow tip*, *blue tip*, *Centrifuge* (*BioRAD*).

3.3.1.3 Tahap uji kualitatif DNA

Alat-alat yang digunakan pada proses uji kualitatif DNA antara lain Seperangkat alat elektroforesis (*BioRAD*), 1 buah *geldoc/UV transiluminator* (*BioRAD*), 1 buah *spin down* (*WealTec E-Centrifuge*), 1 buah mikropipet 0,5-10

μl (BioRAD), 50 buah *white tip* (Axygen Scientific), 1 buah erlenmeyer 100 mL (Isolab), 1 buah gelas ukur 100 mL (Herma), 14 buah mikrotube 0,2 ml, 1 buah *Microwave* (U-Rolux), 1 buah neraca analitik, dan 2 buah spatula.

3.3.1.4 Tahap uji kuantitatif DNA

Alat-alat yang digunakan pada proses uji kuantitatif DNA antara lain yaitu 1 buah *nanodrop (AE-Nano 200 Nucleic Acid Analyze versi 2.0)*, 1 buah Mikropipet 0,5-10 μl (BioRAD), dan 15 buah *White tip (Axygen Scientific)*.

3.3.1.5 Tahap amplifikasi PCR dan visualisasi DNA

Alat-alat yang digunakan pada tahap amplifikasi PCR dan Visualisasi DNA antara lain 1 buah LAF (*Laminar Air Flow*) (*Biobase*), 1 buah *Thermal cycler* (BioRAD), 14 buah mikrotube 0,5 mL, 1 buah rak mikrotube, 1 pack *white tip (Axygen Scientific)*, 1 buah mikropipet 0,5 - 10 μl (BioRAD), 1 buah *spindown (Wealtec E-Centrifuge)*, 1 buah neraca analitik, 1 buah perangkat elektroforesis (BioRAD), 1 buah erlenmeyer 100 mL (Isolab), 1 buah gelas ukur 100 mL (Herma), 1 buah *microwave* (U-Rolux), 2 buah spatula, dan 1 buah gel Doc /UV transiluminator (BioRAD).

3.3.2 Bahan

3.3.2.1 Sampel DNA

Sampel yang digunakan dalam penelitian ini yakni daun muda yang masih menggulung dari 14 kultivar pisang bergenom AA, AAA, AAB, ABB, dan BB (Tabel 3.1) yang diambil dari Kebun Plasma Nutfah Pisang, Dinas Pertanian dan Pangan, Giwangan Kota Yogyakarta.

Tabel 3.1 Kode, nama lokal, nama ilmiah, genom dan asal daerah koleksikultivar pisang

No.	Nama Lokal Kultivar Pisang	Nama Ilmiah	Kode	Asal Daerah
1	Rejang	<i>Musa acuminata</i> (AA) cv. Pisang Rejang	P1	Sleman, Yogyakarta
2	Mas	<i>Musa acuminata</i> (AA) cv. Pisang Mas	P2	KBH Dongkelan, Yogyakarta
3	Berlin	<i>Musa acuminata</i> (AA) cv. Pisang Berlin	P3	Tanjung, Klatah, Kec. Giri, Banyuwangi
4	Kojo Santen	<i>Musa acuminata</i> (AAA) cv. Pisang Kojo Santen	P4	Cukurgondang, Pasuruan, Jawa Timur
5	Ambon Hong	<i>Musa acuminata</i> (AAA) cv. Pisang Ambon Hong	P5	Kabupaten Purworejo
6	Morosebo	<i>Musa acuminata</i> (AAA) cv. Pisang Morosebo	P6	Kotagede, Yogyakarta
7	Raja Seribu	<i>Musa acuminata</i> (AAB) cv. Pisang Raja Seribu	P7	Jl. Cendana, DKI Jakarta
8	Triolin	<i>Musa acuminata</i> (AAB) cv. Pisang Triolin	P8	Kabupaten Bantul
9	Brentel Warangan	<i>Musa acuminata xMusa balbisiana</i> (AAB) cv. Pisang Brentel Warangan	P9	Kabupaten Karanganyar
10	Saba Awu	<i>Musa acuminata xMusa balbisiana</i> (ABB) cv. Pisang Saba Awu	P10	Kabupaten Malang, Jawa Timur
11	Ebung	<i>Musa acuminata</i> (ABB) cv. Pisang Ebung	P11	Siman, Ponorogo, Jawa Timur
12	Raja Bandung	<i>Musa acuminata xMusa balbisiana</i> (ABB) cv. Pisang Raja Bandung	P12	Pendowoharjo, Bantul
13	Kluthuk Ijo	<i>Musa balbisiana</i> (BB) cv. Kluthuk Ijo	P13	Purwosari, Pasuruan, Jawa Timur
14	Kluthuk Wulung	<i>Musa balbisiana</i> (BB) cv. Kluthuk Wulung	P14	Cilongok, Kabupaten Banyumas

Tabel 3.2 Identitas primer RAPD yang digunakan

Primer	Sekuen	Tm (°C)	Ta(°C)	Komposisi GC (%)
OPA-01	5' - CAG GCC CTT C - 3'	36,4	35	70
OPA-02	5' - TGC CGA GCT G - 3'	40,7	36	70
OPA-03	5' - AGT CAG CCA C - 3'	34,3	35	60
OPA-04	5' - AAT CGG GCT G - 3'	35,1	35	60
OPA-05	5' - AGG GGT CTT G - 3'	32,6	35	60
OPA-06	5' - GGT CCC TGA C - 3'	35,2	35	70
OPA-07	5' - GAA ACG GGT G - 3'	33,2	35	60
OPA-08	5' - GTG ACG TAG G - 3'	31,1	29	60
OPA-09	5' - GGG TAA CGC C - 3'	37,4	33	70
OPA-10	5' - GTG ATC GCA G - 3'	33,1	29	60
OPA-11	5' - CAA TCG CCG T - 3'	36,7	33	60
OPA-12	5' - TCG GCG ATA G - 3'	34,0	29	60
OPA-13	5' - CAG CAC CCA C - 3'	37,7	33	70
OPA-14	5' - TCT GTG CTG G - 3'	34,3	33	60
OPA-15	5' - TTC CGA ACC C - 3'	34,2	29	60
OPA-16	5' - AGC CAG CGA A - 3'	38,3	33	60
OPA-17	5' - GAC CGC TTG T - 3'	35,7	33	60
OPA-18	5' - AGG TGA CCG T - 3'	36,2	33	60
OPA-19	5' - CAA ACG TCG G - 3'	34,2	29	60
OPA-20	5' - GTT GCG ATC C - 3'	33,5	29	60

3.3.2.2 Ekstraksi sampel

Bahan-bahan yang digunakan pada proses ekstraksi sampel antara lain 40 mg sampel daun pisang tiap kultivar, 5 L Nitrogen cair, 1 buah *The Wizard® Genomic DNA Purification Kit* Promega, 600 µl Ethanol 70% dan 96% (*Onemed*), 600 µl Isopropanol (*SIGMA LifeScience*).

3.3.2.3 Elektroforesis

Bahan-bahan yang digunakan pada proses elektroforesis antara lain 30 mg agarose (*Thermoscientific*), 30 ml buffer TBE ½ x (Tris Boric EDTA) (*Aplichem*), 2 µl ethidium bromide (Etbr) (*SIGMA-ALDRICH*), 1 µl loading dye 6x (*Thermo Scientific*), 3 µl *nuclease-free water*, 5 µl *Master Mix* (*Gene Direx*), 1 µl primer OPA 1-20 (*IDT*), 1 µl Water/DD H₂O (*Thermo Scientific*), 2 µl Marker 100bp DNA ladder (*Thermo Scientific*), dan 500 ml Aquades.

3.4 Prosedur penelitian

3.4.1 Identifikasi karakter morfologi

Identifikasi morfologi kultivar pisang dilakukan berdasarkan buku panduan karakterisasi Deskriptor untuk Pisang (*Descriptors for Banana (Musa spp.)*) dari INIBAP IPGRI (1996). Pengamatan dilakukan terhadap 14 kultivar pisang dengan 33 karakter terpilih (karakter kualitatif dan kuantitatif) pada organ vegetatif dan generatif kultivar pisang (*Lampiran 2*).

3.4.2 Pengambilan sampel

Pengambilan sampel kultivar pisang pada penelitian ini dilakukan di Kebun Plasma Nutfah Pisang, Dinas Pertanian dan Pangan, Giwangan Kota Yogyakarta. Sampel yang diambil adalah daun muda yang masih menggulung dan masih utuh dari 14 kultivar pisang dengan genom AA, AAA, AAB, ABB, dan BB (Tabel 3.1) masing-masing diambil dari 3 kultivar bergenom AA, AAA, AAB, ABB serta 2 kultivar bergenom BB.

3.4.3 Ekstraksi DNA

Tahap ekstraksi DNA dilakukan dengan menggunakan Kit dari *The Wizard® Genomic DNA Purification Kit Promega*. Langkah kerja yang harus dilakukan dalam proses ekstraksi sampel yaitu pertama merendam daun pisang yang masih muda dalam nitrogen cair kemudian dihancurkan dengan mortar dan *pestle* hingga menjadi serbuk. Sebanyak 40 mg serbuk daun pisang diambil dan dimasukkan ke dalam tube 1,5 mL lalu ditambahkan 600 μ L larutan *Nuclei Lysis* dan divortex selama 1-5 detik. Selanjutnya, suspensi diinkubasi pada suhu 65 °C selama 15 menit. Setelah diinkubasi, suspensi dicampurkan dengan 3 μ L larutan RNase kemudian tube dibolak-balik sebanyak 2-5 kali agar suspensi tercampur rata. Langkah selanjutnya, tube yang berisi suspensi diinkubasi pada suhu 37 °C selama 15 menit, setelah itu suspensi didiamkan pada suhu ruang selama 5 menit.

Tahap berikutnya adalah presipitasi protein pada suspensi DNA dengan menambahkan 200 μ L *Protein Precipitation Solution* pada *tube* kemudian divortex selama 20 detik. Suspensi DNA dalam *tube* dipisahkan berdasarkan berat molekulnya dengan menggunakan *sentrifuge* pada kecepatan berkisar 13.000-16.000 x g selama 30 menit kemudian diambil bagian *supernatant* dalam *tube* dengan hati-hati lalu *supernatant* dipindahkan ke *tube* baru yang berukuran 1,5

mL dan ditambahkan lagi dengan 600 μ L Isopropanol. DNA yang telah ditambahkan isopropanol kemudian dihomogenkan dengan cara dibolak-balik dengan perlahan. Kemudian, campuran tersebut dipisahkan dengan menggunakan sentrifuge pada kisaran 13.000-16.000 x g selama 1 menit dalam suhu ruang.

Tahap selanjutnya adalah purifikasi DNA. Campuran yang telah disentrifugasi kemudian dibuang bagian *supernatant*-nya lalu bagian *pellet* ditambahkan dengan 600 μ L ethanol 70% (suhu ruang). Larutan dalam *tube* dibolak-balik perlahan selama beberapa kali yang bertujuan untuk mencuci DNA sampel. Setelah itu, larutan dipisahkan lagi dengan menggunakan sentrifuge pada kecepatan berkisar 13.000-16.000 x g selama 1 menit pada suhu ruang. Kemudian, *supernatant* diambil dengan menggunakan mikropipet (pada tahap ini *pellet* DNA mudah lepas sehingga harus dilakukan dengan sangat hati-hati). Selanjutnya, *pellet* DNA dikering-anginkan selama 15 menit lalu ditambahkan 100 μ L DNA Rehydration Solution dan dihomogenkan dengan cara mengetuk *tube* beberapa kali. Tahap yang terakhir yaitu larutan DNA diinkubasi pada suhu 65 °C selama 1 jam. Kemudian DNA disimpan pada suhu 2-8°C di lemari pendingin untuk waktu penggunaan yang lama.

Isolat genomik diuji kuantitatif untuk mengetahui konsentrasi dan kemurnian DNA. Uji kuantitatif dengan penentuan nilai absorbansi pada panjang gelombang 260 nm dan 280 nm menggunakan *AE-Nano 200 Nucleic Acid Analyze* versi 2.0. Tingkat kemurnian DNA dikatakan baik, jika nilai rasio *Optical Density* (OD) 260/280 nm yang diperoleh antara 1,8-2,0 (Sambrook et al., 1989).

3.4.4 Amplifikasi dan visualisasi DNA

Amplifikasi DNA dilakukan berdasarkan metode Williams (1990) dengan menggunakan 20 primer RAPD terpilih yaitu OPA 1-20 (Operon Technology Ltd) (Tabel 2). Komposisi PCR dilakukan pada volume 10 μ l, yang terdiri dari 1 μ l sampel DNA (5-25 ng/ μ l), 1 μ l primer (10 pmol), 3 μ l *nuclease water*, 5 μ l PCR *master mix Thermo Scientific California, USA* yang terdiri atas DreamTaq DNA polymerase; 2x DreamTaq Green buffer; 0,4 mM dNTPs dan 4 mM MgCl₂.

Amplifikasi DNA primer RAPD dilakukan dengan menggunakan *Thermocycler* (BioRAD). Pre-denaturasi dilakukan pada suhu 94°C selama 5 menit, kemudian dilanjutkan 35 kali siklus yang terdiri dari denaturasi suhu 94°C

selama 1 menit, *annealing* atau penempelan dengan suhu yang sesuai dengan T_m (*Temperature melting*) selama 1 menit, ekstensi/elongasi 72°C selama 1 menit. Selanjutnya dilakukan proses Post elongasi dengan suhu 72°C selama 8 menit. Dan yang terakhir yakni terminasi atau fase menunggu dengan suhu 4°C dengan waktu yang tak terhingga.

Hasil amplifikasi PCR diuji kualitatif dengan elektroforesis pada gel agarose 1-2% (30 mg agarose dan ditambahkan 30 ml TBE 1X), larutan agarose dihomogenkan menggunakan *microwave*, selanjutnya didiamkan hingga suhu $\pm 40^{\circ}\text{C}$, kemudian ditambahkan 2 μl ethidium bromida (EtBr), elektroforesis dilakukan dengan menggunakan Mupid Mini Cell selama 30 menit pada 75 volt. Hasil pemisahan fragmen DNA dideteksi menggunakan UV transluminator, kemudian difoto menggunakan kamera. Standar ukuran 100 bp plus DNA ladder (Geneid) untuk menetapkan ukuran pita hasil amplifikasi DNA.

3.5 Analisis data

3.5.1 Skoring data

3.5.1.1 Skoring data berdasarkan marka morfologi

Data morfologi didapatkan dari hasil identifikasi karakteristik morfologi kultivar pisang berdasarkan *Descriptors for banana (Musa spp)* IPGRI (*International Plant Genetic Resources Institute*). Hasil analisis pengelompokan berdasarkan marka morfologi berupa data karakterisasi yang bersifat kualitatif dari pengamatan di lapangan dikonversi terlebih dahulu melalui pemberian skor. Karakter dengan data nominal dan ordinal diberikan skor (1, 2, 3, 4, 5 hingga ke-n). Data karakter yang bersifat kuantitatif diubah menjadi data skala interval (1, 2, 3, 4, 5 hingga ke-n). Tidak ada pembobotan pemberian skor dan skala interval (unweighted). Data hasil karakterisasi yang telah dikonversi kemudian dianalisis menggunakan program *Paleontological Statistics (PAST)* versi 3.0.

3.5.1.2 Skoring data berdasarkan marka molekuler RAPD

Data RAPD diperoleh dalam bentuk pita-pita DNA hasil amplifikasi dengan ukuran tertentu dari masing-masing kultivar pisang. Analisis polimorfisme dilakukan berdasarkan pita hasil amplifikasi yang muncul saat dilakukan *gell doc* kemudian *discoring* secara visual. Skor 1 diberikan apabila muncul pita DNA dan skor 0 diberikan jika pita tidak muncul (Yunanto, 2006) . Skoring dilakukan pada

setiap kultivar pisang dan setiap primer, sehingga membentuk data biner. Data biner yang dihasilkan digunakan untuk memperkirakan tingkat polimorfisme dengan cara membagi pita polimorfik dengan jumlah total pita yang muncul dan dikalikan 100%.

3.5.2 Analisis kekuatan primer

Dalam penelitian ini dilakukan beberapa analisis untuk menentukan primer RAPD yang paling informatif. Beberapa analisis tersebut diantaranya adalah (Laurentin dan Karlovsky, 2007): *Polymorphism Information Content* (PIC), *Effective Multiplex Ratio* (EMR), *Marker Index* (MI), dan *Resolution Power* (Rp). Nilai PIC untuk masing-masing primer dapat dihitung dengan rumus: $PIC_i = 2f_i(1-f_i)$. Dimana PIC adalah *polymorphism information content* i , f_i adalah frekuensi fragmen marker (band) yang muncul dan $1-f_i$ adalah frekuensi fragmen marker (band) yang tidak muncul (Roldan-Ruiz et.al, 2000).

EMR (*Effective Multiplex Ratio*) digunakan untuk mengetahui rasio yang efektif dari total pita yang muncul dengan jumlah pita polimorfik. Nilai EMR dihitung dengan rumus $EMR = \eta \cdot \beta$, dimana η = total jumlah band per primer dan β = jumlah band polimorfik (Roldan-Ruiz et. al., 2000). Nilai Marker index (MI) dihitung dengan rumus: $MI = PIC \times EMR$ (Varshney et.al, 2007). *Resolution Power* (Rp) dari masing-masing primer dihitung menggunakan rumus: $R_p = \sum I_b$ (Prevost and Wilkinson, 1999), dimana I_b merepresentasikan informasi fragmen (band). Nilai I_b diwakili skala 0-1, yang diketahui menggunakan rumus berikut: $I_b = 1 - [2 \times (0,5 - P)]$, dimana P adalah proporsi dari 10 genotipe yang mengandung band (McGregor, 2000).

3.5.3 Analisis pengelompokan

3.5.3.1 Analisis pengelompokan berdasarkan marka morfologi

Data hasil karakterisasi morfologi Pisang yang telah didapatkan menggunakan acuan buku *descriptor* IPGRI (1996) dikonversikan menjadi data nominal, ordinal dan skala interval. Kemudian data tersebut diolah memakai aplikasi *Paleontological Statistic* (PAST) untuk mengetahui pengelompokannya menggunakan koefisien persamaan *Bray-Curtis* (Hammer, 2001).

3.5.3.2 Analisis pengelompokan berdasarkan marka molekuler RAPD

Analisis pengelompokan (*clustering*) berdasarkan marka molekuler RAPD diketahui melalui indeks similaritas Jaccard menggunakan aplikasi PAST (*Paleontological Statistics*) versi 3.15 (Hammer, 2001) dengan rumus (Jaccard, 1901):

$$S_{Jac} = \frac{\sum_{i=1}^d P_i Q_i}{\sum_{i=1}^d P_i^2 + \sum_{i=1}^d Q_i^2 - \sum_{i=1}^d P_i Q_i}$$

Keterangan:

S_{Jac} = indeks similaritas Jaccard

P_i = skor 1 (muncul band)

Q_i = skor 0 (tidak muncul band).

Penentuan zona pengelompokan kultivar pisang diketahui dengan melakukan analisis *multivariate* yaitu analisis koordinat utama. Prosedur analisis komponen utama dilakukan menggunakan program PAST melalui pilihan menu *multivariate-ordination-principal coordinates Analysis* (PCoA), dengan matriks *eigenvalues and eigenvectors* (Hammer et al. 2001).

3.5.4 Analisis persamaan pita DNA

Analisis pewarisan sifat yang menjelaskan tentang sifat yang diturunkan dari genom 'A' (*Musa acuminata*) maupun genom 'B' (*Musa balbisiana*) kepada masing-masing kultivar pisang dijelaskan melalui analisis deskriptif. Analisis deskriptif mengacu pada ada tidaknya pita DNA yang muncul pada 15 sampel DNA kultivar pisang yang telah diamplifikasi dengan marka molekuler RAPD. Pita DNA yang muncul pada pisang diploid AA dibandingkan dengan pita DNA genom AAA, AAB, dan ABB. Begitu pula pita DNA yang muncul pada pisang diploid BB akan dibandingkan dengan pita DNA genom AAB dan ABB, sehingga dapat diketahui manakah pita DNA yang mengkode genom A dan B.

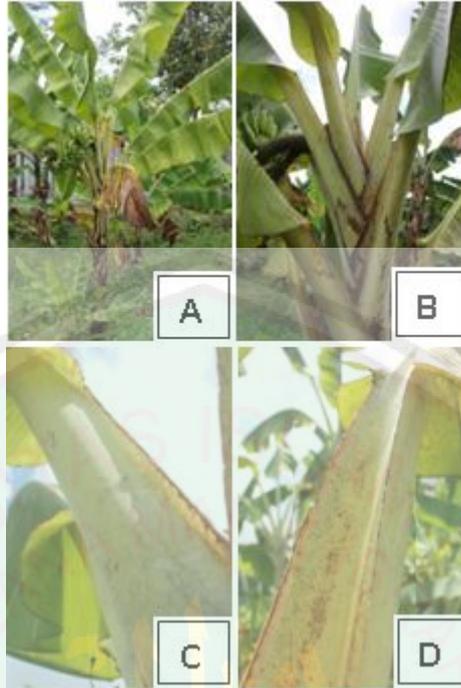
BAB IV HASIL DAN PEMBAHASAN

4.1 Karakterisasi 14 kultivar pisang berdasarkan marka morfologi

Data morfologi 14 kultivar pisang yang diamati menunjukkan bahwa ke-14 kultivar dari genom AA, AAA, AAB, ABB dan BB memiliki karakter morfologi berbeda-beda (*Lampiran 3*). Namun di antara masing-masing genom terdapat karakter yang seragam yang merupakan karakter penciri dari pisang kultivar grup AA atau yang disebut sebagai karakter sinapomorfi (yaitu ciri khas yang diwariskan dan dikembangkan oleh suatu kelompok takson tertentu (Simpson, 1953). Karakter sinapomorfi hanya dimiliki oleh dua atau lebih takson keturunan dan tidak dimiliki oleh kelompok takson lain (Arbi, 2016). Kultivar pisang dari genom AA memiliki 9 karakter sinapomorfi antara lain bentuk susunan daun yang intermediate (Tabel 4.1), susunan daun tidak bertumpuk, tinggi batang kurang dari 2 m, aspek batang ramping, bercak/bintik pada dasar tangkai berupa bintik besar, tepi margin terbuka (Gambar 4.1), lebar margin ≥ 1 , panjang helai daun ≤ 170 cm, dan panjang tangkai (dari batang-helai) ≤ 50 cm (Tabel 4.1).

