

**PENGELOMPOKAN GENOM KULTIVAR PISANG BERDASARKAN
KARAKTER MORFOLOGI DAN MARKA MOLEKULER ISSR (*Inter-
Simple Sequence Repeat*)**

SKRIPSI

Oleh:
KHAFIDHOTUR RIFLIYAH
NIM. 15620019



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

**PENGELOMPOKAN GENOM KULTIVAR PISANG BERDASARKAN
KARAKTER MORFOLOGI DAN MARKA MOLEKULER ISSR (*Inter-
Simple Sequence Repeat*)**

HALAMAN JUDUL

SKRIPSI

**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)**

**Oleh:
KHAFIDHOTUR RIFLIYAH
NIM. 15620019**

**JURUSAN BIOLOGI
FAKULTAS SAINS DAN TEKNOLOGI
UNIVERSITAS ISLAM NEGERI (UIN)
MALANG
2019**

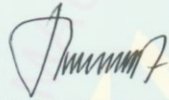
**PENGELOMPOKAN GENOM KULTIVAR PISANG BERDASARKAN
KARAKTER MORFOLOGI DAN MARKA MOLEKULER ISSR (*Inter-
Simple Sequence Repeat*)**

SKRIPSI

Oleh:
KHAFIDHOTUR RIFLIYAH
NIM. 15620019

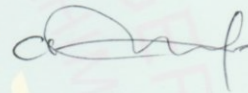
Telah Diperiksa dan Disetujui untuk Diuji
Tanggal: 30 September 2019

Dosen Pembimbing I



Didik Wahyudi, M.Si
NIP. 198601022018011001

Dosen Pembimbing II

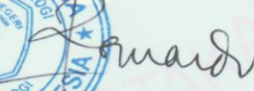


Oky Bagas Prasetyo, M.Pd.I
NIDT. 19890113201802011244

Tanggal, 30 September 2019

Mengetahui,
Ketua Jurusan Biologi




Romaidi, M.Si, D.Sc
NIP. 198102012009011019

**PENGELOMPOKAN GENOM KULTIVAR PISANG BERDASARKAN
KARAKTER MORFOLOGI DAN MARKA MOLEKULER ISSR (*Inter-
Simple Sequence Repeat*)**

SKRIPSI

Oleh:
KHAFIDHOTUR RIFLIYAH
NIM. 15620019

Telah Dipertahankan di Depan Dewan Penguji Skripsi dan
Dinyatakan Diterima sebagai Salah Satu Persyaratan
untuk Memperoleh Gelar Sarjana Sains (S.Si)

Tanggal: 30 September 2019

Penguji Utama	:	Suyono, M.P NIP. 197106222003121002	(.....)
Ketua Penguji	:	Azizatur Rohmah, M.Si NIDT. 19860930201608012065	(.....)
Sekretaris Penguji:		Didik Wahyudi, M.Si NIP. 198601022018011001	(.....)
Anggota Penguji	:	Oky Bagas Prasetyo, M.Pd.I NIDT. 19890113201802011244	(.....)

Mengetahui,

Ketua Jurusan Biologi



Romaidi, M.Si, D.Sc

NIP. 198102012009011019

PERNYATAAN KEASLIAN TULISAN

Saya yang bertanda tangan di bawah ini:

Nama :Khafidhotur Rifliyah

NIM :15620019

Jurusan :Biologi

Fakultas :Sains dan Teknologi

Judul Skripsi :Pengelompokan Genom Kultivar Pisang berdasarkan Karakter Morfologi dan Marka Molekuler ISSR (*Inter-Simple Sequence Repeat*)

Menyatakan dengan sebenarnya bahwa skripsi yang saya tulis benar-benar merupakan hasil karya sendiri, bukan merupakan pengambilalihan data, tulisan atau pikiran orang lain yang saya akui sebagai tulisan atau pikiran saya. Apabila di kemudian hari terbukti atau dapat dibuktikan ini hasil jiplakan, maka saya bersedia menerima sanksi atas perbuatan tersebut.

Malang, 30 September 2019
Yang membuat pernyataan,



Khafidhotur Rifliyah
NIM. 15620019

MOTTO

“Karena sesungguhnya, sesudah kesulitan itu ada kemudahan. Sesungguhnya sesudah kesulitan ada kemudahan” (Q.S Al Insyirah: 5-6)

“Jika kalian berbuat baik, sesungguhnya kalian berbuat baik bagi diri kalian sendiri” (QS. Al-Isra:7)

“Sebaik-baik manusia adalah yang bermanfaat bagi sesamanya”
(Rasulullah saw)

Belajarlah dari siapapun, karena Guru tidak hanya yang berpenampilan rapi di depan kelas.

Belajarlah dari apapun yang dapat kau tangkap dengan panca indera dan rasa (kalbu), kerana ilmu Allah terhampar sangat luas di semesta ini, baik yang tertulis maupun yang tergelar.

Jagalah tutur katamu terhadap orang lain, niscaya orang lain akan menjaga tutur katanya terhadapmu

Lihatlah semua peristiwa dari berbagai sudut pandang yang kau mampu, niscaya kau akan menemukan hikmah dibalikinya.

Bantulah orang lain selagi kamu mampu dan jangan takut untuk membagi ilmu yang telah kau peroleh

Hidup hanya sekali, maknailah arti, jadilah berarti, lalu mati

(RIFLIA)

HALAMAN PERSEMBAHAN

Dengan mengucapkan

الْحَمْدُ لِلَّهِ رَبِّ الْعَالَمِينَ

Skripsi ini saya persembahkan untuk:

keluarga saya tercinta

Bapak Bahrodin, Ibu Binti Rosidah dan mbakku Nurul Amaliyatin Naja

Mereka adalah manusia hebat yang berpengaruh besar pada pribadi saya saat ini. Tidak ada keindahan yang Allah ciptakan melebihi indahnya keluarga. Mereka adalah manusia-manusia yang selalu memberikan motivasi dan pelajaran hidup yang tak ternilai harganya, membimbing saya dengan penuh kasih sayang dan kesabaran. Mereka pulalah alasan terbesar saya untuk merampungkan skripsi ini.

Pembimbing skripsi saya, Bapak Didik Wahyudi, M.Si

Beliau adalah sosok yang patut saya jadikan panutan. Dari beliau saya mampu belajar tentang kedisiplinan, kesopanan dalam berinteraksi dengan orang lain (mampu menentukan sikap dengan lawan bicara) dan karismatik. Terimakasih telah membimbing saya dengan baik dan penuh kesabaran.

TIM GEDHANG

Terima kasih untuk semua pelajaran hidup yang telah kita lewati selama proses penelitian ini berlangsung (Laila dan Nadia), tidak lupa juga tim gedhang generasi pertama Mas Rasya, Mas Affan, Mbak Nurul dan Mbak Upik yang bersedia direpotkan baik secara offline maupun online.

KATA PENGANTAR

Puji syukur kami panjatkan kepada Allah swt yang telah melimpahkan rahmat, taufik, serta hidayah-Nya, sehingga penulis dapat menyelesaikan proposal penelitian dengan judul “Pengelompokan Genom Kultivar Pisang berdasarkan Karakter Morfologi dan Marka Molekuler ISSR (*Inter-Simple Sequence Repeat*)”.

Penulis mengucapkan terima kasih kepada semua pihak yang telah berkontribusi dalam proses penyelesaian skripsi ini. Ucapan terima kasih penulis sampaikan kepada:

1. Bapak Prof. Dr. 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, D.Sc selaku Ketua Jurusan Biologi Fakultas Sains dan Teknologi, Universitas Islam Negeri Maulana Malik Ibrahim, Malang
4. Bapak Didik Wahyudi, M.Si dan Bapak Oky Bagas Prasetyo, M.Pd.I selaku Dosen Pembimbing skripsi dan konsultan yang telah banyak meluangkan waktunya untuk memberikan bimbingan dengan penuh kesabaran
5. Bapak Suyono, M.P dan Ibu Azizatur Rohmah, M.Si selaku Dosen penguji yang memberikan kritik dan saran sehingga tugas akhir dapat terselesaikan
6. Ibu Dr. Hj. Ulfah Utami, M.Si selaku Dosen Wali yang telah memberikan dukungan dan semangat sehingga skripsi dapat terselesaikan
7. Seluruh dosen, laboran dan staff administrasi Jurusan Biologo yang telah membantu dan memberikan kemudahan dalam proses penyelesaian skripsi
8. Kudua orang tua Bapak Bahrodin dan Ibu Binti Rosidah, juga kakakku Nurul Amaliyatin Naja, S.Pd yang tak henti-hentinya melimpahkan doa dan motivasi kepada penulis
9. Seluruh teman-teman Genetist (Biologi 2015), rekan-rekanku POBIA (Populasi Bio A), dan juga teman seperjuangan Tim Gedhang (Laila & Nadia), serta semua pihak yang memberikan dukungan baik moril maupun materiil dalam menyelesaikan skripsi ini.