Tabel 4.1 Karakter sinapomorfi kultivar pisang genom AA

No.	Parameter	Karakter
1.	Bentukan susunan daun	<i>Intermediate</i>
2.	Susunan daun	Tidak bertumpuk
3.	Tinggi batang	< 2 m
4.	Aspek batang	Ramping
5.	Bercak/bintik pada dasar tangkai	Bintik besar
6.	Tepi margin tangkai daun	Terbuka
7.	Lebar margin	≥ 1 cm
8.	Panjang helai daun	≤ 170 cm
9.	Panjang tangkai (dari batang-helai)	≤ 50 cm

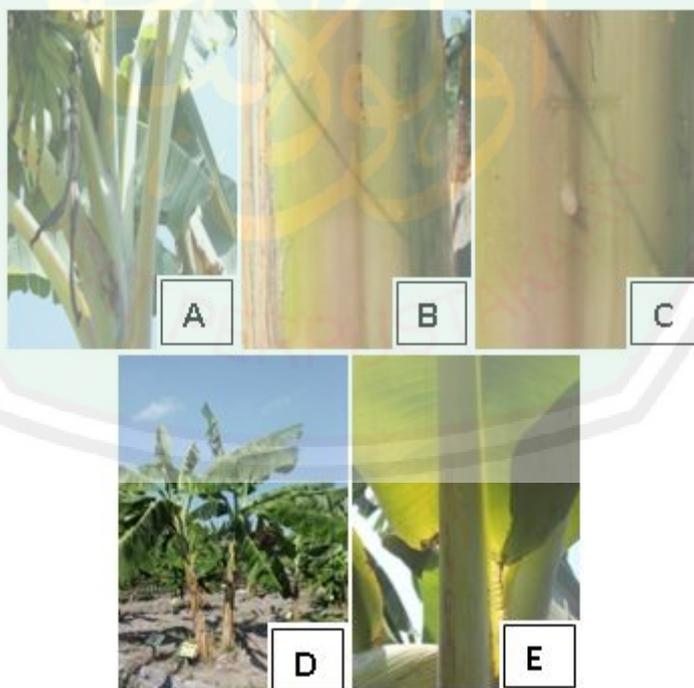


Gambar 4.1 Karakter sinapomorfi kultivar pisang genom AA; A. Bentuk susunan daun yang *intermediate*; B. Susunan daun tidak bertumpuk dan Bercak/bintik pada dasar tangkai berupa bintik besar; C. Tepi margin terbuka; D. Lebar margin lebih ≥ 1 .

Kultivar pisang bergenom AAA memiliki 9 karakter yang seragam, antara lain yaitu susunan daun tidak bertumpuk, aspek batang normal, permukaan batang terang (tidak berlilin), semburat warna batang / pigmentasi berwarna pink, getah berair (watery), posisi anakan jauh dari induk, kenampakan permukaan bawah daun berwarna hijau kekuningan, urat daun sedikit bergaris-garis, dan permukaan ventral tulang daun berwarna hijau terang (Tabel 4.2 dan Gambar 4.2).

Tabel 4.2 Karakter sinapomorfi kultivar pisang genom AAA

No.	Karakter	Keterangan
1.	Susunan daun	Tidak bertumpuk
2.	Aspek batang	Normal
3.	Permukaan batang	Terang (tidak berlilin)
4.	Semburat warna batang/pigmentasi	Pink
5.	Warna getah	Berair (watery)
6.	Posisi anakan	Jauh dari induk
7.	Kenampakan permukaan bawah daun	Hijau kekuningan
8.	Urat daun	Sedikit bergaris garis
9.	Midrib permukaan ventral daun	Hijau terang

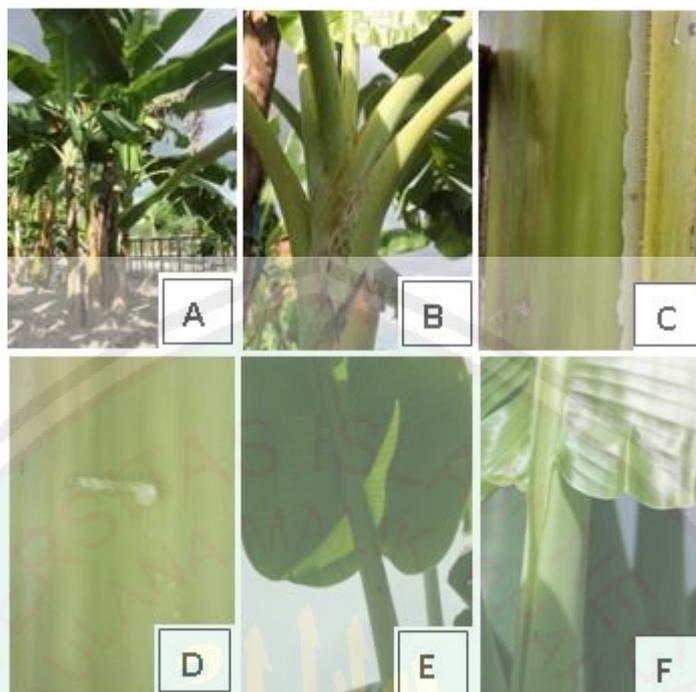


Gambar 4.2 Karakter sinapomorfi kultivar pisang genom AAA; A. Susunan daun tidak bertumpuk; B. Semburat warna batang / pigmentasi berwarna pink; C. Getah berair (watery); D. Posisi anakan jauh dari induk; E. Kenampakan permukaan bawah daun berwarna hijau kekuningan.

Kultivar pisang bergenom AAB memiliki 8 karakter yang seragam, antara lain yaitu bentukan susunan daun *intermediate*, susunan daun normal (tidak bertumpuk), semburat warna/pigmentasi batang berwarna pink, getah berwarna putih susu (*milky*), perkembangan anakan antara $\frac{1}{4}$ - $\frac{3}{4}$ tinggi induk, titik penyisipan helai daun pada tangkai simetri, dasar helai daun berbentuk melengkung pada kedua sisi, dan midrib permukaan ventral berwarna hijau (Tabel 4.3 dan Gambar 4.3).

Tabel 4.3 Karakter sinapomorfi kultivar pisang genom AAB

No.	Karakter	Keterangan
1.	Bentukan susunan daun	<i>Intermediate</i>
2.	Susunan daun	Normal (tidak bertumpuk)
3.	Semburat warna batang/pigmentasi	Pink
4.	Warna getah	Putih susu (<i>milky</i>)
5.	Perkembangan anakan	Antara $\frac{1}{4}$ - $\frac{3}{4}$ tinggi induk
6.	Titik penyisipan helai daun pada tangkai	Simetri
7.	Dasar helai daun	Melengkung pada kedua sisi
8.	Midrib permukaan ventral	Hijau

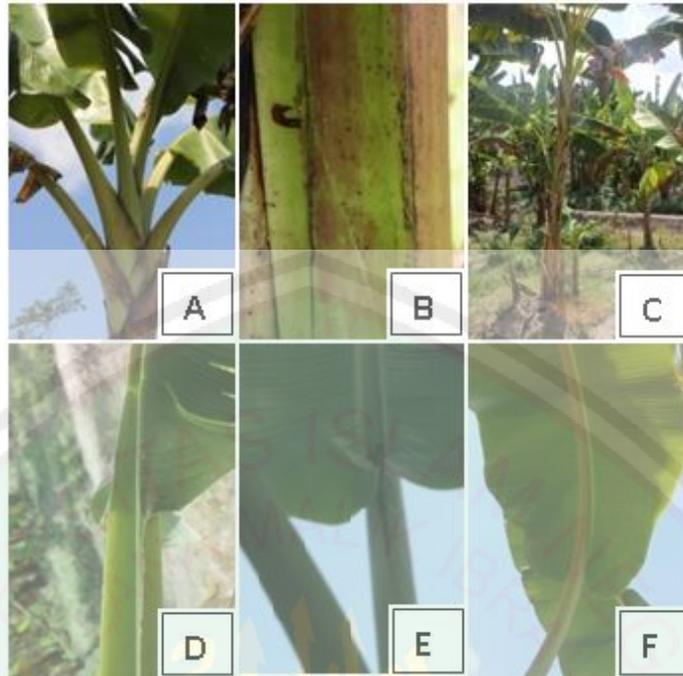


Gambar 4.3 Karakter sinapomorfi kultivar pisang genom AAB; A. bentuk susunan daun *intermediate*; B. Susunan daun tidak bertumpuk; C. Semburat warna batang/pigmentasi berwarna pink; D. Getah berwarna putih susu (milky); E. Dasar helai daun berbentuk melengkung dan simetri pada kedua sisi; F. Midrib ventral daun berwarna hijau.

Kultivar pisang bergenom ABB memiliki 11 karakter yang seragam, antara lain yaitu susunan daun normal (tidak bertumpuk), permukaan batang terang (tidak berlilin), perkembangan anakan antara $\frac{1}{4}$ - $\frac{3}{4}$ tinggi induk, margin tidak kering, margin berwarna hijau namun tepi tidak berwarna, panjang helai daun ≤ 170 cm, panjang tangkai daun 51-70 cm, kenampakan permukaan bawah daun kusam (berlilin), titik penyisipan helai daun pada tangkai simetri, dan urat daun sedikit bergaris-garis (Tabel 4.4 dan Gambar 4.4).

Tabel 4.4 Karakter sinapomorfi kultivar pisang genom ABB

No.	Karakter	Keterangan
1.	Susunan daun	Normal (tidak bertumpuk)
2.	Permukaan batang	Terang (tidak berlilin)
3.	Perkembangan anakan	Antara $\frac{1}{4}$ - $\frac{3}{4}$ tinggi induk
4.	Tipe margin	Tidak kering,
5.	Warna margin	Hijau
6.	Tepi margin	Tidak berwarna
7.	Panjang helai daun	≤ 170 cm
8.	Panjang tangkai daun	51-70 cm
9.	Kenampakan permukaan bawah daun	Kusam (berlilin)
10.	Titik penyisipan helai daun pada tangkai	Simetri
11.	Bentuk urat daun	Sedikit bergaris-garis



Gambar 4.4 Karakter sinapomorfi kultivar pisang genom ABB; A. Susunan daun tidak bertumpuk; B. Permukaan batang terang (tidak berlilin), C. Perkembangan anakan Antara $\frac{1}{4}$ - $\frac{3}{4}$ tinggi induk; D. Margin tidak kering dan tepi margin tidak berwarna; E. Dasar helai daun berbentuk melengkung dan simetri pada kedua sisi; F. Urat daun sedikit bergaris.

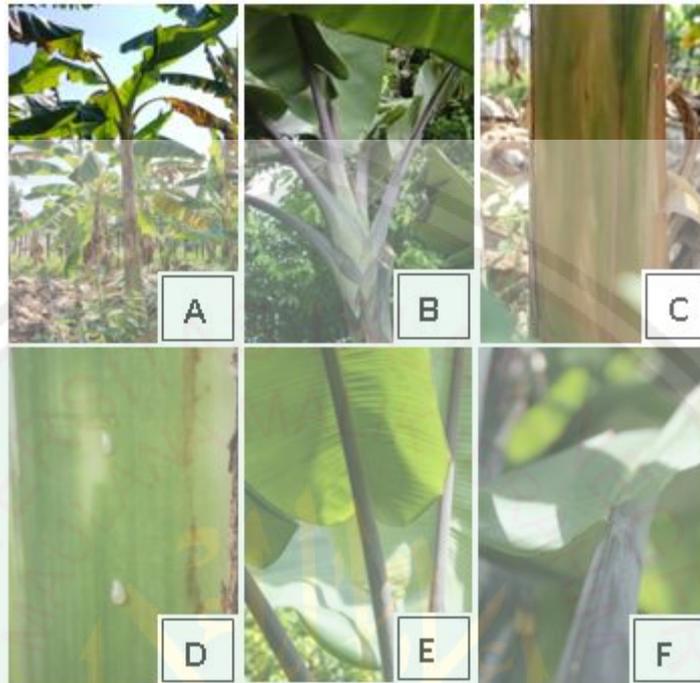
Kultivar pisang bergenom BB memiliki 14 karakter yang seragam, antara lain yaitu bentukan susunan daun intermediate, susunan daun normal (tidak bertumpuk), permukaan batang kusam (berlilin), semburat warna batang/pigmentasi pink keunguan, getah berwarna merah keunguan, bercak/bintik pada dasar tangkai berwarna coklat kehitaman, posisi margin kanal tangkai daun ketiga tumpang tindih, margin tangkai daun tidak bersayap dan memeluk batang, tipe margin tidak kering, lebar margin ≤ 1 cm, permukaan atas daun berwarna hijau tua, kenampakan permukaan bawah daun kusam (berlilin), Titik penyisipan helai daun pada tangkai simetri, dan urat daun sedikit bergaris-garis (Tabel 4.5 dan Gambar 4.5).

Tabel 4.5 Karakter sinapomorfi kultivar pisang genom BB

No.	Karakter	Keterangan
1.	Bentukan susunan daun	<i>Intermediate</i>
2.	Susunan daun	Normal (tidak bertumpuk)
3.	Tipe permukaan batang	Kusam (berlilin)
4.	Semburat warna batang/pigmentasi	Pink keunguan
5.	Warna getah	Merah keunguan
6.	Warna bercak/bintik pada dasar tangkai	Coklat kehitaman
7.	Posisi margin kanal tangkai daun ketiga	Tumpang tindih
8.	Margin tangkai daun	Tidak bersayap dan memeluk batang
9.	Tipe margin	Tidak kering
10.	Lebar margin	≤ 1 cm
11.	Warna permukaan atas daun,	hijau tua
12.	Kenampakan permukaan bawah daun	kusam (berlilin),
13.	Titik penyisipan helai daun pada tangkai	Simetri
14.	Bentuk urat daun	Sedikit bergaris-garis

Pisang liar bergenom BB (Kluthuk Ijo dan Kluthuk Wulung) memiliki 6 karakter yang seragam dengan 3 kultivar bergenom (ABB). Karakter tersebut antara lain yaitu susunan daun, tipe margin, kenampakan permukaan bawah daun, titik penyisipan helai daun pada tangkai, bentuk dasar helai daun, dan bentuk peruratan daun. Hal ini sesuai dengan pendapat Simmonds (1959) yang mengatakan bahwa kultivar pisang bergenom ABB memiliki ekspresi karakter antara kedua tetua pisang *Musa acuminata* dan *Musa balbisiana*, akan tetapi cenderung lebih mendekati ke tetua *Musa balbisiana* dengan cirimorfologi yang menonjol yaitu adanya bercak pada dasar tangkai daun yang pada umumnya

jarang, sedikit, dan beberapa ada yang lebar serta berwarna coklat kehitaman (Valmayor, 2000; Gusmiati, 2018).



Gambar 4.5 Karakter sinapomorfi kultivar pisang genom BB; A. Bentuk susunan daun *intermediate*; B. Susunan daun tidak bertumpuk; C. Permukaan batang terang (tidak berlilin); D. Getah berwarna merah keunguan; E. Dasar helai daun berbentuk melengkung dan simetri pada kedua sisi; F. Posisi margin kanal tangkai daun ketiga tumpang tindih.

Perbedaan mendasar antara pisang liar dan kultivar yang paling mudah diamati adalah adanya biji yang banyak pada pisang Kluthuk Ijo dan Kluthuk Wulung namun tidak dimiliki oleh kultivar pisang bergenom ABB (Gusmiati, 2018). Perbedaan sifat genotip (secara genetik) maupun fenotip (ciri morfologi yang nampak) merupakan bentuk dari ekspresi gen yang juga berbeda-beda. Ekspresi gen yang berbeda-beda pada makhluk hidup sejatinya merupakan manifestasi dari salah satu ayat Al-Quran yakni Surat Al-An'am [6] ayat 141 yang berbunyi:

وَهُوَ الَّذِي أَنشَأَ جَنَّاتٍ مَّعْرُوشَاتٍ وَغَيْرَ مَعْرُوشَاتٍ وَالنَّخْلَ وَالزَّرْعَ مُخْتَلِفًا أَكْلُهُ وَالزَّيْتُونَ وَالرَّمَانَ مُمْتَشَابِهًا
وَوَعْيَرَ مُمْتَشَابِهًا كُلُّوا مِنْ ثَمَرِهِ إِذَا أَثْمَرَ وَآتُوا حَقَّهُ يَوْمَ حَصَادِهِ وَلَا تُسْرِفُوا إِنَّهُ لَا يُحِبُّ الْمُسْرِفِينَ

Artinya: “Dan Dialah yang menjadikan kebun-kebon yang berjunjung dan yang tidak berjunjung, pohon korma, tanam-tanaman yang bermacam-macam buahnya, zaitun dan delima yang serupa (bentuk dan warnanya) dan tidak sama (rasanya). Makanlah dari buahnya (yang bermacam-macam itu) bila dia berbuah, dan tunaikanlah haknya di hari memetik hasilnya (dengan disedekahkan kepada fakir miskin); dan janganlah kamu berlebih-lebihan. Sesungguhnya Allah tidak menyukai orang yang berlebih-lebihan.”(Q.S Al-An’am [6]: 141)

Kalimat inti yang terdapat pada potongan ayat (وَالزَّرْعَ مُخْتَلِفًا أُكْلُهُ وَالزَّيْتُونَ وَالرُّمَّانَ) (مُتَشَابِهًا وَغَيْرَ مُتَشَابِهٍ) yang memiliki arti “tanam-tanaman yang bermacam-macam buahnya, zaitun dan delima yang serupa (bentuk dan warnanya) dan tidak sama (rasanya)” Ayat di atas menyebutkan bahwa kebun ada yang berjunjung dan ada yang tidak berjunjung, adanya tanaman yang bermacam-macam buahnya, dan adanya tumbuhan yang sama tetapi berbeda. Ayat-ayat tersebut secara implisit memberi isyarat agar manusia melakukan kajian taksonomi tumbuhan dengan cara membuat kelompok-kelompok atau kelas-kelas pada tumbuhan. Sebagaimana yang telah dilakukan pada penelitian kali ini, dimana mengelompokkan kultivar pisang dilihat berdasarkan karakter morfologi maupun secara genetik. Ini merupakan salah satu cara untuk mempelajari betapa kekuasaan Allah SWT itu sungguh luar biasa.

Ayat tersebut juga mengungkapkan secara tersirat bagaimana fenomena genetik terjadi. Mengapa tanaman bisa memiliki jenis yang beragam, terdapat pula tanaman yang memiliki bentuk serupa (secara fenotip) akan tetapi memiliki rasa yang berbeda (secara genotip). Keanekaragaman tersebut ketika diamati lebih seksama akan mengungkap perbedaan dan persamaan yang ada pada tumbuh-tumbuhan. Perbedaan-perbedaan tersebut terlihat secara sistematis dan unik menunjukkan penciptaan tumbuhan yang menakjubkan. Semakin banyak perbedaan (secara genotip maupun fenotip) yang dimiliki oleh suatu tumbuhan menjadikannya menempati posisi tersendiri sebagai jenis yang berbedadari jenis yang lainnya. Begitu pula semakin banyak persamaan yang dimiliki oleh suatu tumbuhan (secara genotip maupun fenotip) menjadikannya “kerabat” dekat bahkan dapat dikatakan sejenis atau satu spesies. Al-Qur’an tidak hanya memberi isyarat tentang keanekaragaman tumbuhan sebatas informasi bahwa tumbuhan itu bermacam-macam saja, akan tetapi juga memberi isyarat agar mempelajari dan memperhatikan bagaimana tumbuhan itu dibeda-bedakan (Rossidi, 2014).

Hasil karakterisasi secara morfologi juga dibuktikan dengan analisis pengelompokan (*clustering*). Analisis *Clustering* genom ke 14 kultivar pisang berdasarkan marka morfologi dapat diketahui dari nilai koefisien similaritas (nilai kesamaan) antar kultivar pisang tersebut. Nilai koefisien similaritas pada analisis pengelompokan kali ini berkisar antara 0,69- 0,92 (Tabel 4.6). Nilai terendah (0,69) terdapat pada kultivar pisang Kojo Santen (P4) yang bergenom AAA dengan kultivar pisang Kluthuk Wulung (P14) yang bergenom BB dan hanya memiliki 8 karakter yang sama. Hal ini mengindikasikan bahwa kedua pisang tersebut memiliki hubungan kekerabatan yang jauh jika dianalisis dari segi morfologinya. Sedangkan nilai koefisien similaritas tertinggi (0,92) ditemukan pada dua pasang kultivar pisang yakni pisang Berlin (P3) yang bergenom AA dengan pisang Ambon Hong (P5) yang bergenom AAA; dengan 21 karakter yang sama, juga pada pisang Brentel Warangan (P9) yang bergenom AAB dengan pisang Saba Awu (P10) yang bergenom ABB; dengan 24 karakter yang sama (Tabel 4.6). Berdasarkan nilai koefisien similaritas tersebut dapat diketahui bahwa antara kultivar pisang Berlin dan pisang Ambon Hong, juga antara kultivar pisang Brentel Warangan dan pisang Saba Awu memiliki hubungan kekerabatan yang dekat secara morfologis.

Nilai koefisien similaritas digunakan untuk menunjukkan seberapa dekat hubungan kekerabatan antar 14 kultivar pisang terutama hubungan kekerabatan antar kultivar pisang dengan genom yang sama. Semakin dekat hubungan kekerabatan antar kultivar ditandai dengan semakin besar nilai koefisien similaritasnya (mendekati satu). Semakin jauh hubungan kekerabatan antar kultivar ditandai dengan semakin kecil (mendekati nol) nilai koefisien similaritasnya (Wijayanto, 2013). Suatu kelompok dikatakan memiliki hubungan kekerabatan yang jauh apabila jarak kemiripan (koefisien similaritas)nya kurang dari 0,60 atau 60% (Trimanto, 2012), sehingga jika nilai koefisien similaritasnya 0,6 atau di atasnya, maka kelompok tersebut dapat dikatakan memiliki hubungan kekerabatan yang dekat.

Tabel 4.6 Nilai Koefisien Similaritas *Bray-Curtis* 14 Kultivar Pisang

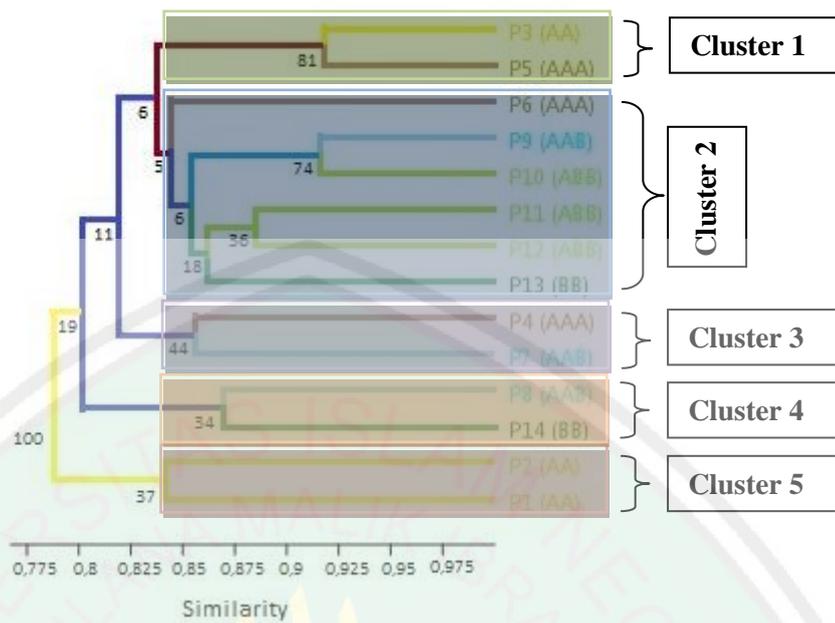
Pisang	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14
Pisang Rejang (AA)	1													
Pisang Mas (AA)	0,84	1												
Pisang Berlin (AA)	0,81	0,79	1											
Pisang Kojo Santen(AAA)	0,78	0,83	0,81	1										
Pisang Ambon Hong (AAA)	0,77	0,78	0,92	0,83	1									
Pisang Morosebo (AAA)	0,84	0,82	0,82	0,85	0,83	1								
Pisang Raja Seribu (AAB)	0,74	0,81	0,83	0,86	0,81	0,83	1							
Pisang Triolin (AAB)	0,86	0,75	0,84	0,78	0,85	0,83	0,79	1						
Pisang Brentel Warangan (AAB)	0,77	0,77	0,84	0,83	0,87	0,84	0,83	0,86	1					
Pisang Saba Awu (ABB)	0,78	0,76	0,84	0,82	0,84	0,86	0,84	0,87	0,92	1				
Pisang Ebung (ABB)	0,81	0,77	0,87	0,81	0,88	0,84	0,82	0,81	0,85	0,84	1			
Pisang Raja Bandung (ABB)	0,79	0,77	0,82	0,83	0,81	0,85	0,82	0,82	0,87	0,87	0,89	1		
Pisang Kluthuk Ijo (BB)	0,84	0,78	0,84	0,79	0,80	0,83	0,79	0,82	0,83	0,87	0,87	0,86	1	
Pisang Kluthuk Wulung (BB)	0,81	0,70	0,80	0,69	0,82	0,76	0,72	0,87	0,79	0,81	0,81	0,78	0,83	1

Keterangan: Jalur/Kolom 1. Pisang Rejang (AA) 2. Pisang Mas (AA) 3. Pisang Berlin (AA) 4. Pisang Kojo Santen (AAA) 5. Pisang Ambon Hong (AAA) 6. Pisang Morosebo (AAA) 7. Pisang Raja Seribu (AAB) 8. Pisang Triolin (AAB) 9. Pisang Brentel Warangan (AAB) 10. Pisang Soba Awu (ABB) 11. Pisang Ebung (ABB) 12. Pisang Raja Bandung (ABB) 13. Pisang Kluthuk Ijo (BB) 14. Pisang Kluthuk Wulung (BB).

Hasil analisis *clustering* berdasarkan data karakter morfologi pada 14 kultivar pisang dengan berbagai genom ini menghasilkan dendogram yang terbagi menjadi 4 *cluster*. Penentuan *cluster* pada penelitian kali ini berdasarkan pada nilai minimum koefisien similaritas yakni 0,84. Jika nilai koefisien similaritas $\geq 0,84$, maka kultivar pisang dianggap satu kelompok, namun jika $< 0,84$ maka kultivar pisang dianggap berbeda kelompok. *Cluster 1* diisi oleh kultivar pisang Berlin (P3) dan Pisang Ambon Hong (P5). *Cluster 2* diisi oleh pisang Morosebo (P6), pisang Brentel Warangan (P9), pisang Saba Awu (P10), pisang Ebung (P11), pisang Raja Bandung (P12), dan Pisang Kluthuk Ijo (P13). *Cluster 3* diisi oleh kultivar pisang Kojo Santen (P4) dan pisang Raja Seribu (P7). *Cluster 4* diisi oleh kultivar pisang Triolin (P8) dan pisang Kluthuk Wulung (P14), sedang *cluster 5* diisi oleh kultivar pisang Rejang (P1) dan pisang Mas (P2) (Gambar. 4.6).

Hasil dendogram menunjukkan ke-14 kultivar pisang dari genom AA, AAA, AAB,ABB, dan BB tersebut tidak dapat mengelompok berdasarkan genom. Hal ini terbukti dari tersebarnya kelompok genom A (AA dan AAA) maupun genom B (AAB, ABB, dan BB) terutama pada *cluster* 1 dan 2. Pada *cluster* 1, sampel kultivar pisang Berlin (P3) yang bergenom AA dan pisang Ambon Hong (P5) yang bergenom AAA berkumpul membentuk satu *clad* dengan nilai koefisien similaritas tertinggi yakni 0,92 (Tabel 4.6). Kedua pisang tersebut memiliki 21 karakter yang sama dan memiliki ciri khusus yang hampir tidak dimiliki oleh pisang lainnya, yakni bentuk dasar helai daun yang asimetri (satu sisi lurus dan satu sisi melengkung) dan memiliki tipe margin tangkai tidak bersayap dan tidak memeluk batang. Kultivar pisang Morosebo (P6), Brentel Warangan (P9), Saba Awu (P10), Ebung (P11), Raja Bandung (P12), dan pisang Kluthuk Ijo (P13) membentuk satu *clad* pada *cluster* 2 dengan nilai koefisien similaritas 0,84.

Dilihat dari hasil karakterisasi morfologi, keenam kultivar pisang tersebut memiliki 7 karakter yang sama serta memiliki ciri khusus yang sama yang tidak dimiliki oleh kultivar pisang yang lain yaitu margin berwarna hijau dan tidak kering. Dari sini dapat diketahui bahwa keenam kultivar pisang tersebut walaupun berasal dari genom yang berbeda-beda, akan tetapi masih memiliki kedekatan berdasarkan hasil karakterisasi dengan marka morfologi. Salah satu contohnya yakni pada pisang Kluthuk Ijo yang memiliki genom berbeda dengan pisang Ebung dan Raja Bandung, akan tetapi secara morfologi masih memiliki kesamaan. Ketiga kultivar pisang tersebut diketahui berasal dari kelompok genom yang sama yakni genom B dan dapat dipastikan berasal dari tetua pisang liar *Musa balbisiana*. Begitu pula pada kultivar pisang Brentel Warangan (AAB) dan pisang Saba Awu (ABB). Walaupun memiliki genom yang berbeda, akan tetapi keduanya masih dalam satu kelompok genom yang sama yakni genom B.

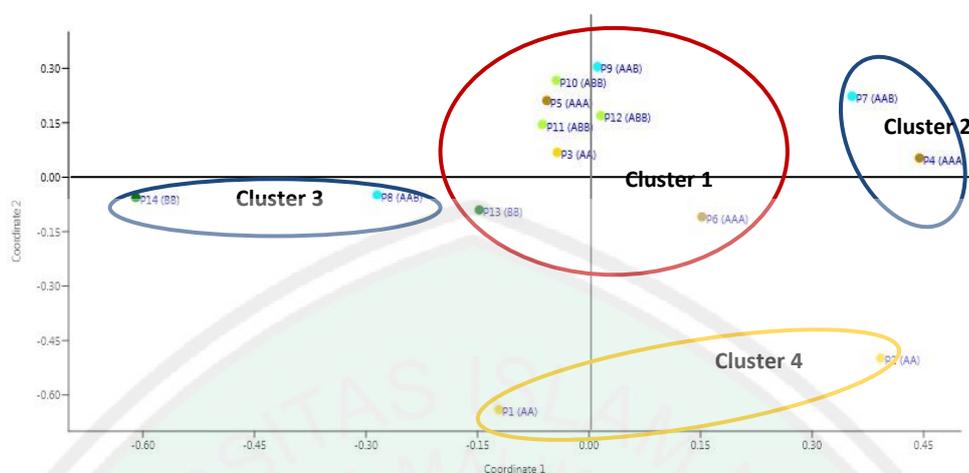


Gambar 4.6 Dendrogram 14 kultivar pisang berdasarkan genom menggunakan marka morfologi

Cluster 3 ditempati oleh kultivar pisang Kojo Santen (P4) dari genom AAA dan pisang Raja Seribu (P7) dari genom AAB. Kedua kultivar pisang tersebut memiliki nilai koefisien similaritas sebesar 0,86; dengan 18 karakter yang sama. Karakter seragam yang dimiliki oleh kedua pisang tersebut dan tidak dimiliki oleh kultivar lain yakni warna permukaan atas daun yang hijau kekuningan dan memiliki kandungan lilin yang sangat sedikit pada permukaan bawah daun. Kultivar pisang tersebut memiliki genom yang berbeda yakni AAA dan AAB, akan tetapi dikumpulkan dalam satu *cluster* bahkan dalam satu *clad* (Gambar 4.6). Hal ini menunjukkan bahwa karakterisasi berdasarkan marka morfologi yang dilakukan saat ini terkadang tidak sesuai dengan hasil karakterisasi yang sebelumnya pernah dilakukan. Hal ini dikarenakan pengamatan yang dilakukan masih terbatas pada sudut pandang dari masing-masing peneliti sehingga bersifat subyektif (Guzow-Krzeminsk, 2001; Retnoningsih, 2011) dan cenderung bersifat terbatas (menyesuaikan karakter morfologi yang ada saat pengamatan di lapangan) (Gusmiati, 2018).

Kultivar pisang Triolin (P8) yang bergenom AAB dan pisang Kluthuk Wulung (P14) yang bergenom BB berkelompok dalam satu *clad* dan keduanya terhimpun dalam *Cluster* 4 (Gambar 4.6). Nilai koefisien similaritas kedua kultivar tersebut yakni sebesar 0,87 dan memiliki 18 karakter yang sama. Kedua kultivar pisang tersebut juga memiliki karakter yang membedakannya dengan kultivar pisang yang lain yakni memiliki panjang helai daun antara 221-260 cm. *Cluster* 5 ditempati oleh kultivar pisang Rejang (P1) dan pisang Mas (P2) yang sama-sama bergenom AA dan berkumpul dalam satu *clad*. Keduanya memiliki nilai koefisien similaritas sebesar 0,84 dengan 17 karakter yang sama. Pisang Rejang dan pisang Mas memiliki karakter yang membedakannya dengan kultivar lain yaitu warna batangnya merah keunguan, memiliki warna dasar batang yang dominan merah keunguan, dan semburat warna batangnya yang juga merah keunguan. Berdasarkan hasil analisis tersebut dapat diketahui bahwa hasil identifikasi berdasarkan karakter morfologi belum dapat mengelompokkan kultivar pisang berdasarkan genomnya. Hal ini terbukti dengan kultivar pisang Triolin dan pisang Kluthuk Wulung yang memiliki genom berbeda namun nilai koefisien similaritas yang lebih besar jika dibandingkan dengan pisang Rejang dan pisang Mas yang jelas memiliki genom sama (Tabel 4.6).

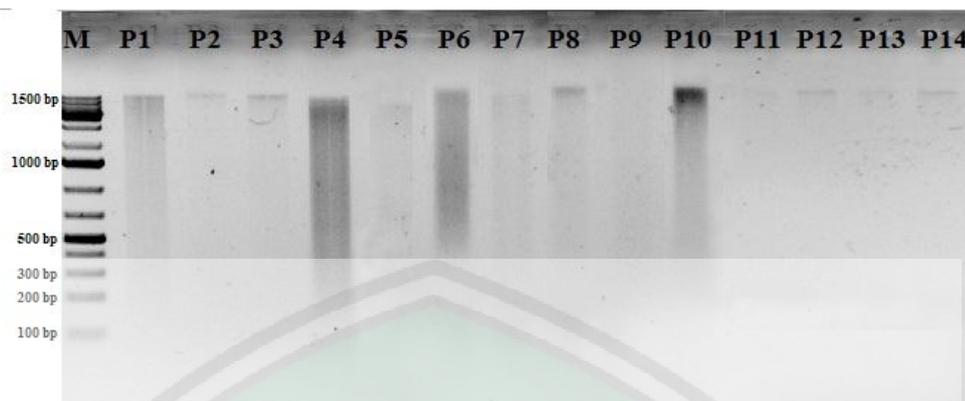
Langkah terakhir dari analisis *clustering* selanjutnya dikonfirmasi dengan analisis *Principal coordinates* (PCoA) menggunakan *scatter plot* untuk memperjelas hasil pengelompokan. Analisis PCoA menghasilkan pengelompokan yang sama dengan hasil analisis dendogram (Gambar 4.7). Hasil tersebut menimbulkan dugaan akan adanya diferensiasi genetik antar kultivar pisang raja. Salah satu faktor penyebab diferensiasi genetik adalah adanya faktor luar seperti: isolasi geografis dan fragmentasi habitat serta faktor dalam seperti mutasi, *genetic drift* (hanyutan genetik), dan *gene flow* (aliran gen) (Slatkin, 1987).



Gambar 4.7 Hasil *scatter plot* analisis PCoA dari 14 sampel kultivar Pisang berdasarkan marka morfologi

4.2 Karakterisasi 14 kultivar pisang berdasarkan marka molekuler RAPD

Uji kualitatif hasil ekstraksi DNA menghasilkan pita DNA dengan ketebalan yang bermacam-macam, mulai dari tipis, sedang, hingga tebal dengan panjang pita DNA mencapai 1500 bp (Gambar 4.8). Hasil isolasi DNA yang menghasilkan pita DNA tipis antara lain yaitu P1, P2, P3, P5, P7, P8, P11, P12, P13, dan P14, sedangkan sampel kultivar pisang yang menghasilkan pita DNA tebal yaitu P4, P6, dan P10. Dari ketebalan pita DNA ini dapat diketahui konsentrasi DNA tiap sampelnya. Pita DNA yang tebal menunjukkan konsentrasi DNA yang tinggi, sedangkan pita DNA yang tipis menunjukkan konsentrasi DNA yang rendah. Seperti pada pita DNA sampel P4, P6, dan P10 yang merupakan 3 sampel dengan konsentras DNA tertinggi, yakni masing-masing sebesar 103,92ng/ μ L, 126,19ng/ μ L, dan 117,3 ng/ μ L (Tabel 4.8).



Gambar 4.8 Visualisasi hasil ekstraksi DNA *whole genome*; P1. Pisang Rejang (AA); P2. Pisang Mas (AA); P3. Pisang Berlin (AA); P4. Pisang Kojo Santen (AAA); P5. Pisang Ambon Hong (AAA); P6. Pisang Morosebo (AAA); P7. Pisang Raja Seribu (AAB); P8. Pisang Triolin (AAB); P9. Pisang Brentel Warangan (AAB); P10. Pisang Sobo Awu (ABB); P11. Pisang Ebung (ABB); P12. Pisang Raja Bandung (ABB); P13. Pisang Kluthuk Ijo (BB); P14. Pisang Kluthuk Wulung (BB)

Hasil isolasi DNA menunjukkan terdapat 50% pita DNA yang masih mengalami *smear*. *Smear* yang muncul pada visualisasi DNA menunjukkan adanya kontaminasi dari RNA, protein, maupun kontaminan yang lain (Hidayati, 2016). Selain itu terdapat beberapa faktor lain yang juga dapat mempengaruhi hasil visualisasi pita DNA, antara lain yaitu panjang gelombang UV yang digunakan, waktu elektroforesisi, jenis dan kondisi transilluminator, posisi tatakan gel yang dapat menghalangi sinar UV, serta reagen yang digunakan untuk memendarkan pita DNA (Rand, 1996 dan Lee, 2012).

Kemurnian DNA hasil isolasi berkisar antara 0,63 hingga 2,76 (Tabel 4.7). Kemurnian terendah ditunjukkan oleh sampel P1 (pisang Rejang) yakni sebesar 0,63, sedangkan kemurnian tertinggi ditunjukkan oleh sampel P8 (pisang Triolin) yakni sebesar 2,76 (Tabel 4.7). Akan tetapi besarnya nilai kemurnian DNA suatu sampel tidak berarti menunjukkan tingkat kemurnian DNA yang baik. Karena tingkat kemurnian DNA dapat dikatakan baik jika memiliki nilai rasio *Optical Density* (OD) 260/280 nm antara 1,8-2,0 (Sambrook et al., 1989; Pereira, 2011). Jika nilai OD sampel DNA berada dibawah 1,8 maka menunjukkan adanya

kontaminasi protein (Inglis, 2018), sedangkan jika nilai OD diatas 2,0 maka menunjukkan DNA terkontaminasi oleh RNA (Pandey, 2015).

Sampel kultivar pisang memiliki tingkat kemurnian DNA terbaik (dengan nilai OD antara 1,8-2,0) ditunjukkan oleh sampel P3 (pisang Berlin) dan P13 (pisang Kluthuk), yang mana masing-masing memiliki nilai OD sebesar 1,97 dan 1,92 (Tabel 4.7). Hasil visualisasi juga menunjukkan kedua sampel tersebut menghasilkan pita DNA yang tidak mengalami *smear* (Gambar 4.8). Akan tetapi konsentrasi DNA yang dihasilkan oleh kedua sampel tersebut tergolong masih di bawah sampel-sampel yang lain, yakni sebesar 27, 37 ng/ μ L dan 48,10 ng/ μ L. Sampel P6 (pisang Morosebo) yang memiliki nilai OD kurang begitu baik (2,18) diketahui menunjukkan nilai konsentrasi tertinggi yakni sebesar 126,19 ng/ μ L (Tabel 4.7). Hal ini menunjukkan bahwa nilai kemurnian DNA tidak mempengaruhi nilai konsentrasi DNA yang dihasilkan.

Amplifikasi PCR RAPD menghasilkan pita polimorfik pada 14 kultivar pisang. Panjang pita DNA yang dihasilkan pada masing-masing primer berkisar antara 100 hingga 1400 bp (Gambar 4.11). Keberhasilan ke 20 primer dalam mengamplifikasi pita polimorfik DNA, menunjukkan bahwa primer tersebut dapat digunakan untuk menganalisis keragaman genetik kultivar pisang. Keberhasilan dalam amplifikasi pita DNA ini juga karena dipengaruhi oleh beberapa faktor, antara lain yaitu kualitas DNA genom, primer yang digunakan, konsentrasi larutan, serta pengaturan suhu pada siklus PCR terutama pada suhu *annealing* (Brown 1991).

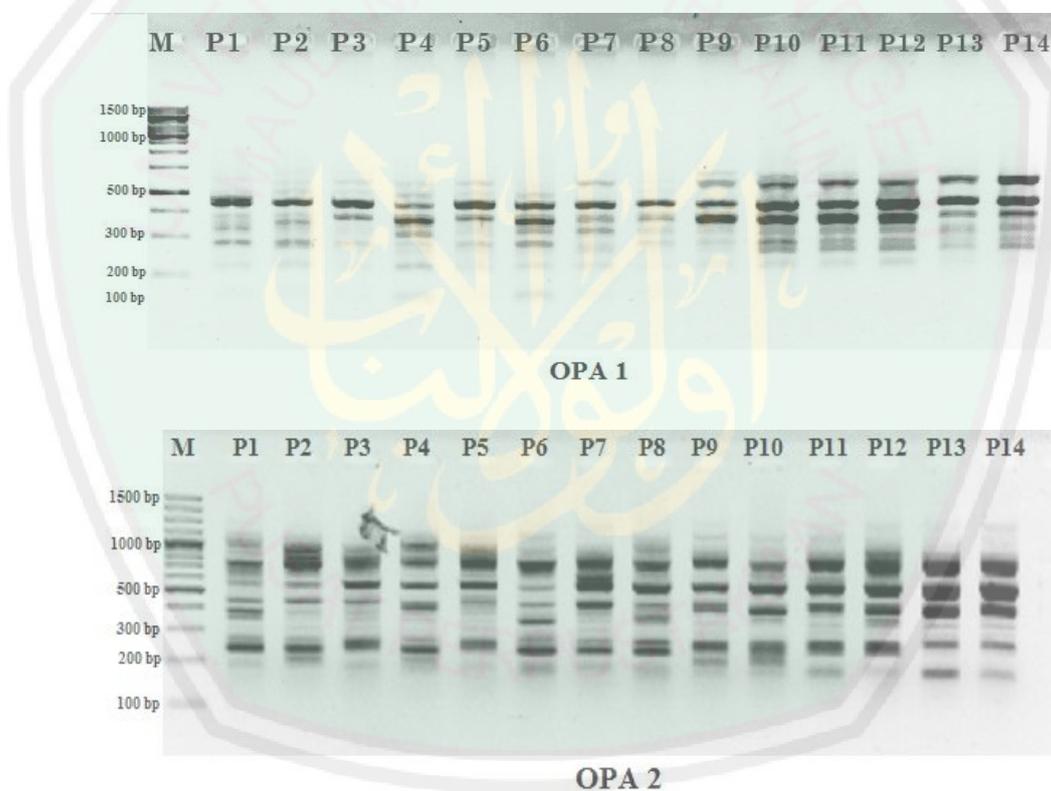
Hasil amplifikasi PCR RAPD menunjukkan adanya *band* DNA yang bermacam-macam (Gambar 4.11). *Band* atau pita yang terbentuk terdiri dari dua jenis yakni pita DNA polimorfik dan pita DNA monomorfik. Pita polimorfik adalah pita yang hanya terbentuk pada sebagian sampel, sedangkan pita monomorfik adalah pita yang terbentuk pada semua sampel kultivar pisang. Banyaknya pita polimorfik yang terbentuk menandakan tingginya tingkat keragaman genetik pada sampel kultivar pisang tersebut. Hal ini dapat dijadikan sebagai indikator untuk mengelompokkan kultivar pisang berdasarkan genomnya melalui panjang pita DNA yang dihasilkan.