Penulis menyadari bahwa penulisan skripsi ini masih terdapat kekurangan dan penulis berharap semoga penelitian ini bisa memberikan manfaat kepada para pembaca umumnya dan kepada penulis khususnya. Aamiin Yaa Rabbal'alamiin.

Malang, 30 Agustus 2019

Penulis



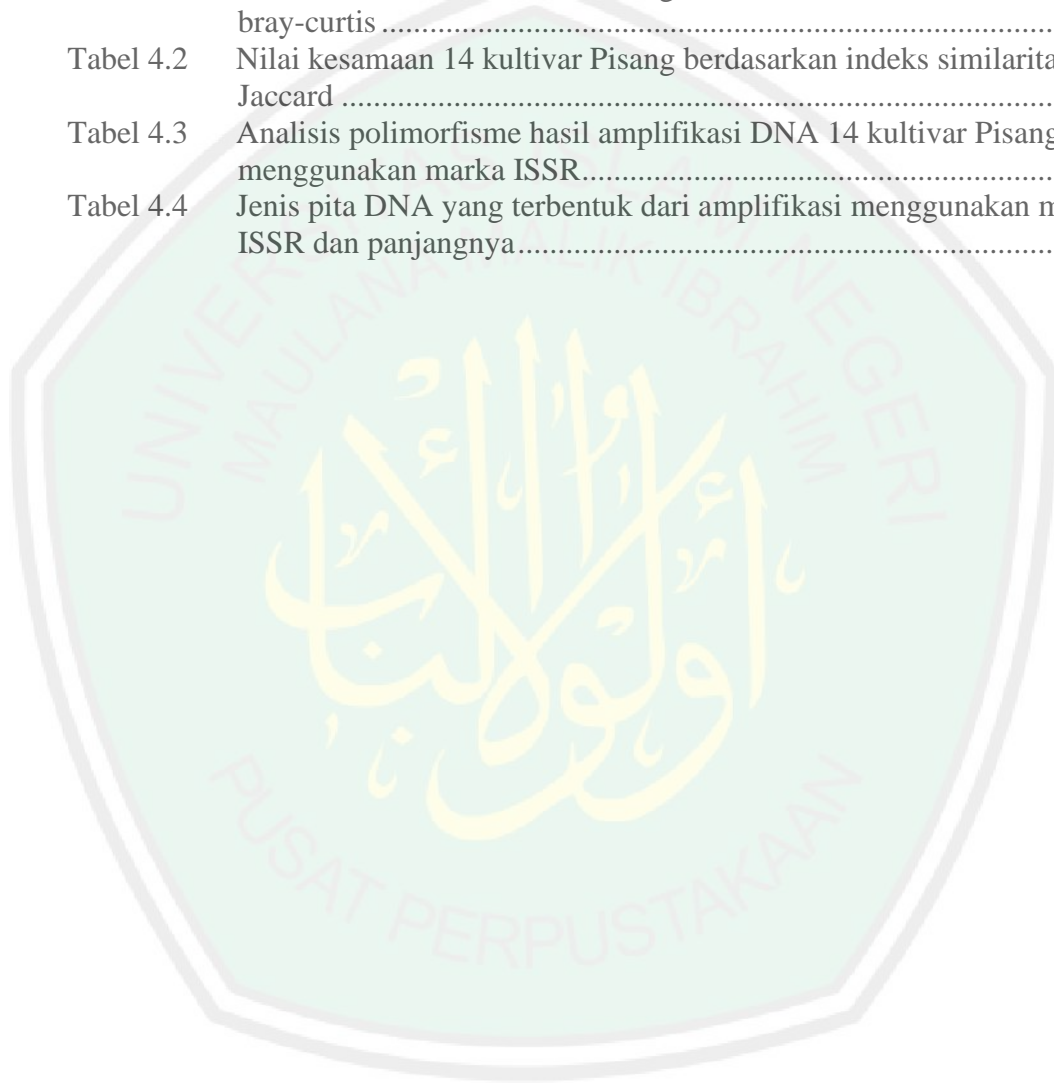
DAFTAR ISI

COVER	i
HALAMAN JUDUL	ii
HALAMAN PERSETUJUAN	iii
HALAMAN PENGESAHAN	iv
HALAMAN PERNYATAAN KEASLIAN TULISAN	v
MOTTO	vi
HALAMAN PERSEMBAHAN	vii
KATA PENGANTAR	viii
DAFTAR ISI	x
DAFTAR TABEL	xii
DAFTAR GAMBAR	xiii
DAFTAR LAMPIRAN	xiv
ABSTRAK	xv
ABSTRACT	xvi
المخلص	xvii
BAB I PENDAHULUAN	1
1.1 Latar Belakang	1
1.2 Rumusan Masalah	5
1.3 Tujuan Penelitian.....	5
1.4 Manfaat Penelitian.....	6
1.5 Batasan Masalah.....	6
BAB II TINJAUAN PUSTAKA	7
2.1 Botani Umum Pisang	7
2.2 Persebaran Pisang.....	12
2.3 Tata Nama dan Pengelompokan Genom Kultivar Pisang.....	15
2.4 Marka Molekuler ISSR (<i>Inter-Simple Sequence Repeat</i>)	17
BAB III METODE PENELITIAN	19
3.1 Jenis Penelitian	19
3.2 Waktu dan Tempat Penelitian	19
3.3 Alat dan Bahan	19

3.3.1	Alat	19
3.3.2	Bahan	20
3.4	Prosedur Penelitian	21
3.4.1	Klasifikasi Karakter Morfologi	21
3.4.2	Klasifikasi Karakter Molekuler	21
3.5	Analisis Data	24
3.5.1	Skoring Data	24