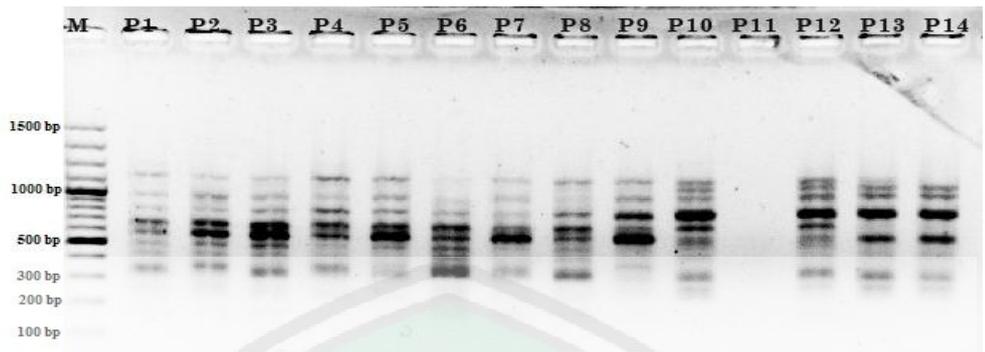
Pita DNA monomorfik yang ditemukan antara lain pada primer OPA 1 (250 bp, 350 bp, 400 bp), OPA 2 (250 bp, 500 bp, 700 bp), OPA 4 (450 bp), OPA 6 (1200 bp), OPA 8 (550 bp, 650bp), OPA 12 (400 bp, 1125 bp), OPA 15 (500 bp), OPA 16 (600 bp), dan OPA 17 (600 bp) (*Lampiran 4*). Pita monomorfik tersebut menunjukkan adanya sifat yang sama dari ke-14 sampel kultivar pisang yang digunakan. Pita tersebut dapat dijadikan sebagai penanda yang dimiliki oleh seluruh kultivar pisang. Namun marka molekuler RAPD tidak dapat menjelaskan secara lebih spesifik terkait sifat yang dikode oleh *band* DNA yang terbentuk tersebut. Ini merupakan salah satu kelemahan dari marka molekuler RAPD karena tidak terkait dengan wilayah gen (Sharma, 2018).

Tabel 4.7 Hasil Pengukuran Uji Kuantitatif Ekstraksi DNA

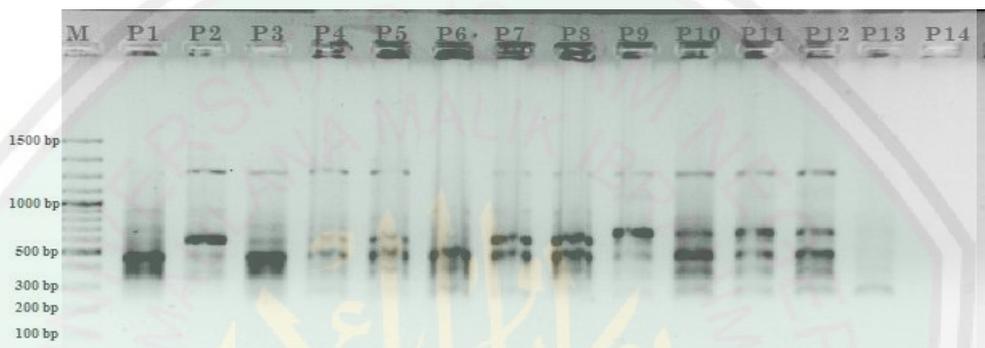
No.	Kode	Nama Kultivar	Kemurnian (260/280)	Konsentrasi (ng/ μ L)
1	P1	Pisang Rejang	0,63	10,82
2	P2	Pisang Mas	1,34	6,01
3	P3	Pisang Berlin	1,97	27,37
4	P4	Pisang Kojo Santen	1,71	103,92
5	P5	Pisang Ambon Hong	0,76	6,76
6	P6	Pisang Morosebo	2,18	126,19
7	P7	Pisang Raja Seribu	0,93	8,50
8	P8	Pisang Triolin	2,76	48,85
9	P9	Pisang Brentel Warangan	0,81	11,61
10	P10	Pisang Saba Awu	2,15	117,3
11	P11	Pisang Ebung	1,22	15,80
12	P12	Pisang Raja Bandung	1,71	35,47
13	P13	Pisang Kluthuk Ijo	1,92	48,10
14	P14	Pisang Kluthuk Wulung	1,73	27,70

Selain menghasilkan *band* DNA yang monomorfik, hasil amplifikasi PCR juga berhasil menunjukkan *band-band* polimorfik. *Band* polimorfik ini ditunjukkan hampir di semua primer RAPD. Tingginya polimorfisme *band* DNA menunjukkan tingginya keragaman genetik pada suatu organisme (Pratiwi, 2012). Adapun primer yang menghasilkan *band* polimorfik tertinggi adalah primer OPA 7 yakni sejumlah 16 *band* yang terbentuk (Tabel 4.9; Gambar 4.11). Hal ini menunjukkan bahwa terdapat keragaman genetik yang tinggi pada sampel kultivar pisang yang diamati pada penelitian kali ini.

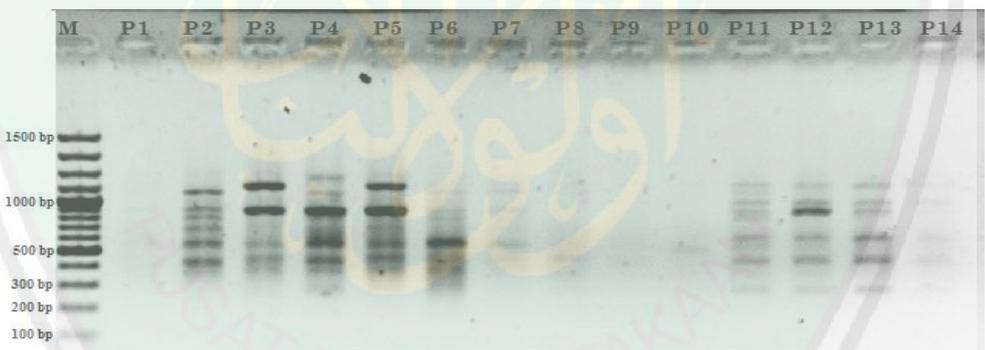




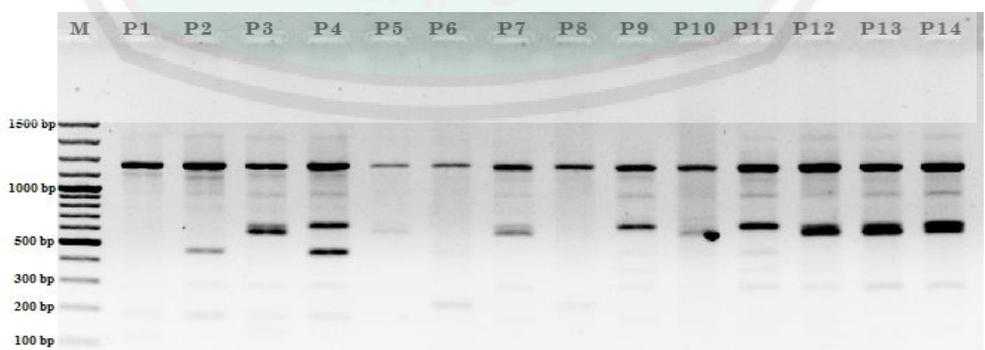
OPA 3



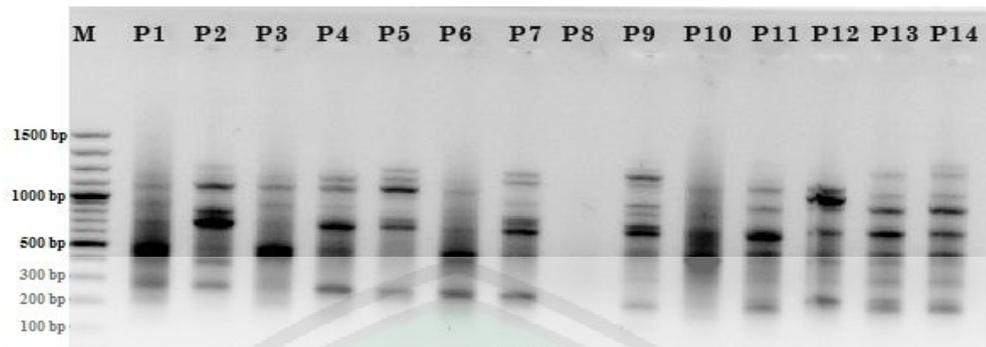
OPA 4



OPA 5



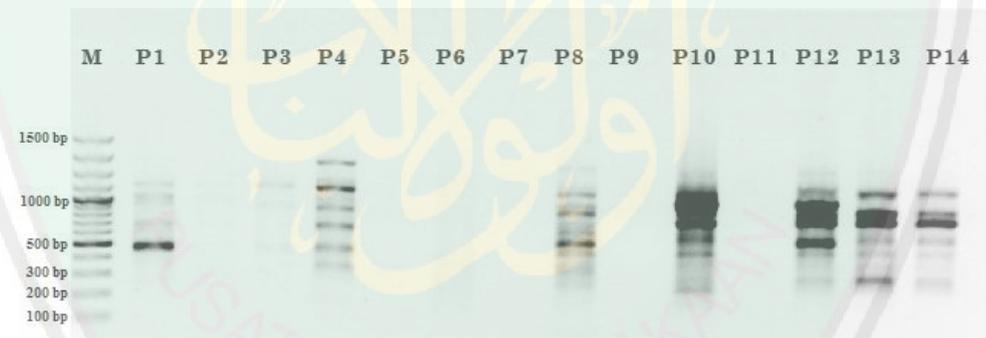
OPA 6



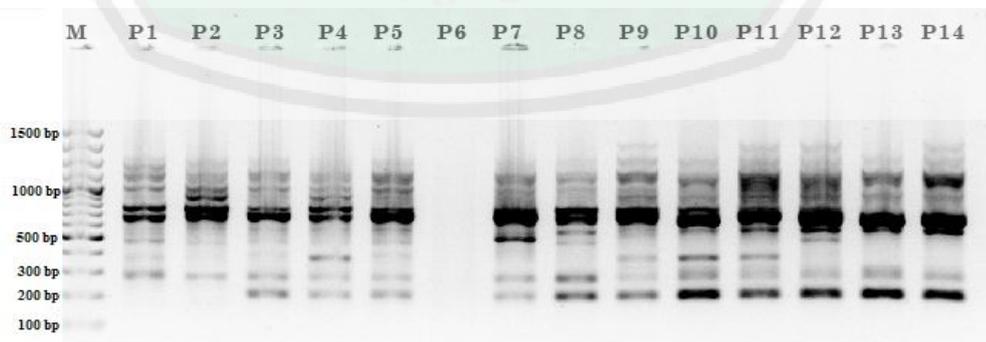
OPA 7



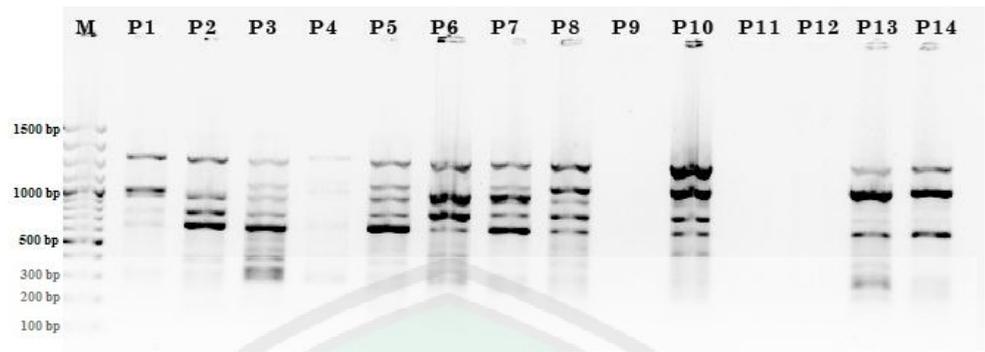
OPA 8



OPA 9



OPA 10



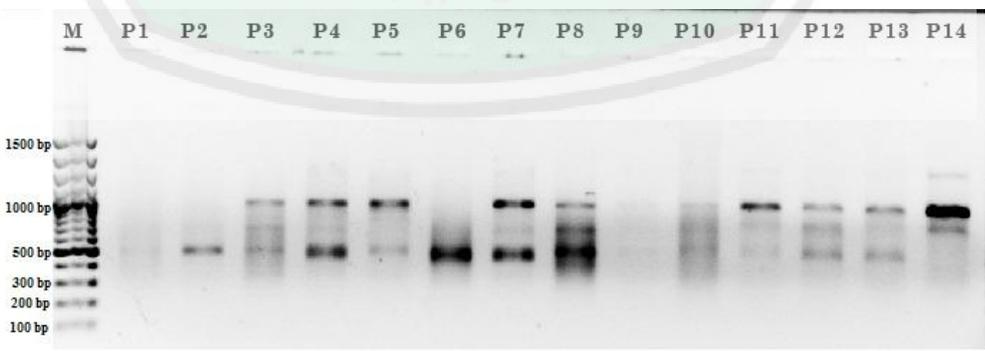
OPA 11



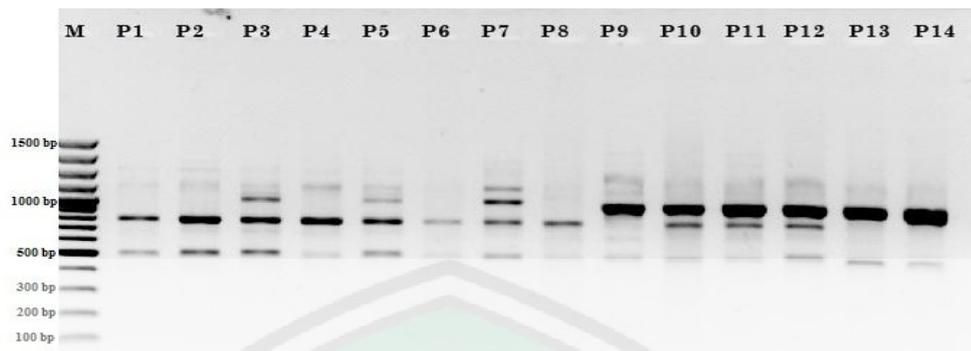
OPA 12



OPA 13



OPA 14



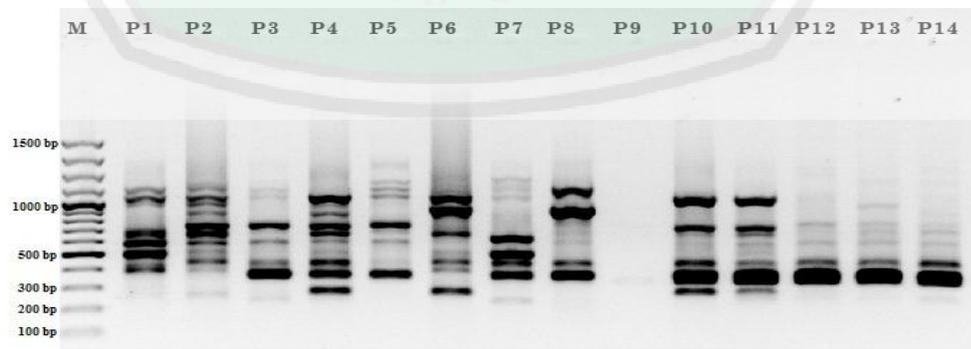
OPA 15



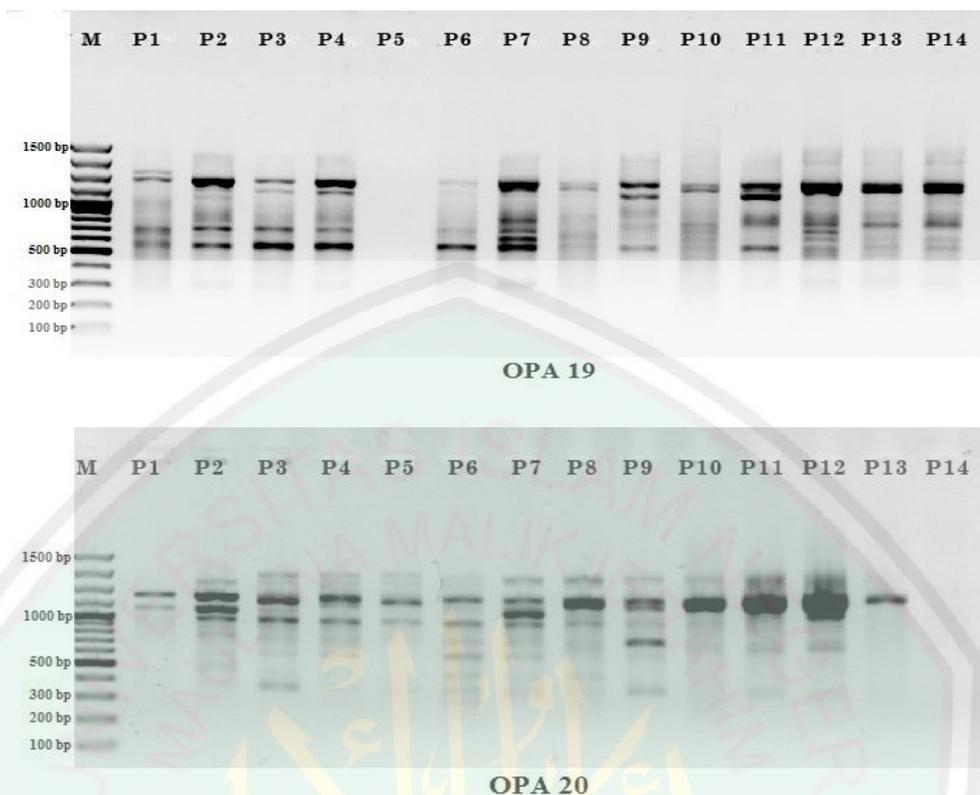
OPA 16



OPA 17



OPA 18



Gambar 4.9 Pita DNA hasil amplifikasi RAPD primer 1-20; P1. Pisang Rejang (AA); P2. Pisang Mas (AA); P3. Pisang Berlin (AA); P4. Pisang Kojo Santen (AAA); P5. Pisang Ambon Hong (AAA); P6. Pisang Morosebo (AAA); P7. Pisang Raja Seribu (AAB); P8. Pisang Triolin (AAB); P9. Pisang Brentel Warangan (AAB); P10. Pisang Sobo Awu (ABB); P11. Pisang Ebung (ABB); P12. Pisang Raja Bandung (ABB); P13. Pisang Kluthuk Ijo (BB); P14. Pisang Kluthuk Wulung (BB).

Hasil karakterisasi *band* DNA juga menunjukkan adanya *band-band* unik yang hanya ditemukan pada primer tertentu dan pada panjang *base pair* (bp) tertentu. *Band* unik yang dihasilkan pada penelitian kali ini dapat menjadi penanda khusus yang hanya dimiliki oleh kultivar pisang tertentu. Beberapa *band-band* unik yang berhasil teramplifikasi antara lain yaitu ditemukan pada kultivar pisang dengan genom AA, AAA, AAB, dan ABB dan tidak teramplifikasi pada kultivar pisang bergenom BB saja. *Band-band* tersebut antara lain ditemukan pada primer OPA 8 pada panjang 450 bp, OPA 16 pada panjang 600 bp, dan OPA 17 pada panjang 800 bp (Gambar 4.11). Hal ini dapat menjadi indikasi bahwa pada

primer OPA 8 dengan panjang *base pair* 450 bp, OPA 16 pada panjang *base pair* 600 bp, dan OPA 17 pada panjang *base pair* 800 bp merupakan *band* yang menjadi penanda karakter yang dimiliki oleh pisang kultivar, dan tidak dimiliki oleh pisang liar seperti pisang Kluthuk Ijo dan Kluthuk Wulung yang bergenom BB. *Band* unik lainnya juga ditemukan pada primer OPA 2 pada panjang pita 350 bp. Pada panjang sekuen DNA tersebut ditemukan *band* DNA bertumpuk dan cenderung lebih tebal dari *band* yang lain. *Band* ini hanya ditemukan pada sampel kultivar pisang Kluthuk Ijo (P13) dan Kluthuk Wulung (P14). Dari situ dapat diketahui bahwa pada panjang *band* DNA 350 bp terdapat *band* DNA unik yang dapat menjadi penanda karakter khusus pada kultivar pisang bergenom BB sehingga dapat membedakannya dengan yang lain.

Ada pula *band* unik yang muncul hanya pada kultivar pisang dari genom AA dan AAA saja, yakni pada primer OPA 8 dan pada panjang *base pair* 250 bp. Hal ini dapat menjadi indikasi bahwa *band* tersebut merupakan *band* penyandi genom A pada kultivar pisang yang diteliti. *Band* unik yang terakhir ditemukan pada primer OPA 17 dan panjang *base pair* 1200 bp (Gambar 4.11) dan pada primer OPA 12 pada panjang *base pair* 475 bp. *Band* ini sedikit lebih tebal dari *band* yang lain, dan hanya ditemukan pada sampel kultivar pisang dari genom AAB, ABB, dan BB saja. Hal ini dapat menjadi indikasi bahwa *band* tersebut merupakan *band* penyandi genom B pada kultivar pisang yang diteliti.

Total *Number of Bands* (TNB) yang terbentuk dari ke 20 primer adalah sejumlah 232 *band* (Tabel 4.12) dengan ukuran yang bervariasi, yakni berkisar antara 100 hingga 1400 bp (Gambar 4.11). Total *band* polimorfisme yang terbentuk dari keseluruhan *band* adalah sejumlah 216 *band* dengan nilai rata-rata tiap primernya adalah sebesar 10,8 *band*. Total *band* yang muncul paling banyak ditemukan pada primer OPA 7 yakni sejumlah 16 *band* (Tabel 4.9). Persentase *band* polimorfis (BP) dari kesemua primer berkisar antara 67-100%. Analisis persentase *band* (BP) polimorfis dihitung untuk melihat berapa persen *band* polimorfis yang terbentuk (Carsono, 2014). Rata-rata persentase *band* polimorfis yang terbentuk pada penelitian kali ini yaitu 92,95% (Tabel 4.9). Persentase *band* terendah ditemukan pada primer OPA 1 yakni sebesar 67%. Sedangkan persentase *band* tertinggi dari keseluruhan primer yakni pada primer

OPA 3, OPA 5, OPA 7, OPA 9, OPA 10, OPA 11, OPA 13, OPA 14, OPA 18, OPA 19, dan OPA 20 yang kesemuanya menunjukkan persentase kemunculan *band* sebesar 100%. Hal ini dapat menjadi indikasi bahwa ke 11 primer tersebut sesuai jika digunakan untuk mengidentifikasi keragaman genetik dari berbagai kultivar pisang.

Nilai PIC (*Polymorphism Information Content*) menunjukkan hasil analisis primer yang paling informatif. Nilai yang diperoleh pada penelitian ini berkisar antara 0,4 hingga 0,5, dengan rata-rata sebesar 0,482. Nilai PIC terendah yakni 0,4 ditunjukkan oleh primer OPA 9. Sedangkan Nilai PIC tertinggi yakni 0,5 ditunjukkan oleh primer OPA 3, OPA 6, OPA 7, OPA 11, OPA 12, OPA 14, OPA 15, OPA 16, OPA 18, dan OPA 19 (Tabel 4.9). PIC sendiri merupakan informasi untuk mendeteksi primer yang mampu menghasilkan pita polimorfik dalam suatu populasi (Dhakshanamoorthy, 2014). Nilai PIC berkisar antara 0 (untuk penanda monomorfik) hingga 0,5. Semakin tinggi nilai PIC maka semakin baik primer tersebut dalam menganalisis variasi genetik suatu organisme (Roldan-Ruiz, 2000). Dari penjelasan tersebut dapat diketahui bahwa ke 10 primer dengan nilai PIC tertinggi tersebut sangat cocok digunakan untuk melakukan analisis genetik kultivar pisang. Hal ini dikarenakan PIC adalah aspek yang penting dari sebuah primer dalam menunjukkan potensinya untuk membedakan suatu individu (Zargar, 2016).

Nilai EMR (*Effective Multiplex Ratio*) pada hasil amplifikasi pita DNA kultivar pisang kali ini berkisar antara 16 sampai 256, dengan rata-rata sebesar 137,4 per primer. Nilai EMR terendah yakni 16 dihasilkan oleh primer OPA 14, sedangkan nilai EMR tertinggi yaitu 256 dihasilkan oleh primer OPA 7. Rata-rata nilai EMR dari keseluruhan primer adalah 137,4 (Tabel 4.9). Analisis EMR dilakukan untuk mengetahui rasio yang efektif dari jumlah produk pita yang dikeluarkan dengan jumlah pita polimorfik (Roldan-Ruiz, 2000). Powell (1996) mengartikan EMR sebagai jumlah lokus atau pita DNA yang akan dianalisis secara bersamaan (semisal dalam satu gel). EMR juga diartikan sebagai produk dari fraksi lokus polimorfik dan jumlah lokus polimorfik yang bertujuan untuk menguji suatu individu (Milbourne, 1997; Prevost, 1999).

Nilai *Marker Index* (MI) pada masing-masing primer berkisar antara 8 hingga 128 dengan rata-rata sebesar 66,58. Nilai MI terendah yakni 8 dihasilkan oleh primer OPA 14, sedangkan nilai MI tertinggi dengan nilai 128 dihasilkan oleh primer OPA 7 (Tabel 4.9). Nilai MI juga dapat dipengaruhi oleh nilai total pita yang muncul pada setiap primer (Varshney et. Al., 2007). Hal ini terkait nilai MI sebagai produk dari indeks keanekaragaman rata-rata untuk pita polimorfik dan berfungsi sebagai aspek penanda yang bertujuan untuk menjelaskan kekuatan dalam membedakan suatu individu dari primer yang digunakan (Milbourne, 1997; Zargar 2016).

Nilai RP pada penelitian kali ini berkisar antara 4,43 hingga 18,1 dengan rata-rata sebesar 11,7365 per primer. Nilai RP terendah dihasilkan oleh primer OPA 14 dengan nilai 4,43, sedangkan nilai RP tertinggi dihasilkan oleh primer OPA 8 dengan nilai 18,1 (Tabel 4.9). Prevost (1999) menyebutkan bahwa primer yang dapat digunakan untuk memisahkan individu hingga ke tingkat kultivar adalah yang memiliki nilai RP <6,9. Analisis *Resolving Power* (RP) dilakukan untuk mengetahui keefektifan primer dalam menganalisis hubungan kekerabatan suatu individu melalui jumlah genotip yang dimilikinya. Analisis ini menjadi sarana yang paling efisien untuk memisahkan kelompok taksa menjadi subgrup tertentu untuk tujuan identifikasi, sehingga nilai primer akan terlihat dari banyaknya *band* yang dihasilkan (Prevost, 1999).

Primer yang paling efektif digunakan untuk mengidentifikasi keanekaragaman kultivar pisang berdasarkan nilai BP (*Band Polimorphism*), PIC (*Polymorphism Information Content*), EMR (*Effective Multiplex Ratio*), MI (*Marker Index*), serta RP (*Resolving Power*) adalah primer OPA 7. Hal ini diketahui berdasarkan nilai BP, PIC, EMR, dan MI dari primer OPA 7 yang menjadi nilai tertinggi diantara primer lainnya. Adapun untuk nilai RP (*Resolving Power*) primer OPA 7 menunjukkan peringkat ke 5 setelah primer OPA 8, OPA 12, OPA 10, dan OPA 17, namun tetap tergolong baik karena nilai RP >6,9 (Prevost, 1999).

Tabel 4.8 Analisis Polimorfisme Hasil Amplifikasi Primer RAPD (OPA 1-20)

No.	Primer	TNB	NPB	PB (%)	PIC	EMR	MI	RP
1	OPA 1	9	6	67	0,49	54	26,46	10,4
2	OPA 2	11	8	73	0,49	88	43,12	12,9
3	OPA 3	15	15	100	0,5	225	112,5	13
4	OPA 4	8	7	88	0,45	56	25,2	10,4
5	OPA 5	12	12	100	0,48	144	69,12	9,43
6	OPA 6	11	10	91	0,5	110	55	11,3
7	OPA 7	16	16	100	0,5	256	128	15
8	OPA 8	15	12	80	0,48	195	93,6	18,1
9	OPA 9	13	13	100	0,4	169	67,6	7,29
10	OPA 10	13	13	100	0,46	169	77,74	16,7
11	OPA 11	12	12	100	0,5	144	72	11,3
12	OPA 12	17	15	88	0,5	255	127,5	17,7
13	OPA 13	6	6	100	0,42	36	15,12	8,43
14	OPA 14	4	4	100	0,5	16	8	4,43
15	OPA 15	8	7	88	0,5	56	28	7,29
16	OPA 16	8	7	88	0,5	56	28	7,86
17	OPA 17	13	12	92	0,48	156	74,88	15,4
18	OPA 18	15	15	100	0,5	225	112,5	14,4
19	OPA 19	13	13	100	0,5	169	84,5	12,1
20	OPA 20	13	13	100	0,49	169	82,81	11,3
Total		232	216	1853,35	9,64	2733	1324,45	234,73
Rata-rata		11,6	10,8	92,67	0,482	136,65	66,2225	11,7365

Keterangan: TNB: *Total Number of Bands*; NPB: *Number of Polymorphic Bands*; PB (%): *Polymorphic Band Percentage*; PIC: *Polymorphism Information Content*; EMR: *Effective Multiplex Ratio*; MI: *Marker Index*; RP: *Resolving Power*.

Hasil analisis pengelompokan genom 14 kultivar pisang berdasarkan marka molekuler RAPD menghasilkan dendogram dengan koefisien similaritas berkisar antara 0,27- 0,87 (Tabel 4.8). Nilai koefisien similaritas terendah (0,27) teramati antara kultivar pisang Rejang (P1) yang bergenom AA dengan kultivar pisang Kluthuk Wulung (P14) yang bergenom BB, sedangkan nilai koefisien similaritas tertinggi ditemukan antara kultivar pisang Kluthuk Ijo (P13) dan kultivar pisang Kluthuk Wulung (P14) yang sama-sama bergenom BB (Tabel 4.8). Nilai koefisien similaritas digunakan untuk menunjukkan jarak hubungan kekerabatan terutama hubungan kekerabatan genetik antar kultivar pisang dengan genom yang sama. Semakin besar nilai koefisien similaritas, atau semakin kecil koefisien jarak maka semakin dekat hubungan kekerabatan antar kelompok kultivar bahkan kelompok genom (Hapsari, 2015).

Nilai koefisien similaritas berkisar antara 0 hingga 1. Apabila nilai koefisien similaritas semakin mendekati 1 yang artinya antara dua kultivar memiliki nilai jarak genetik yang besar maka dapat dipastikan antar kultivar tersebut semakin identik secara genetik. Namun sebaliknya, jika nilai koefisien similaritas semakin mendekati 0 maka kedua kultivar tersebut semakin berbeda secara genetik (Pratiwi, 2012). Hal ini membuktikan bahwa pisang kultivar dengan genom yang berbeda akan memiliki perbedaan yang signifikan secara genetik dan mungkin juga secara morfologi. Terbukti antara pisang Rejang yang bergenom AA dengan pisang Kluthuk Wulung yang bergenom BB memiliki nilai koefisien similaritas terkecil yakni 0,27 (Tabel 4.8).

Tabel 4.9 Nilai Koefisien Similaritas *Jaccard* 14 Kultivar Pisang

Pisang	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14
Rejang (AA)	1													
Mas (AA)	0,52	1												
Berlin (AA)	0,52	0,56	1											
Kojo Santen(AAA)	0,47	0,60	0,62	1										
Ambon Hong (AAA)	0,42	0,53	0,64	0,56	1									
Morosebo (AAA)	0,36	0,48	0,45	0,53	0,44	1								
Raja Seribu (AAB)	0,39	0,51	0,54	0,56	0,56	0,47	1							
Triolin (AAB)	0,40	0,46	0,50	0,52	0,52	0,46	0,59	1						
Brentel Warangan (AAB)	0,34	0,40	0,41	0,45	0,44	0,35	0,50	0,44	1					
Saba Awu (ABB)	0,37	0,39	0,46	0,51	0,48	0,40	0,52	0,56	0,54	1				
Ebung (ABB)	0,32	0,42	0,42	0,49	0,46	0,38	0,51	0,43	0,62	0,64	1			
Raja Bandung (ABB)	0,33	0,39	0,47	0,50	0,48	0,35	0,53	0,53	0,56	0,72	0,69	1		
Kluthuk Ijo (BB)	0,30	0,33	0,41	0,44	0,44	0,31	0,48	0,47	0,48	0,65	0,61	0,70	1	
Kluthuk Wulung (BB)	0,27	0,32	0,38	0,41	0,41	0,29	0,49	0,44	0,47	0,61	0,60	0,66	0,87	1

Keterangan: Jalur/Kolom 1. Pisang Rejang (AA) 2. Pisang Mas (AA) 3. Pisang Berlin (AA) 4. Pisang Kojo Santen (AAA) 5. Pisang Ambon Hong (AAA) 6. Pisang Morosebo (AAA) 7. Pisang Raja Seribu (AAB) 8. Pisang Triolin (AAB) 9. Pisang Brentel Warangan (AAB) 10. Pisang Soba Awu (ABB) 11. Pisang Ebung (ABB) 12. Pisang Raja Bandung (ABB) 13. Pisang Kluthuk Ijo (BB) 14. Pisang Kluthuk Wulung (BB).

Penentuan *cluster* pada analisis kali ini ditetapkan berdasarkan nilai minimum koefisien similaritas. Nilai minimum koefisien similaritas yang digunakan yaitu $\geq 0,6$. Jika nilai kelompok kultivar pisang memiliki nilai koefisien similaritas $\geq 0,6$ maka dianggap satu kelompok, sedangkan jika nilai similaritasnya $< 0,6$, maka kultivar pisang dianggap berbeda kelompok. Hasil analisis *clustering* pada penelitian kali ini menghasilkan 2 *cluster* (Gambar 4.9). Sampel yang mengelompok pada cluster I antara lain yakni sampel kultivar P1. Pisang Rejang (AA), P2. Pisang Mas (AA), P3. Pisang Berlin (AA), P4. Pisang Kojo Santen (AAA), P5. Pisang Ambon Hong (AAA), dan P6. Pisang Morosebo (AAA) Sedangkan sampel kultivar P7. Pisang Raja Seribu (AAB), P8. Pisang Triolin (AAB), P9. Pisang Brentel Warangan (AAB), P10. Pisang Soba Awu (ABB),

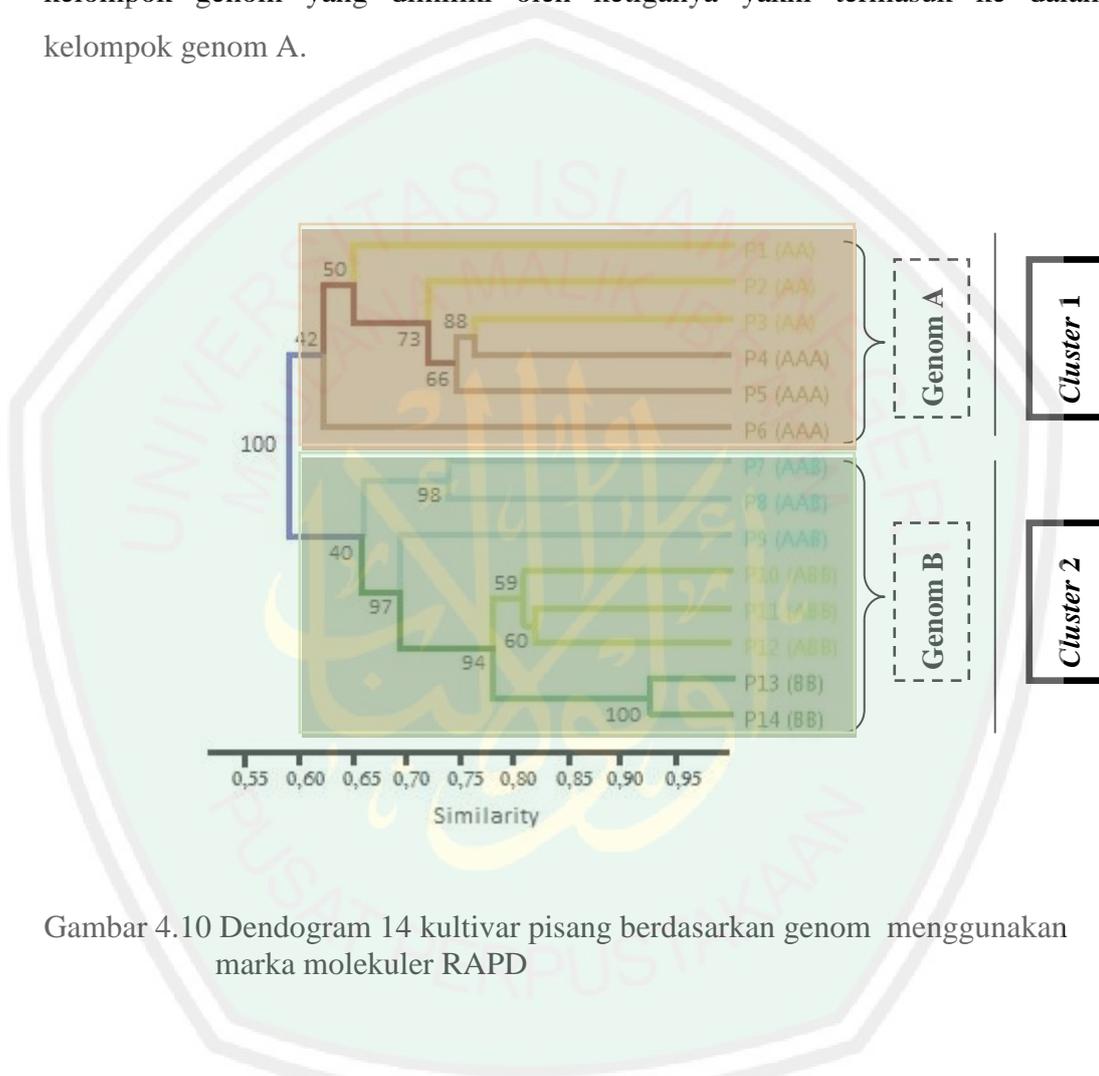
P11. Pisang Ebung (ABB), P12. Pisang Raja Bandung (ABB), P13. Pisang Kluthuk Ijo (BB), dan P14. Pisang Kluthuk Wulung (BB). mengelompok pada *cluster* 2 (Gambar 4.9).

Sampel kultivar pisang Kluthuk Ijo (P13) dan pisang Kluthuk Wulung (P14) membentuk satu kelompok *clad* karena keduanya memiliki kedekatan atau kemiripan secara genetik. Terlihat dari kesamaan genom yang dimiliki oleh kedua kultivar pisang tersebut yakni genom BB. Kemiripan kedua kultivar tersebut juga terlihat dari nilai koefisien similaritasnya yakni sebesar 0,87 yang merupakan nilai koefisien similaritas tertinggi pada penelitian kali ini (Tabel 4.8). Hasil analisis *clustering* ini kemudian dibuktikan dengan hasil karakterisasi morfologi yang mana kedua kultivar pisang tersebut ternyata memiliki banyak karakter morfologi yang sama, yakni sejumlah 15 karakter dari 33 karakter. Salah satu karakter yang membedakannya dengan kultivar pisang dari genom yang lain yaitu memiliki warna getah merah keunguan, bentuk kanal tangkai daun tumpang tindih, dan margin tangkai daun Tidak bersayap dan memeluk batang. Selanjutnya sampel kultivar pisang Ebung (P11) dan pisang Raja Bandung (P12) membentuk satu *clad* dengan nilai koefisien similaritas cukup tinggi yakni sebesar 0,69 (Tabel 4.8) dan juga sama-sama bergenom ABB.

Sampel kultivar pisang Raja Seribu (P7) dan kultivar pisang Triolin (P8) terlihat membentuk satu *clad* dan memiliki nilai koefisien similaritas sebesar 0,59. Kedua kultivar pisang tersebut juga memiliki genom yang sama yakni AAB. Kemudian sampel kultivar pisang Berlin (P3) dan pisang Kojo Santen (P4) juga berkelompok ke dalam satu *clad* serta memiliki nilai koefisien similaritas sebesar 0,62. Walaupun keduanya memiliki genom yang berbeda yakni diploid AA untuk pisang Berlin dan triploid AAA untuk pisang Kojo Santen, akan tetapi keduanya tetap termasuk ke dalam jenis pisang bergenom A.

Sampel kultivar pisang Saba Awu (P10) mengelompok menjadi satu *clad* dengan kultivar pisang Ebung (P11) dan pisang Raja Bandung (P12) dengan nilai koefisien similaritas masing-masing sebesar 0,64 dan 0,72 yang menandakan bahwa antar kultivar tersebut memiliki kedekatan yang cukup signifikan. Dan hal ini juga terbukti dari kesamaan genom yang dimiliki oleh ketiga kultivar pisang tersebut yakni bergenom ABB. Demikian juga dengan kultivar pisang Ambon

Hong (P5) yang mengelompok dengan kultivar pisang Berlin (P3) dan pisang Kojo Santen (P4) dan memiliki nilai koefisien similaritas masing-masing sebesar 0,64 dan 0,56. Ketiga kultivar pisang tersebut berkelompok menjadi satu *clad* dikarenakan memiliki kesamaan informasi genetik. Hal ini juga terlihat dari kelompok genom yang dimiliki oleh ketiganya yakni termasuk ke dalam kelompok genom A.



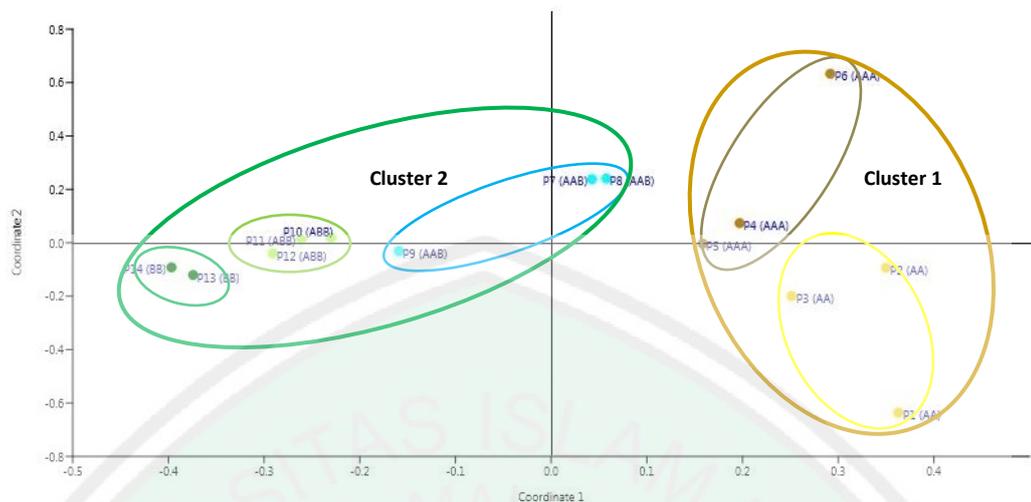
Gambar 4.10 Dendrogram 14 kultivar pisang berdasarkan genom menggunakan marka molekuler RAPD

Empat belas kultivar pisang yang diteliti selain mengelompok berdasarkan nilai koefisien similaritas juga mengelompok berdasarkan genomnya. Pada hasil dendrogram (Gambar 4.10) Pisang Rejang (P1), pisang Mas (P2), dan pisang Berlin (P3) membentuk satu kelompok karena memiliki kesamaan genom diploid AA. Pisang Kojo Santen (P4), pisang Ambon Hong (P5), dan pisang Morosebo (P6) membentuk satu kelompok karena memiliki kesamaan genom triploid AAA. Dan kedua kelompok kultivar pisang tersebut mengelompok menjadi satu pada *cluster* 1 yang merupakan kelompok pisang bergenom A. Hal ini dapat menjadi

indikasi bahwa kelompok pisang pada *cluster* 1 ini berasal dari tetua pisang *Musa acuminata*.