3.5.2	Analisis Kekuatan Primer	25
3.5.3	Analisis Pengelompokan	26
3.5.4	Analisis Persamaan Pita DNA	26
BAB IV	HASIL DAN PEMBAHASAN	28
4.1	Karakterisasi Kultivar Pisang berdasarkan Marka Morfologi.....	28
4.2	Karakterisasi Kultivar Pisang berdasarkan Marka Molekuler ISSR (<i>Inter-Simple Sequence Repeat</i>)	35
4.2.1	Amplifikasi PCR ISSR (<i>Inter-Simple Sequence Repeat</i>).....	40
4.3	Perbandingan Karakterisasi Kultivar Pisang berdasarkan Marka Morfologi dan Marka Molekuler ISSR.....	47
BAB V	PENUTUPAN	51
5.1	Kesimpulan.....	51
5.2	Saran.....	51
DAFTAR PUSTAKA		52
LAMPIRAN.....		60

DAFTAR TABEL

Tabel 2.1	Pengelompokan kultivar Pisang berdasarkan skor total	16
Tabel 3.1	Primer ISSR yang digunakan dalam penelitian	20
Tabel 3.2	Macam-macam jenis Pisang yang digunakan dalam penelitian yang ada di Kebun Plasma Nutfah Yogyakarta, Dinas Pertanian dan Pangan	21
Tabel 4.1	Nilai kesamaan 14 kultivar Pisang berdasarkan indeks similaritas bray-curtis	31
Tabel 4.2	Nilai kesamaan 14 kultivar Pisang berdasarkan indeks similaritas Jaccard	37
Tabel 4.3	Analisis polimorfisme hasil amplifikasi DNA 14 kultivar Pisang menggunakan marka ISSR.....	41
Tabel 4.4	Jenis pita DNA yang terbentuk dari amplifikasi menggunakan marka ISSR dan panjangnya.....	43