Pisang Raja Seribu (P7), pisang Triolin (P8), dan pisang Brentel Warangan (P9) membentuk satu kelompok karena memiliki kesamaan genom AAB. Pisang Sobo Awu (P10), pisang Ebung (P11), dan pisang Raja Bandung (P12) membentuk satu kelompok karena memiliki kesamaan genom ABB. Pisang Kluthuk Ijo (P13) dan pisang Kluthuk Wulung (P14) membentuk satu kelompok karena kedua kultivar pisang tersebut memiliki kesamaan genom BB. Selanjutnya ketiga kelompok kultivar pisang tersebut terhimpun dalam satu kelompok besar dan masuk ke dalam *cluster* 2 yang merupakan kelompok pisang bergenom B (Gambar 4.10), sehingga hal itu bisa menjadi indikasi jika kelompok kultivar pisang tersebut berasal dari tetua yang sama yakni *Musa balbisiana*.

Langkah terakhir dari analisis *clustering* selanjutnya dikonfirmasi dengan analisis *Principal coordinates* (PCoA) menggunakan analisis zonasi (*scatter plot*) untuk memperjelas hasil pengelompokan. Analisis PCoA menghasilkan pengelompokan yang sama dengan hasil analisis dendrogram (Gambar 4.10). Hasil tersebut menimbulkan dugaan akan adanya diferensiasi genetik antar kultivar pisang dari genus *Musa*. Faktor penyebab diferensiasi genetik adalah adanya faktor luar seperti: isolasi geografis dan fragmentasi habitat serta faktor dalam seperti mutasi, *genetic drift* (hanyutan genetik), dan *gene flow* (aliran gen) (Slatkin, 1987).



Gambar 4.11 Hasil analisis *scatter plot* PCoA dari 14 sampel kultivar Pisang berdasarkan marka molekuler RAPD

Hasil dari penelitian ini menunjukkan adanya fenomena keteraturan yang terjadi di jagad raya ini. Bahkan dari hal yang sangat kecil hingga pada tingkatan molekuler pun sudah diatur sedemikian rupa. Keteraturan fenomena alam dengan segala pola, ketersusunan, dan perbedaannya menjadi bukti adanya eksistensi Sang Maha Pencipta di dalamnya, sekaligus juga sebagai bukti kekuasaan, keesaan, serta keagunganNya. Allah SWT telah menjelaskannya di dalam Al-Quran Surat Al-Hijr [15] ayat 19 yang berbunyi:

وَالْأَرْضَ مَدَدْنَاهَا وَأَلْقَيْنَا فِيهَا رَوَاسِيَ وَأَنْبَتْنَا فِيهَا مِنْ كُلِّ شَيْءٍ مَوْزُونٍ

Artinya: "Dan Kami telah menghamparkan bumi dan menjadikan kepadanya gunung-gunung, dan Kami tumbuhkan padanya segala sesuatu menurut ukuran." (Q.S Al-Hijr [15] : 19)

Kata **وَالْأَرْضَ مَدَدْنَاهَا** (Dan Kami telah menghamparkan bumi) telah membuatnya terbentang, **وَأَلْقَيْنَا فِيهَا رَوَاسِيَ** (dan Kami menjadikan padanya gunung-gunung) yang kokoh dan tegak supaya jangan bergerak-gerak mengguncangkan penduduknya (dan Kami tumbuhkan padanya segala sesuatu menurut ukuran) yang telah ditentukan secara pasti (Al-Mahalli, 2008). Ayat di atas telah menjelaskan kepada manusia bahwa Allah SWT telah menciptakan makhluk-makhluk dimuka bumi

ini, termasuk hewan dan tumbuhan. Makhluk-makhluk tersebut perlu dikaji dan ditelaah lebih dalam oleh umat manusia. Hal ini karena pada keduanya itu selain terdapat manfaat yang luar biasa juga menyimpan pengetahuan yang tidak akan bisa diketahui tanpa adanya proses penelitian terlebih dahulu. Untuk memahami fenomena alam, terutama terkait makhluk hidup perlu adanya ilmu sebagai penunjang. Di samping petunjuk Allah SWT melalui FirmanNya dalam Al-Quran yang sangat diperlukan guna memecahkan dan mengungkap rahasia fenomena alam tersebut. Penelitian telah menunjukkan adanya keserasian dan keseimbangan luar biasa dalam hukum-hukum alam. Hal ini merupakan pantulan dari sifat-sifat Allah Sang Maha Pencipta dan Maha Kuasa yang menguasai seluruh alam (Rossidi, 2014).

Penggunaan Teknik analisis RAPD dalam mengidentifikasi genom kultivar pisang merupakan salah satu cara untuk memahami fenomena alam serta keajaiban ciptaan Allah SWT. Hal ini dapat mengantarkan manusia untuk memahami bahwa dibalik fenomena alam tersebut terdapat Sang Pencipta yang Maha Agung. Allah SWT telah menegaskan kepada manusia untuk senantiasa memikirkan dan merenungkan ciptaanNya, seperti yang telah Allah jelaskan dalam Surat Ali Imron ayat 190-191 yang berbunyi:

إِنَّ فِي خَلْقِ السَّمَاوَاتِ وَالْأَرْضِ وَاخْتِلَافِ اللَّيْلِ وَالنَّهَارِ لآيَاتٍ لِّأُولِي الْأَلْبَابِ (الَّذِينَ يَذْكُرُونَ اللَّهَ قِيَامًا وَقُعُودًا وَعَلَىٰ جُنُوبِهِمْ وَيَتَفَكَّرُونَ فِي خَلْقِ السَّمَاوَاتِ وَالْأَرْضِ رَبَّنَا مَا خَلَقْتَ هَذَا بَاطِلًا سُبْحَانَكَ فَقِنَا عَذَابَ النَّارِ (١٩١))

Artinya: “*Sesungguhnya dalam penciptaan langit dan bumi, dan pergantian malam dan siang terdapat tanda-tanda (kebesaran Allah) bagi orang yang berakal, (yaitu) orang-orang yang mengingat Allah sambil berdiri atau duduk atau dalam keadan berbaring dan mereka memikirkan penciptaan langit dan bumi (seraya berkata): "Ya Tuhan Kami, tiadalah Engkau menciptakan ini dengan sia-sia Maha Suci Engkau, maka peliharalah kami dari siksa neraka"*. (Q.S Ali Imron: 190-191)

Kata (إِنَّ فِي خَلْقِ السَّمَاوَاتِ وَالْأَرْضِ) yang memiliki arti *Sesungguhnya pada penciptaan langit dan bumi* dan berbagai keajaiban yang terjadi pada keduanya (وَاخْتِلَافِ اللَّيْلِ وَالنَّهَارِ) *serta pergantian malam dan siang* dengan datang dan pergi serta bertambah dan berkurang, adalah tidak lain merupakan (لآيَاتٍ) *tanda-tanda* atau bukti-bukti kekuasaan Allah SWT (لأُولِي الْأَلْبَابِ) *Bagi orang-orang yang berakal* yakni orang-orang yang mau memikirkan pelajaran yang dapat diambil

dari fenomena yang ada di alam semesta ini (Al-Mahalli, 2008). Alam semesta diciptakan oleh Allah bukan tanpa alasan, melainkan dengan tujuan yang agung, yaitu mengetahui Allah SWT melalui tanda-tanda kekuasaan, asma dan sifat-sifatNya.

Ayat ini berisikan ajakan kepada manusia untuk lebih peka dalam memandang fenomena alam, menemukan hukum-hukum keteraturannya, serta melihat tanda-tanda kekuasaanNya. Fenomena alam yang terjadi baik dalam diri manusia maupun yang berasal dari luar tubuh manusia sejatinya merupakan hal yang sangat menarik untuk diteliti. Oleh karena itu, dalam mempelajari fenomena alam manusia dituntut untuk dapat memahami, mengkaji, mengobservasi, serta merefleksi beberapa aspek dari fenomena alam dan ciptaan Allah SWT. Melalui ayat tersebut, Al-Quran telah menjelaskan bahwa fenomena alam semesta itu sebagai ayat-ayat Allah SWT yang harus dibaca dan dipahami secara benar.

Al-Qur'an mendorong umat Islam untuk melakukan aktivitas ilmiah, mengajak akal manusia untuk merenung dan memikirkan fenomena alam yang penuh keajaiban (Rossidy, 2014). Di dalam ayat ini disebutkan mengenai *Ulil albab*, menurut Shihab (2002) Istilah *Ulil albab* terdiri dari dua kata, yaitu *ulū* dan *al-albāb*. Kata *ulū* merupakan bentuk jamak yang bermakna *zawu* (mereka yang mempunyai), sedangkan kata yang kedua "*al-albāb*" adalah bentuk jamak dari *lubb* yaitu saripati sesuatu. Kacang, misalnya memiliki kulit yang menutupi isinya. Isi kacang inilah yang dinamakan dengan *lubb*. *Ulil albab* adalah orang-orang yang memiliki akal murni, yang tidak diselubungi oleh kulit, yakni kabut ide, yang dapat melahirkan kerancuan dalam berpikir.

Orang yang mau menggunakan akal pikirannya untuk merenungkan atau menganalisa fenomena alam akan dapat sampai kepada bukti yang sangat nyata tentang keEsaan dan kekuasaan Allah SWT. Rossidy (2008) mengemukakan bahwa ayat tersebut merupakan gambaran dari ilmuwan yang memahami *sunnatullah* dan pandai menarik kesimpulan terhadap suatu fenomena alam yang terjadi dan sepenuhnya sadar bahwa alam semesta beserta isinya ini tidak diciptakan dengan sia-sia.

4.3 Perbandingan Karakterisasi 14 Kultivar Pisang berdasarkan Marka Morfologi dan Marka Molekuler RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*)

Nilai koefisien similaritas 14 kultivar Pisang berdasarkan marka morfologi berkisar antara 0,69- 0,92 (Tabel 4.6), sedangkan nilai koefisien similaritas 14 kultivar Pisang berdasarkan marka molekuler berkisar antara 0,27- 0,87 (Tabel 4.8). Nilai koefisien similaritas tertinggi (0,92) berdasarkan marka morfologi ditemukan pada dua pasang kultivar pisang yakni pisang Berlin (P3) yang bergenom AA dengan pisang Ambon Hong (P5) yang bergenom AAA; dengan 21 karakter yang sama, juga pada pisang Brentel Warangan (P9) yang bergenom AAB dengan pisang Saba Awu (P10) yang bergenom ABB; dengan 24 karakter yang sama (*Lampiran 3*). Nilai koefisien similaritas tertinggi berdasarkan marka molekuler RAPD ditemukan antara kultivar pisang Kluthuk Ijo (P13) dan kultivar pisang Kluthuk Wulung (P14) yang sama-sama bergenom BB (Tabel 4.8) dengan nilai sebesar 0,87. Suatu kelompok dikatakan memiliki hubungan kekerabatan yang jauh apabila jarak kemiripan (koefisien similaritas) nya kurang dari 0,60 atau 60% (Trimanto, 2012), sehingga jika nilai koefisien similaritasnya $\geq 0,6$, maka kelompok tersebut dapat dikatakan memiliki hubungan kekerabatan yang dekat. Hal tersebut menandakan bahwa secara morfologi Pisang Berlin dan Pisang Ambon Hong, juga Pisang Brentel Warangan dan Pisang Saba Awu memiliki kemiripan yang tinggi, akan tetapi tidak untuk genetiknya, sedangkan untuk Pisang Kluthuk Ijo dan Pisang Kluthuk Wulung yang sama sama bergenom BB memiliki kemiripan yang tinggi pada genetika dan morfologinya.

Nilai koefisien similaritas terendah berdasarkan marka morfologi yakni sebesar 0,69 yang terdapat pada kultivar pisang Kojo Santen (P4) yang bergenom AAA dengan kultivar pisang Kluthuk Wulung (P14) yang bergenom BB dan hanya memiliki 8 karakter yang sama (*Lampiran 3*). Hal ini mengindikasikan bahwa kedua kultivar pisang tersebut memiliki hubungan kekerabatan yang jauh jika dianalisis dari segi morfologinya. Nilai koefisien similaritas terendah berdasarkan analisis molekuler RAPD sebesar 0,27 teramati antara kultivar pisang Rejang (P1) yang bergenom AA dengan kultivar pisang Kluthuk Wulung (P14) yang bergenom BB (Tabel 4.8). Nilai koefisien similaritas morfologi dan molekuler terendah terdapat pada jenis Pisang yang berbeda tetapi Pisang tersebut

memiliki komposisi genom yang sama yaitu antara Pisang bergenom AA/AAA dan pisang bergenom BB. Hal tersebut dikarenakan karakteristik genom A dan B jauh berbeda jika dilihat dari segi morfologi dan amplikon yang terbentuk. Hal itu sesuai dengan pernyataan Simmonds dan Sepherd (1955) yang mengatakan bahwa grup genom A memiliki ciri khas yaitu memiliki tipe ketegakan daun yang tegak, tipe kanal tangkai daunnya terbuka, tidak memiliki biji dan ujung buahnya runcing, sedangkan grup genom B memiliki ciri khas tipe ketegakan daunnya melengkung, tepi kanal tangkai daunnya tertutup, memiliki biji dan ujung buahnya tumpul. Megia (2005) menambahkan bahwa pisang triploid memiliki penampakan batang dan buah yang lebih besar daripada pisang diploid.

Analisis *clustering* pada 14 kultivar Pisang dilakukan berdasarkan marka morfologi dan marka molekuler RAPD. Kedua marka yang digunakan menghasilkan pola pengelompokan yang berbeda. Pada hasil dendogram berdasarkan marka morfologi kultivar pisang dikatakan berasal dari kelompok yang sama jika nilai similaritasnya $>0,84$, sementara pada dendogram berdasarkan marka molekuler ISSR kultivar Pisang dapat dikatakan berasal dari kelompok yang sama jika memiliki nilai similaritas $\geq 0,6$.

Kemampuan kedua marka untuk mengelompokkan 14 kultivar Pisang yaitu 71,43% untuk marka morfologi dan 92,86% untuk marka molekuler. Pada marka morfologi terdapat 4 kelompok kultivar pisang yang tidak berkelompok sesuai genomnya yaitu Pisang Berlin (AA) dan Pisang Ambo Hong (AAB), pisang Pisang Brentel Warangan (AAB) dan pisang Sobo Awu (ABB), pisang Kojo Santen (AAA) dan pisang Raja Seribu (AAB), serta pisang Triolin (AAB) dan pisang Kluthuk Wulung (BB), sedangkan pada marka molekuler terdapat 1 kelompok kultivar Pisang yang tidak berkelompok sesuai dengan genomnya yaitu Pisang Berlin (AA) dengan pisang Kojo Santen (AAA). Pisang Berlin (AA) berkelompok dengan Pisang yang bergenom AAA, dikarenakan secara morfologi Pisang Berlin memiliki 22 karakter yang sama dengan pisang dari genom AAA dan hanya memiliki 15 karakter yang sama dengan pisang dari genom AA. Hal tersebut didukung dengan hasil pengelompokan berdasarkan marka molekuler yang menyatakan bahwa secara molekuler Pisang Berlin (AA) juga berkelompok

dengan pisang Ambon Hong dari genom AAA, sehingga diduga bahwa pisang Berlin bukan pisang bergenom AA melainkan pisang bergenom AAA.

Pisang Brentel Warangan yang bergenom AAB berkelompok dengan pisang Sobo Awu yang bergenom ABB berdasarkan analisis marka morfologi, sementara pada analisis berdasarkan marka molekuler pisang Brentel Warangan (P9) membentuk satu kelompok dengan kultivar pisang bergenom ABB dan BB dengan nilai koefisien similaritas sebesar 0,7. Hal ini diduga kultivar pisang Brentel Warangan memiliki dominansi genom B daripada genom A sehingga lebih dekat dengan kultivar pisang ABB dan BB daripada AAB.



BAB V PENUTUP

5.1 Kesimpulan

Kesimpulan dari penelitian kali ini yaitu:

1. Karakterisasi genom kultivar pisang berdasarkan marka morfologi belum dapat mengelompokkan kultivar pisang berdasarkan genom, hal ini dikarenakan masih terdapat kultivar pisang bergenom A yang masuk ke dalam kelompok pisang bergenom B, begitu pula sebaliknya.
2. Karakterisasi genom kultivar pisang berdasarkan marka molekuler berhasil pengelompokan kultivar pisang berdasarkan genomnya (AA, AAA, AAB, ABB, dan BB) dan primer OPA 7 menjadi primer terbaik dalam mengamplifikasi pita polimorfik DNA dengan nilai PIC sebesar 0,5. Hal ini membuktikan bahwa marka RAPD dapat digunakan untuk pengelompokan kultivar pisang.
3. Karakterisasi genom berdasarkan marka morfologi memiliki persentase sebesar 71,43% dan terdapat 4 kelompok kultivar pisang yang tidak mengelompok sesuai genomnya, sedangkan marka molekuler RAPD memiliki persentase sebesar 92,86% dengan terdapat 1 kelompok kultivar pisang yang tidak mengelompok sesuai dengan genomnya. Hal ini menunjukkan bahwa marka molekuler RAPD lebih efisien dalam mengelompokkan kultivar pisang berdasarkan genom dari marka morfologi.

5.2 Saran

Saran untuk penelitian selanjutnya yakni ketika melakukan analisis dengan marka molekuler RAPD disarankan untuk menggunakan primer OPA 7 dalam amplifikasi PCR, hal ini dikarenakan primer OPA 7 merupakan primer terbaik untuk mengamplifikasi pita DNA pada penelitian kali ini.

DAFTAR PUSTAKA

- Al-Busaidi, Khair Tuwair Said. 2013. Banana domestication on the Arabian Peninsula: A review of their domestication history. *Journal of Horticulture and Forestry*. 5 (11): 194-203.
- Al-Mahalli, Imam Jalaluddin, dan Imam Jalaluddin as-Suyuti. 2008. **Terjemahan tafsir jalalain berikut asbabun nuzul**. Bandung. Sinar Baru Algesindo.
- Ambarita, Monica Dame Yanti, Eva Sartini Bayu, dan Hot Setiado. 2015. Identifikasi karakter morfologis pisang (*musa spp.*) di Kabupaten Deli Serdang. *Jurnal Agroekoteknologi*. 4 (1): 1911-1924..
- Anggereini, Evita. 2008. Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD), suatu metode analisis DNA dalam menjelaskan berbagai fenomena biologi. *Biospecies*.1 (2): 73-76.
- Arbi, Ucu Yanu. 2016. Analisis kladistik berdasar karakter morfologi untuk studi filogeni: contoh kasus pada Conidae (Gastropoda: Mollusca). *Oseana*.61 (3): 54-69.
- Brown, T. A., Soemiati A. M., dan Praseno (Penerjemah). 1991. **Pengantar kloning gen**. Yogyakarta. Yayasan Essesntia Medica.
- Brown, N., S. Venkatasamy, G. Khittoo, T. Bahorun and S. Jawaheer. 2009. Evaluation of genetic diversity between 27 banana cultivars (*Musa spp.*) in Mauritius using RAPD markers. *African Journal of Biotechnology*. 8 (9): 1834-1840.
- Cahyono, B. 1996. **Pisang, budidaya dan analisis usaha tani**. Jogjakarta. Penerbit Kanisius.
- Carsono, N., Lukman, P.N., Damayanti, F., Susanto, U. & Sari, S. 2014. Identifikasi polimorfis marka-marka molekuler yang diduga berkaitan dengan karakter daya hasil tinggi pada 30 genotip padi. *Chimica et Natura Acta*.2 (1).
- Čížková, Jana. 2013. **Physical mapping and evolution of banana genome (*musa spp.*)**. Palacký University Olomouc Faculty of Science Department of Botany and Centre of the Region Haná for Biotechnological and Agricultural Research Institute of Experimental Botany Olomouc. Thesis
- Crouch, Jh, Crouch Hk, Constandt H, Van Gysel A, Breyne P, Van Montagu M, Jarret Rl, Ortiz R. 1999. Comparison of 60 pcr-based molecular

marker analyses of musa breeding populations. *Molecular Breeding*. 5: 233-244.

Dhakshanamoorthy, D. Selvaraj, Radhakrishnan., Chidambaram, Alagappan. 2014. Utility of RAPD marker for genetic diversity analysis in gamma rays and ethyl methane sulphonate (ems)-treated *Jatropha curcas* plants. *C. R. Biologies*.

Dwiatmini, K., N. A. Mattjik, H. Aswidinnoor, dan N.L. Toruan-Matius. J. Hort. 2003. Analisis Pengelompokan dan Hubungan Kekerabatan Spesies Anggrek Phalaenopsis Berdasarkan Kunci Determinasi Fenotipik dan Marka Molekuler RAPD. *Jurnal Hortikultura*. 13 (1): 16-27

Espino, R.R.C., S.H. Jamaludin, B. Silayoi dan R.E. Nasution. 1992. *Musa L.* (edible cultivars) dalam Verheij, E.W.M. dan R.E. Coronel (Eds.). **Plant Resources of South-East Asia No.2: edible fruits and nuts**. Bogor. Prosea Foundation.

FAO. 2018. **Food outlook-biannual report on global food markets – november 2018**. Rome. 104 pp. Licence: CC BY-NC-SA 3.0 IGO.

Grosberg, Richard K., Donald R. Levitan, And Brenda B. Cameron. 1996. **Characterization of genetic structure and genealogies using RAPD-pcr markers: a random primer for the novice and nervous**. Wiley-Liss, Inc. Callifornia. hal. 67-97.

Gusmiati, L. Hasanah, Lia Hapsari, dan Didik Wahyudi. 2018. Keberagaman dan pengelompokan morfologi 10 pisang olahan (musa cv. grup abb) koleksi kebun raya purwodadi –lipi. *Floribunda*. 5 (8): 299-314.

Guzow-Krzeminska B, Gorniak M & Wegrzyn G. 2001. Molecular determination keys: construction of keys for species identification based on restriction fragment length polymorphism. *Int. Arch. Biosci*. 1057–1067.

Hapsari, Lia, Didik Wahyudi, Rodiyati Azrianingsih, and Estri Laras Arumingtyas. 2015. Genome identification of bananas (*Musa L.*) from East Java Indonesia assessed with PCR-RFLP of the internal transcribed spacers nuclear ribosomal DNA. *International Journal of Biosciences*. 7 (3): 42-52..

Hapsari, Lia, Dewi A. Lestari, dan Ahmad Masrum. 2016. **Album koleksi pisang Kebun Raya Purwodadi seri 1: 2010 – 2015**. Unit Pelaksana Teknis Balai Konservasi Tumbuhan Kebun Raya Purwodadi. Pasuruan. hal. 1-59.

Hapsari, Lia, dan Dewi Ayu Lestari. 2016. Fruit characteristic and nutrient values of four Indonesian banana cultivars (*Musa spp.*) at different genomic groups. *Agrivita Journal of Agricultural Science*. 38 (3): 303-311.

- Hidayati, Eniza Saleh, Dan Tahrir Aulawi. 2016. Identifikasi Keragaman Gen Bmpr-1b (Bone Morphogenetic Protein Receptor Ib) Pada Ayam Arab, Ayam Kampung Dan Ayam Ras Petelur Menggunakan Pcr-Rflp. *Jurnal Peternakan*. 13 (1): 1-12.
- Ibnu Kasir, Al- Imam Abul Fida isma'il Ad-Dimasyqi. 2001. **Tafsir Ibnu Kasir juz 27 (tafsir al-Qur'anul adzim)**. Bandung. Sinar Baru Algesindo.
- INIBAP (International Network for the Improvement of Banana and Plantain). 2006. **Global Conservation Strategy for Musa (Banana and Plantain):A consultative document prepared by INIBAP with the collaboration of numerous partners in the Musa research and development community**. Montpellier, Perancis. hal: 1-29.
- Inglis, Peter W., Mariliade CastroR. Pappas, LucileideV. Resende, Dario Grattapaglia. 2015. Fast And Inexpensive Protocolsfor Consistent Extraction Of High Qualitydnaand RNA From Challengingplantand Fungal Samples For High-Throughput SNP Genotypingand Sequencing Applications. *PLOS One*.13(10):1-14.
- IPGRI (International Plant Genetic Resources Institute). 1996. **Descriptors for banana (Musa spp)International plant genetic, sesources**. Institute Rome Monllier, Perancis. hal: 1-57.
- Jeridi, Mouna Fre´ric Bakry, Jacques Escoute, Emmanuel Fondi, Franc oise Carreel, Ali Ferchichi, Ange´lique D'Hont, dan Marguerite Rodier-Goud. 2011. Homoeologous chromosome pairing between the a and b genomes of *musa* spp. revealed by genomic in situ hybridization. *Annals of Botany*.108: 975-981.
- Jesus, De, O.N., S. de Oliveira e Silva., E. P. Amorim, C. F. Ferreira, J. M. S. de Campos, G. de Gapsari Silva, dan A. Figureira. 2013. Genetic diversity and population structure of musa accessions in ex-situ conservation. *BMC Plant Biol*. 13 (41): 1-22.
- Kaemmer D, Fischer D, Jarret RL, Baurens F-C, Grapin A, Dambier D, Noyer JL, Lanaud C, Kahl G, Lagoda PJJ. 1997. Molecular breeding in the genus Musa: a strong case for STMS marker technology. *Euphytica*. 96: 1-12.
- Kennedy, Jean. 2009. Bananas and People in the Homeland of Genus Musa: Not just pretty fruit. *A Journal of Plant, People, and Applied Research*. 7: 179-189.
- Khatri, Abdullah, M.U. Dahot, Imtiaz A. Khan, S. Raza, S. Bibi, S. Yasmin, And G.S. Nizamani. 2009. Use Of RAPD for The Assessment of Genetic

- Diversity Among Exotic And Commercial Banana Clones. *Pakistan Journal of Botany*. 41 (6): 2995-2999.
- Kiran, Usha S. K. Moahnty, P. S. Roy, L. Behera, dan P. K. Chand. 2015. Genetic diversity among banana cultivars from Odisha using RAPD Markers. *Science Research Reporter*. 5 (2): 118-124.
- Kumar, N. Senthil, and G. Gurusubramanian. 2011. Random amplified polymorphic dna (RAPD) markers and its applications. *Science Vision*. 11 (3): 116-124.
- Kundu, Prasenjit, Fatik K. Bauri, dan Sutanu Maji. 2018. Genetic diversity study of some banana genotypes collected from various parts of India through RAPD analysis. *African Journal of Agricultural Research*. 13(5): 248-257.
- Langhe, Edmond De, Luc Vrydaghs, Pierre de Maret, Xavier Perrier and Tim Denham. 2009. Why Bananas Matter: An introduction to the history of banana domestication. *Ethnobotany Research & Applications*. 7: 165-177.
- Lee, Pei Yun, John Costumbrado, Chih-Yuan Hsu, Yong Hoon Kim. 2012. Agarose Gel Electrophoresis for the Separation of DNA Fragments. *Journal of Visualized Experiments*. 62: 1-5.
- Loya-Vargas, M. Deyanira LoyaLázaro, Balan-Rodríguez, Leonardo Tejero-Jiménez, Manuel González-Pérez. 2016. Analysis Of Nitrogen Bases Alterations In Dna And Rna Caused By Air Pollutants By Quantum Methods. *World Journal of Pharmaceutical Research*. 5 (8): 1-3.
- Maftuchah. 2001. Strategi pemanfaatan penanda molekuler dalam perkembangan bidang hortikultura. **Makalah sarasehan pemanfaatan penanda molekuler di bidang hortikultura**. Bogor. Indonesian Biotechnology Information Centre (IndoBIC).
- Mandzur, Asy-Syekh Abil Fadl Jamaluddin Muhammad bin Mukrom. 1993. **Lisanul 'arob**. Bereut Lebanon. Darul Khutub.
- Martin, Guillaume, Franc-Christophe Baurens, Céline Cardi, Jean-Marc Aury, Ange'lique D'Hont. 2013. The Complete Chloroplast Genome of Banana (*Musa acuminata*, Zingiberales): Insight into Plastid Monocotyledon Evolution. *PLOS One*. 8 (6): 1-10.
- McGregor, C.F., C.A. Lambert, M.M. Greyling, J.H. Louw, L. Warnich. 2000. A comparative assessment of DNA fingerprinting techniques (RAPD, ISSR, AFLP and SSR) in tetraploid potato (*Solanum tuberosum* L.) germplasm. *Euphytica*. 113:135-144.

- Milbourne, Dan, Rhonda Meyer, John E. Bradshaw, Eileen Baird, Nicky Bonar, Jim Provan, Wayne Powell and Robbie Waugh. 1997. Comparison of PCR-based marker systems for the analysis of genetic relationships in cultivated potato. *Molecular Breeding*. 3: 127-136.
- Mohammed, Wassu, Kebede W/Tsadik, Tekalign Tsgaw, dan Kiflemariam Yehula. 2013. Genetic Variability and Distance of East Africa Cooking Banana (*Musa* sp.) Clones for Morpho-physicochemical Traits. *East African Journal of Sciences*. 7 (2): 67-76.
- Nasution, R.E., dan I. Yamada. 2001. **Pisang-pisang liar di Indonesia**. Bogor: Pusat Penelitian dan Pengembangan Biologi-LIPI. Balai Penelitian Botani, Herbarium Bogoriense.
- Nayar, N. M. 2010. The bananas: botany, origin, dispersal. *Horticultural Reviews*. 36: 116-162.
- OGTR (Office of The Gene Technology Regulator). 2008. **The biology of *Musa* l. (banana)**government: department of health and ageing. Australian. hal. 1-71.
- Pandey, Aseesh, and Sushma Tamta. 2015. High-molecular-weight dna extraction from six quercus species of kumaun Himalaya, India. *International Journal of Advanced Research*. 3(7): 30-34.
- Pereira, Jorge C., Raquel Chaves, Estela Bastos, Alexandra Leitão, and Henrique Guedes-Pinto. 2011. Technical note an efficient method for genomic dna extraction from different molluscs species. *International Journal of Molecular Sciences*. 12: 8086-8095.
- Pillay, M., D.C. Nwakanma, Dan A. Tenkouano. 2000. Identification Of Rapid Markers Linked To A And B Genome Sequences In *Musa* L. *Genome*. 43: 763-767.
- Powell, Wayne, Michele Morgante, Chaz Andre, Michael Hanafey, Julie Vogel, Scott Tingey and Antoni Rafalski. 1996. The comparison of rflp, rapid, aflp and ssr (microsatellite) markers for germplasm analysis. *Molecular Breeding*. 2: 225-238.
- Prabawati, Sulusi, Suyanti Dan Dondy A Setyabudi. 2008. **Teknologi pascapanen dan teknik pengolahan buah pisang**. Bogor: Balai Besar Penelitian dan Pengembangan Pascapanen Pertanian Badan Penelitian dan Pengembangan Pertanian.

- Prasetyono, Joko, Nurul Hidayatun, dan Tasliah. 2018. Analisis diversitas genetik 53 genotipe padi indonesia menggunakan 6k marka single nucleotide polymorphism. *Jurnal Agrobiogen*. 14 (1): 1-10.
- Pratiwi, Putri 2012. **Analisis variasi genetik beberapa populasi globba leucantha miq. di sumatera barat dengan random amplified polymorphic DNA (RAPD)**. Program Pascasarjana Universitas Andalas. Thesis.
- Prevost, A. M. J. and Wilkinson, A. 1999. new system of comparing PCR primers applied to ISSR fingerprinting of potato cultivars. *Theor. Appl. Genet.* 98: 107-112.
- Rand, Keith N. 1996. Crystal violet can be used to visualize dna bands during gel electrophoresis and to improve cloning efficiency. *Elsevier*. 1: 23-24.
- Retnoningsih, Amin. 2011. Hubungan kekerabatan filogenetika kultivar pisang di indonesia berdasarkan karakter morfologi. *Floribunda*. 4 (2): 48-53.
- Roldan-Ruiz, J. Dendauw, E. Van Bockstaele, A. Depicker, and M. De Loose. 2000. AFLP markers reveal high polymorphic rates in ryegrass (*Lolium* spp.). *Molecular Breeding*. 6: 125-134.
- Rossidy, Imron. 2008. **Fenomena flora dan fauna dalam perspektif al-qur'an**. Malang: UIN Press.
- Rossidy, Imron. 2014. **Fenomena flora dan fauna dalam al-quran**. Malang. UIN Press.
- Sambrook J, Russell DW. 1989. **Molecular cloning: a laboratory manual 3rd edition**. New York. Laboratory Pr.
- Sarabhai, Motilal N., Rajiv B. Abdul, and Asha Mittal Kurien. 2016. Levels of diversity and population structure present in Banana cultivars distributed in various genome groups. *International Journal of Plant Breeding and Genetics*. 3 (2): 177-188.
- Satuhu, S., dan A. Supriyadi. 1999. **Pisang budidaya, pengolahan dan prospek pasar**. Jakarta. Penebar Swadaya.
- Shaibu, A.A. 2012. Genetic diversity analysis of musa species using amplified fragment length polymorphism and multivariate statistical technique. *International Journal of Biochemistry and Biotechnology*. 1 (6): 175-178.

- Sharma, Ramavtar. Santosh Sharma, Sushil Kumar. 2018. pair-wise combinations of rapd primers for diversity analysis with reference to protein and single primer rapd in soybean. *Annals of Agrarian Science*. 16: 243-249.
- Shihab, M. Quraish. 2002. **Tafsir al-mishbah (pesan, kesan, dan keserasian al-Quran)**. Jakarta. Lentera Hati.
- Shivashankar, M. 2013. Detection of genetic diversity of commercial banana varieties using rapd markers. *International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences*. 2(7): 255-259.
- Simmonds, N. W. M.A., A.I.C.T.A., F.L.S. and K. Shepherd, B.Sc. 1954. The taxonomy and origins of the cultivated bananas. *Banana Research Scheme, Imperial College of Tropical Agriculture, Trinidad, B.W.I.* 55: 302-310.
- Simmonds NW. 1966. **Bananas**. New York. Longman Inc.
- Simmonds, N.W., 1962. **In: The evolution of the bananas**. London. Longmans.
- Simmonds. 1996. **Numeric Taxonomy of Wild Bananas (Musa sp.)**. New Phyto I.
- Simpson, M. G. 1953. **Plant Systematics. Science and Technology Right Departementin Oxford**. Elsevier Academic Express. Oxford, Inggris.
- Singh, Wahengbam R., Sorokhaibam S. Singh, dan Karuna Shrivastava. 2014. Analisis Kelompok Pisang Genom Liar dan Kultivar Diciptakan Dari Manipur, India Menggunakan Metode Kartu Score. *Advance in Applied Science Research*. 5(1):35-38.
- Suhardiman, P. 1997. **Budi daya pisang cavendish**. Yogyakarta. Kanisius.
- Sukartini. 2008. Analisis Jarak Genetik dan Kekerabatan Aksesori-aksesori Pisang berdasarkan Primer Random Amplified Polymorphic DNA. *Jurnal Hortikultura*. 18(3):261-266.
- Sulistiyawati, Purnamila, AYPBC Widyatmoko, dan ILG Nurtjahjaningsih. 2014. Keragaman Genetik Anakan Shorea Leprosula Berdasarkan Penanda Mikrosatelit. *Jurnal Pemuliaan Tanaman Hutan*. 8 (3).
- Sunandar, Ari, dan Adi Pasah Kahar. 2018. Karakter Morfologi Dan Anatomi Pisang Diploid dan Triploid. *Scripta Biologica*. 5 (1): 31-36.
- Trimanto. 2012. Karakterisasi Dan Jarak Kemiripan Uwi (Dioscorea Alata L.) Berdasarkan Penanda Morfologi Umbi. *Buletin Kebun Raya*. 15 (1): 47-59.

- Uma, S., S.A. Siva, M.S. Saraswathi, M. Manickavas Agam, P. Durai. 2006. Variation and intraspecific relationships in indian wild *Musa balbisiana* (bb) population as evidenced by random amplified polymorphic DNA. *Genetic Resources and Crop Evolution*. 53: 349–355.
- Valmayor, R.V., S.H. Jamaluddin, B. Silayoi, S. Kusumo, L.D. Danh, O.C. Pascua dan R.R.C. Espino. 2000. **Banana cultivar names and synonyms in Southeast Asia**. Philippines. International Network for the Improvement of Banana and Plantain – Asia and the Pacific Office.
- Varshney, R.K., K. Chabane, P.S. Hendre, R.K. Aggarwal, A. Graner. 2007. Comparative assessment of est-ssr, est-snp and aflu markers for evaluation of genetic diversity and conservation of genetic resources using wild, cultivated and elite barleys. *Plant Sci*. 173: 638–649.
- Virk, P.S., H.J. Newbury, M.T. Jackson, and B.V. Ford-Lloyd. 1995. The identification of duplicate accession within a rice germplasm collection using RAPD analysis. *Theor. Appl. Genet*. 90:1049-1055.
- Wang, Andrew H. J., Reinhard V. Gessner, Gus A. Van Der Marel, Jacques H. Van Boom, and Alexander Rich. 1985. Crystal Structure Of Z-Dna Without An Alternating Purine-Pyrimidine Sequence (Syn-Ani Conformation/Ring Pucker/Intramolecular Contacts/X-Ray Diffraction). *Biochemistry*. 82:1-4.
- Wardhany, K. H. 2014. *Khasiat ajaib pisang – khasiatnya a to z, dari akar hingga kulit buahnya, edisi i*. Yogyakarta. Rapha Publishing.
- Wijayanto, Teguh, Dirvamena Boer, dan La Ente. 2013. Hubungan kekerabatan aksesori pisang kepok (*Musa paradisiaca* formatypica) di kabupaten Muna berdasarkan karakter morfologi dan marka molekuler RAPD. *Jurnal Agroteknos*. 3 (3): 163-170.
- Yasminingsih, N. Andari. 2009. **Analisis keragaman genetik jarak pagar (*Jatropha curcas* L.) berdasarkan penanda molekuler RAPD**. Program Pasca Sarjana Universitas Sebelas Maret Surakarta. Thesis.
- Yu, Kangfu, dan K.P. Pauls. 1992. Optimization of the PCR program for RAPD analysis. *Nucleic Acids Research*. 20 (10): 2606.
- Yunanto, T. 2006. **Implikasi genetik sistem silvikultur tebang pilih tanam jalur (TPTJ) pada jenis *Shorea johorensis* berdasarkan metode RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA)**. Bogor: Departemen Silviculture, Fakultas Kehutanan, Institut Pertanian Bogor. Skripsi.
- Zargar, S. Majeed, Sufia Farhat, Reetika Mahajan, Ayushi Bhakhri, Arjun Sharma. 2016. Unraveling the efficiency of RAPD and SSR markers in

diversity analysis and population structure estimation in common bean. *Saudi Journal of Biological Sciences*. 23: 139–149.



Lampiran 1

JADWAL PENELITIAN

No.	Waktu (Bulan)	Kegiatan
1.	Desember	Penentuan topik penelitian
2.	Januari-Maret	Konsultasi proposal
3.	April	Seminar proposal skripsi
4.	April	Identifikasi morfologi pisang kultivar dan pengambilan sampel
5.	April-Mei	Pelaksanaan penelitian di dalam Laboratorium Genetika dan Molekuler Jurusan Biologi Fakultas Sains dan Teknologi Universitas Islam Negeri Maulana Malik Ibrahim Malang
6.	Mei	Pengolahan Data
7.	Juni	Seminar Hasil Skripsi

Lampiran 2

DESCRIPTOR FOR BANANA

NO	Descriptor	Poin				
		1	2	3	4	5
Secara Umum						
1.	Bentukan susunan daun	Tegak 	Intermediet 	Jatuh 	Lainnya	
2.	Susunan daun	Normal : tidak tumpang tindih	Tipe kerdil : sangat tumpang tindih			
Batang						
3.	Tinggi batang	≤2m	2.1m-2.9m	≥3m		
4.	Aspek batang	Ramping	Normal	Besar		
5.	Warna batang	Hijau kekuningan	Hijau sedang - hijau	Hijau gelap - Hijau kemerahan	Merah - Merah keunguan	Ungu
6.	Permukaan batang	Kusam (berlilin)	Terang (tidak berlilin)			
7.	Warna dasar batang yang dominan (dibuka pelepah terluar)	Hijau berair - Hijau terang	Hijau	Krem	Pink keunguan	Merah keunguan - Ungu
8.	Semburat warna batang /	Pink	Pink keunguan	Merah	Merah keunguan	Ungu

	pigmentasi					
9	Warna getah	Berair	Putih susu	Merah keunguan	Lainnya	
10.	Lilin pada pelepah daun	Sangat sedikit	Sedikit	Cukup berlilin	Cukup banyak	Sangat berlilin
11.	Perkembangan anakan	Lebih tinggi dari induk	Sama dengan induk	Lebih dari $\frac{3}{4}$ tinggi induk	Antara $\frac{1}{4}$ - $\frac{3}{4}$ tinggi induk	Terhambat
12.	Posisi anakan	Jauh dari induk (>50 cm)	Dekat dengan induk	Dekat dengan induk (tumbuh di sudut)		
Daun (Tangkai/pelepah/helai daun)						
13.	Bercak/bintik pada dasar tangkai	Jarang	Bintik kecil	Bintik besar	Berwarna menyala	Tidak berwarna
14.	Warna bintik	Coklat muda	Coklat	Coklat tua	Coklat kehitaman	Hitam
15.	Kanal tangkai daun ke-3 (dihitung dari daun pertama/teratas)	Terbuka dengan margin tersebar 	Lebar dengan margin tegak 	Lurus dengan margin tegak 	Margin melengkup ke dalam 	Margin tumpang tindih 
16.	Margin tangkai	Bersayap dan bergelombang	Bersayap dan	Bersayap dan memeluk batang	Tidak bersayap dan memeluk batang	Tidak bersayap dan tidak memeluk batang

17.	Tipe margin	Kering	Tidak kering			
18.	Warna margin	Hijau	Pink keunguan-merah	Ungu-biru	Lainnya	
19.	Tepi margin	Tidak berwarna	Dengan warna garis			
20.	Lebar margin	≤1 cm	>1 cm	Tidak bisa didefinisikan		
21.	Panjang helai daun	≤170 cm	171–220 cm	221-260 cm	≥261 cm	
22.	Lebar helai daun	≤70 cm	71-80 cm	81-90 cm	≥91 cm	
23.	Panjang tangkai (dari batang-helai)	≤50 cm	51-70 cm	≥71 cm		
24.	Warna permukaan atas daun	Hijau-kuning	Hijau sedang	Hijau	Hijau tua	Hijau tua dengan bintik merah keunguan
25.	Kenampakan permukaan atas daun	Kusam	Terang			
26.	Warna permukaan bawah daun	Hijau-kuning	Hijau sedang	Hijau	Hijau tua	Merah keunguan
27.	Kenampakan permukaan bawah daun	Kusam	Terang			
28.	Lilin pada daun (pada	Sangat	Sedikit	Cukup	Sangat	

	permukaan bawah)	sedikit	berlilin	berlilin	berlilin	
29.	Titik penyisipan helai daun pada tangkai	Simetri	Asimetri			
30.	Bentuk dasar helai daun	Kedua sisi membulat 	1 sisi Membulat – 1 sisi meruncing 	Meruncing pada kedua sisi 		
31.	Urut daun	Halus	Sedikit bergaris-garis	Sangat berkerut		
32.	Warna midrib permukaan dorsal	Kuning - Hijau terang	Hijau	Pink keunguan	Merah keunguan	Ungu-biru
33.	Warna midrib permukaan ventral	Kuning - Hijau terang	Hijau	Pink keunguan	Merah keunguan	Ungu-biru

Lampiran 3

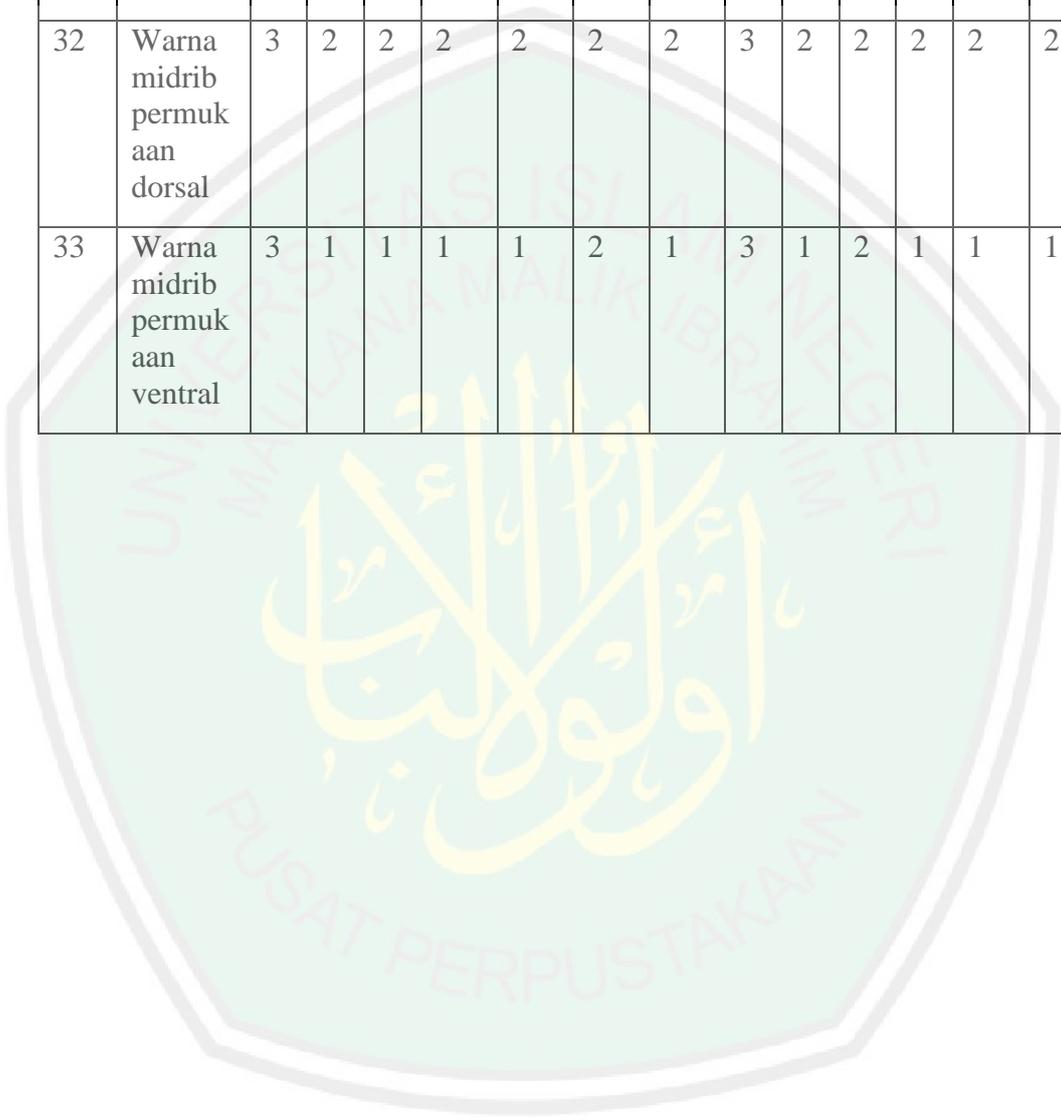
HASIL KARAKTERISASI MORFOLOGI KULTIVAR PISANG

No	Karak Ter	Nama Kultivar Pisang													
		AA			AAA			AAB			ABB			BB	
		R e j a n g	M a s	B e r l i n	Ko j o S a n t e n	A m b o n H o n g	M o r o s e b o	R a j S e r i b u	T r i o l i n	R a j a B r e n t e l	S o b o A w u	E b u n g	R a j a B a n d u n g	Kl u t h u k I j o	Kl u t h u k W u l u n g
1	Bentuk an susunan daun														
2	Susuna n daun	2	2	2	3	3	2	2	2	2	2	1	2	2	2
3	Tinggi batang	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
4	Aspek batang	1	1	1	1	2	1	1	1	2	1	2	2	1	2
5	Warna batang	1	1	1	2	2	2	1	2	2	1	2	2	1	2
6	Permuk aan batang	4	4	3	3	2	3	1	2	2	2	3	3	3	2
7	Warna dasar batang yang domina n (dibuka pelepah terluar)	1	1	2	2	2	2	2	1	2	2	2	2	1	1
8	Sembur at warna batang / pigmen tasi	5	5	1	4	2	4	3	2	2	2	4	4	4	2
9	Warna getah	4	4	1	1	1	1	1	1	1	1	1	2	2	2

10	Lilin pada pelepah daun	1	1	2	1	1	1	2	2	2	2	1	2	3	3
11	Perkembangan anakan	4	1	3	1	3	3	1	2	1	2	4	2	3	5
12	Posisi anakan	3	4	4	5	4	4	4	4	4	4	4	4	4	3
13	Bercak/bintik pada dasar tangkai	3	2	3	2	2	2	2	3	2	2	2	3	2	3
14	Warna bintik	3	3	3	2	3	3	4	4	2	2	3	1	2	3
15	Kanal tangkai daun ke-3 (dihitung dari daun pertama/teratas)	4	3	2	2	2	3	2	4	2	2	2	1	4	4
16	Margin tangkai	2	2	3	2	3	1	2	3	3	5	4	4	5	5
17	Tipe margin	2	2	5	2	5	1	3	2	2	2	5	2	4	4
18	Warna margin	1	1	2	2	2	1	2	2	1	2	2	2	2	2
19	Tepi margin	2	1	2	2	2	1	1	2	1	1	1	1	1	3
20	Lebar margin	2	2	2	2	2	1	1	2	1	1	1	1	1	2
21	Panjang helai daun	1	1	1	2	1	2	2	1	1	2	1	2	1	1

22	Lebar helai daun	1	1	1	1	2	1	1	3	2	1	1	1	1	3
23	Panjang tangkai (dari batang-helai)	1	2	1	1	2	2	1	2	1	2	1	1	1	2
24	Warna permukaan atas daun	1	1	1	1	2	1	1	2	2	2	2	2	1	2
25	Kenampakan permukaan atas daun	3	2	2	1	2	3	1	3	3	3	2	3	4	4
26	Warna permukaan bawah daun	2	1	2	1	2	2	2	2	1	1	2	2	1	2
27	Kenampakan permukaan bawah daun	3	1	2	1	2	2	2	3	2	2	3	3	3	2
28	Lilin pada daun (pada permukaan bawah)	1	2	1	1	1	1	2	1	1	1	1	1	1	1
29	Titik penyisipan helai daun pada tangkai	3	1	3	1	2	2	1	3	3	3	3	2	3	4

30	Bentuk dasar helai daun	1	2	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1
31	Urat daun	1	2	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1
32	Warna midrib permukaan dorsal	3	2	2	2	2	2	2	3	2	2	2	2	2	2
33	Warna midrib permukaan ventral	3	1	1	1	1	2	1	3	1	2	1	1	1	5



Lampiran 4

HASIL SKORING PITA DNA

OPA 1

Ukuran pita (bp)	P1	P2	P3	P4	P5	P6	P7	P8	P9	P10	P11	P12	P13	P14
600	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
550	0	1	0	0	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1
500	0	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
400	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
350	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
300	0	0	0	1	0	1	1	0	0	1	1	1	1	1
250	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
200	1	1	0	1	0	1	1	0	0	1	1	1	0	0
100	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
9	4	6	3	7	4	7	6	3	5	6	6	6	5	5

Keterangan : Total 9 pita yang muncul pada setiap sampel

OPA 2

Ukuran pita (bp)	P1	P2	P3	P4	P5	P6	P7	P8	P9	P10	P11	P12	P13	P14
1100	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1
1000	1	1	0	1	0	1	0	1	1	1	1	0	0	0
900	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
700	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
500	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
400	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0
350	1	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1
300	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	0	1	0	0
250	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
200	0	1	0	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0

150	0	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
11	6	7	5	6	5	7	5	8	8	8	6	7	6	6

Keterangan : Total 11 pita yang muncul pada setiap sampel

OPA 3

Ukuran pita (bp)	P1	P2	P3	P4	P5	P6	P7	P8	P9	P10	P11	P12	P13	P14
1150	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
1100	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
1050	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	0	1	1	0
1000	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	1
900	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	0	1	1	1
750	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
700	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0	1	1	1
650	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
600	0	0	1	1	1	1	0	0	0	1	0	1	0	0
550	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0
500	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1
400	1	1	1	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0
350	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
300	0	0	1	0	1	1	1	1	0	1	0	1	1	1
250	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	1
15	8	8	8	7	7	6	5	7	5	9	0	8	7	6

Keterangan : Total 15 pita yang muncul pada setiap sampel

OPA 4

Ukuran pita (bp)	P1	P2	P3	P4	P5	P6	P7	P8	P9	P10	P11	P12	P13	P14
1250	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	0
900	1	1	1	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0

700	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
600	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1
550	1	1	1	1	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0
450	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
350	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1
275	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
8	7	5	7	6	5	4	5	6	4	5	5	5	5	4

Keterangan : Total 8 pita yang muncul pada setiap sampel

OPA 5

Ukuran pita (bp)	P1	P2	P3	P4	P5	P6	P7	P8	P9	P10	P11	P12	P13	P14
1150	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
1100	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	1	1	1	0
1050	0	1	0	1	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0
1000	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1
900	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0	1	1	1	1
800	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
650	0	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0
550	0	1	1	1	1	1	1	1	0	0	1	1	1	1
500	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0
400	0	1	1	1	1	1	1	1	0	0	1	1	1	1
350	0	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0
275	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	1	1	1	0
12	0	7	6	8	6	7	4	3	0	1	8	6	6	4

Keterangan : Total 12 pita yang muncul pada setiap sampel

OPA 6

Ukuran pita (bp)	P1	P2	P3	P4	P5	P6	P7	P8	P9	P10	P11	P12	P13	P14
1375	1	1	1	1	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1
1200	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
1125	1	1	1	1	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1
900	0	1	1	1	0	0	1	0	1	1	1	1	1	1
700	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
600	0	0	1	1	0	0	1	0	1	0	1	0	0	0
550	0	0	1	0	0	0	1	0	0	1	0	1	1	1
450	0	1	0	1	0	1	0	0	1	0	1	0	0	0
300	0	1	1	1	0	0	1	0	1	0	1	1	1	1
200	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0
175	1	1	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
11	4	7	9	9	1	3	7	3	6	5	7	6	6	6

Keterangan : Total 11 pita yang muncul pada setiap sampel

OPA 7

Ukuran pita (bp)	P1	P2	P3	P4	P5	P6	P7	P8	P9	P10	P11	P12	P13	P14
1375	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
1300	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
1250	0	1	0	0	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0
1150	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	0	0
1125	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	1	1
1000	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	1	1	1	1
900	1	0	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1
800	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
700	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1

500	1	0	1	1	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1
450	1	0	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1
400	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
350	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	1	1	1	1
300	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
250	0	0	0	1	1	1	1	0	0	0	0	1	1	1
200	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	1
16	8	7	7	7	7	6	10	0	9	7	8	8	10	11

Keterangan : Total 16 pita yang muncul pada setiap sampel

OPA 8

Ukuran pita (bp)	P1	P2	P3	P4	P5	P6	P7	P8	P9	P10	P11	P12	P13	P14
1375	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	1	1
1275	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0
1250	1	1	1	1	1	0	0	1	0	0	0	1	0	0
1150	0	0	0	1	1	0	0	0	0	1	0	1	0	0
1125	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1
850	0	1	1	1	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1
750	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0
650	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
550	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
450	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0
400	0	0	0	1	1	0	1	0	1	0	1	0	1	1
300	0	0	0	1	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1
250	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0
150	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1
100	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
15	7	8	8	11	10	5	9	9	10	10	11	11	9	9

Keterangan : Total 15 pita yang muncul pada setiap sampel

OPA 9

Ukuran pita (bp)	P1	P2	P3	P4	P5	P6	P7	P8	P9	P10	P11	P12	P13	P14
1375	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0
1150	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
1125	1	0	1	1	0	0	0	1	0	1	0	1	1	1
1000	1	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0
900	1	0	0	1	0	0	0	1	0	1	0	1	1	1
850	0	0	0	1	0	0	0	1	0	1	0	1	1	1
750	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0
700	1	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
650	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
500	1	0	1	1	0	0	0	1	0	1	0	1	1	1
350	0	0	0	1	0	0	0	1	0	1	0	0	1	0
300	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	1
250	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
13	5	0	3	8	0	0	0	8	0	9	0	7	6	5

Keterangan : Total 13 pita yang muncul pada setiap sampel

OPA 10

Ukuran pita (bp)	P1	P2	P3	P4	P5	P6	P7	P8	P9	P10	P11	P12	P13	P14
1375	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	0	1
12250	1	1	1	0	1	0	0	1	1	1	1	1	1	1
1125	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1
1000	1	1	1	1	1	0	1	1	1	0	0	0	0	0
900	0	1	0	1	0	0	1	0	1	1	1	1	1	1
800	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	0	0
650	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1
550	0	1	1	1	1	0	0	1	0	1	1	1	1	1

500	1	1	1	0	1	0	1	1	0	0	0	1	0	0
400	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
375	1	0	1	1	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0
300	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1
200	0	0	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1
13	8	9	10	9	10	0	8	9	10	9	10	10	7	8

Keterangan : Total 13 pita yang muncul pada setiap sampel

OPA 11

Ukuran pita (bp)	P1	P2	P3	P4	P5	P6	P7	P8	P9	P10	P11	P12	P13	P14
1300	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
1250	0	0	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0	1	1
1050	0	0	1	0	1	0	1	1	0	1	0	0	1	1
1000	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
950	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0	0	0
750	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0	1	1
600	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0	1	1
550	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
450	0	0	1	0	0	1	0	1	0	1	0	0	0	0
400	0	1	1	0	1	1	0	1	0	0	0	0	1	0
300	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0	1	1
250	0	0	0	0	1	0	1	1	0	1	0	0	1	1
12	6	7	9	5	8	7	7	9	0	8	0	0	7	6

Keterangan : Total 12 pita yang muncul pada setiap sampel

OPA 12

Ukuran pita (bp)	P1	P2	P3	P4	P5	P6	P7	P8	P9	P10	P11	P12	P13	P14
1300	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	1	1	1	1

1275	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
1250	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
1150	0	0	0	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1
1125	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
1000	1	1	1	1	1	0	0	0	1	1	1	1	1	1
800	1	0	1	1	1	0	1	1	0	0	1	1	1	1
700	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1
650	0	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
600	0	1	0	1	0	1	1	0	0	1	1	1	1	1
525	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
500	0	1	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0
475	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1
450	1	0	0	1	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0
400	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
300	0	1	0	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1
200	1	0	1	0	1	0	0	0	1	1	1	1	1	0
17	7	8	7	9	9	6	9	8	8	10	11	11	11	10

Keterangan : Total 17 pita yang muncul pada setiap sampel

OPA 13

Ukuran pita (bp)	P1	P2	P3	P4	P5	P6	P7	P8	P9	P10	P11	P12	P13	P14
1375	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
1250	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
1125	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
1000	0	1	0	1	1	0	0	1	1	0	0	1	0	0
800	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1
700	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
6	0	5	0	5	5	4	4	5	5	5	5	6	5	5

Keterangan : Total 6 pita yang muncul pada setiap sampel

OPA 14

Ukuran pita (bp)	P1	P2	P3	P4	P5	P6	P7	P8	P9	P10	P11	P12	P13	P14
1350	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
1000	0	0	1	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	1
900	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1
500	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0
4	1	1	2	2	2	1	3	3	1	3	3	3	3	3

Keterangan : Total 4 pita yang muncul pada setiap sampel

OPA 15

Ukuran pita (bp)	P1	P2	P3	P4	P5	P6	P7	P8	P9	P10	P11	P12	P13	P14
1300	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
1150	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1
1125	1	1	1	1	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0
1000	0	0	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0
900	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1
800	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	0	0
700	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
500	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
8	3	5	5	3	4	2	4	2	4	4	4	5	3	3

Keterangan : Total 8 pita yang muncul pada setiap sampel

OPA 16

Ukuran pita (bp)	P1	P2	P3	P4	P5	P6	P7	P8	P9	P10	P11	P12	P13	P14
1300	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
1200	1	1	0	0	1	1	1	1	0	1	1	0	0	0
1125	1	1	0	1	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0

1050	0	0	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1
800	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
700	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
600	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0
500	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
8	5	5	3	4	5	4	6	5	3	4	4	3	2	2

Keterangan : Total 8 pita yang muncul pada setiap sampel

OPA 17

Ukuran pita (bp)	P1	P2	P3	P4	P5	P6	P7	P8	P9	P10	P11	P12	P13	P14
1400	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
1300	0	1	0	1	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0
1250	0	0	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1
1200	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1
1050	0	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1
900	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1
800	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0
700	0	1	0	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1
600	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
500	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	0	1	1	0
400	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1
350	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0
250	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0
13	2	6	6	8	7	4	8	9	9	12	11	11	8	7

Keterangan : Total 13 pita yang muncul pada setiap sampel

OPA 18

Ukuran pita (bp)	P1	P2	P3	P4	P5	P6	P7	P8	P9	P10	P11	P12	P13	P14
1375	0	0	0	0	1	0	0	1	0	1	1	1	0	1
1250	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	1	1
1150	1	1	0	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0
1050	1	1	1	1	1	1	1	0	0	1	1	0	0	0
1000	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
900	0	1	0	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0
750	0	1	1	1	1	0	0	0	0	1	1	1	1	1
700	1	1	0	1	1	1	0	0	0	1	1	0	1	1
600	1	1	1	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	1
500	1	1	0	1	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0
450	0	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1
400	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
350	0	0	1	1	1	0	1	1	0	1	1	1	1	1
300	0	0	0	1	0	1	0	0	0	1	1	0	0	0
250	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	1
15	7	11	6	10	9	7	8	6	0	8	9	5	7	8

Keterangan : Total 15 pita yang muncul pada setiap sampel

OPA 19

Ukuran pita (bp)	P1	P2	P3	P4	P5	P6	P7	P8	P9	P10	P11	P12	P13	P14
1375	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	1	1
1300	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
1250	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1
1200	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	1	1	1
1125	0	1	1	1	0	1	1	0	1	0	1	0	0	1
1050	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

1000	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
800	0	1	0	1	0	0	1	1	0	1	1	1	1	1	1
750	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0
700	1	1	1	1	0	1	1	1	0	1	0	1	0	0	0
650	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1
550	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
300	0	1	1	1	0	0	1	1	0	0	0	1	1	1	1
13	5	7	5	6	0	4	8	7	7	7	6	8	7	8	8

Keterangan : Total 13 pita yang muncul pada setiap sampel

OPA 20

Ukuran pita (bp)	P1	P2	P3	P4	P5	P6	P7	P8	P9	P10	P11	P12	P13	P14
1375	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
1300	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0
1200	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0
1125	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
1050	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
1000	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0
950	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0
750	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0
600	0	1	1	1	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0
450	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
400	0	0	1	1	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0
350	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0
250	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
13	2	8	9	9	6	8	8	7	7	5	4	5	1	0

Keterangan : Total 13 pita yang muncul pada setiap sampel



KEMENTERIAN AGAMA
UNIVERSITAS ISLAM NEGERI MAULANA MALIK IBRAHIM MALANG
FAKULTAS SAINS DAN TEKNOLOGI
JURUSAN BIOLOGI
Jl. Gajayana No. 50 Malang 65144 Telp (0341) 551354, Faksimile (0341) 572533

BUKTI KONSULTASI SKRIPSI

Nama : Lailatus Sholichah
NIM : 15620111
Program : S1 Biologi
Semester : Ganjil TA 2019/2020
Pembimbing : Didik Wahyudi, M.Si
Judul Skripsi : Karakterisasi Genom Kultivar Pisang Berdasarkan Marka Morfologi dan Marka Molekuler RAPD

No	Tanggal	Uraian Materi Konsultasi	Ttd Pembimbing
1.	2 Juni 2019	Konsultasi BAB I-III	
2.	5 Juni 2019	Revisi BAB I-II	
3.	9 Juni 2019	Revisi BAB III	
4.	12 Juni 2019	Konsultasi Hasil	
5.	15 Juni 2019	Konsultasi pembahasan hasil	
6.	20 Juni 2019	Revisi Hasil dan Pembahasan	
7.	1 Juli 2019	Revisi BAB IV-V	
8.	5 Juli 2019	Pengefixkan BAB I-V	
9.	7 Juli 2019	ACC	

Pembimbing Skripsi

Didik Wahyudi, M.Si
NIP. 19860102201801 1001

Malang, 20 Agustus 2019
Ketua Jurusan



Romadhoni, M.Si D.Sc
NIP. 19810201 200901 1 019



KEMENTERIAN AGAMA
UNIVERSITAS ISLAM NEGERI MAULANA MALIK IBRAHIM MALANG
FAKULTAS SAINS DAN TEKNOLOGI
JURUSAN BIOLOGI
Jl. Gajayana No. 50 Malang 65144 Telp (0341) 551354, Faksimile (0341) 572533

BUKTI KONSULTASI SKRIPSI

Nama : Lailatus Sholichah
NIM : 15620111
Program : S1 Biologi
Semester : Ganjil TA 2019/2020
Pembimbing : Oky Bagas Prasetyo, M.PdI
Judul Skripsi : Karakterisasi Genom Kultivar Pisang Berdasarkan Marka Morfologi dan Marka Molekuler RAPD

No	Tanggal	Uraian Materi Konsultasi	Ttd Pembimbing
1.	28 Juni 2019	Konsultasi Integrasi BAB I	
2.	1 Juli 2019	Revisi BAB I	
3.	3 Juli 2019	Konsultasi Integrasi BAB IV	
4.	5 Juli 2019	Revisi BAB IV	
5.	7 Juli 2019	ACC	

Pembimbing Skripsi

Oky Bagas Prasetyo, M.PdI
NIP. 19890113201802011244

Malang, 20 Agustus 2019
Ketua Jurusan

Romaidi, M.Si, D.Sc
NIP. 19810201 200901 1 019