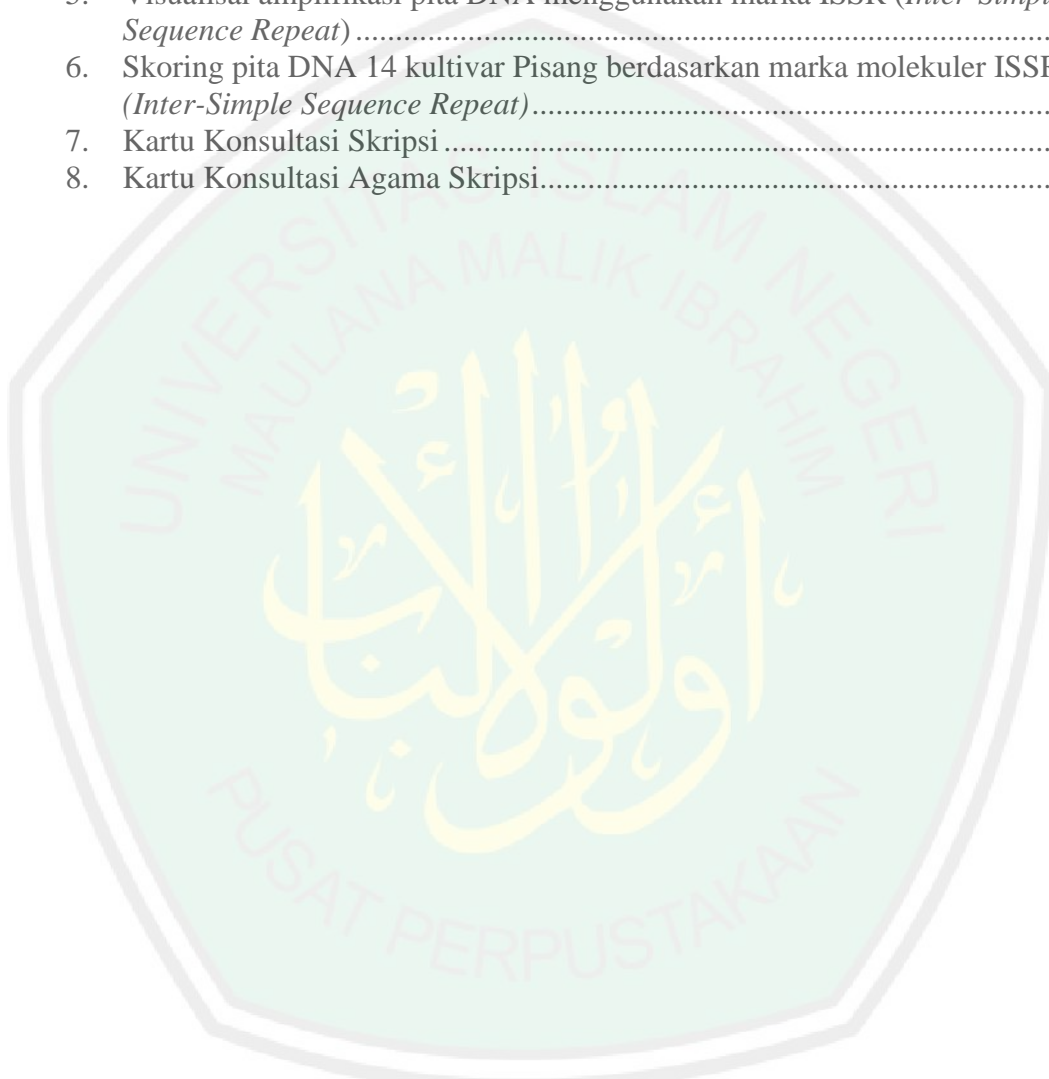


DAFTAR GAMBAR

Gambar 2.1	Morfologi Pisang.....	7
Gambar 2.2	Posisi Famili Musaceae dalam Ordo Zingiberales dengan sifat apomorfi yang terpilih	8
Gambar 2.3	Macam-macam warna batang semu pada Pisang.....	8
Gambar 2.4	Getah pada Pisang	9
Gambar 2.5	Bercak pada tangkai daun Pisang.....	10
Gambar 2.6	Bentuk pangkal daun Pisang	11
Gambar 2.7	Berbagai bentuk braktea Pisang	11
Gambar 2.8	Penampakan organ generatif Pisang	12
Gambar 2.9	Keberadaan biji pada Pisang	12
Gambar 2.10	Distribusi geografi genus <i>Musa</i> berdasarkan empat <i>section</i>	13
Gambar 2.11	Distribusi geografi <i>Musa acuminata</i> dan <i>Musa balbisiana</i>	14
Gambar 2.12	Distribusi geografi kultivar Pisang berdasarkan variasi Genomnya.....	14
Gambar 3.1	Cara penilaian pita DNA dengan sistem <i>scoring</i>	24
Gambar 4.1	Karakter Sinapomorfi Kultivar Pisang yang bergenom AA	28
Gambar 4.2	Karakter Sinapomorfi Kultivar Pisang yang bergenom AAA	29
Gambar 4.3	Karakter Sinapomorfi Kultivar Pisang yang bergenom AAB.....	29
Gambar 4.4	Karakter Sinapomorfi Kultivar Pisang yang bergenom ABB.....	30
Gambar 4.5	Karakter Sinapomorfi Kultivar Pisang yang bergenom BB.....	30
Gambar 4.6	Dendogram 14 kultivar Pisang berdasarkan karakter morfologi menggunakan indeks similaritas Bray-curtis.....	33
Gambar 4.7	PCoA berdasarkan karakter morfologi menggunakan indeks similaritas Bray-curtis dalam pengelompokan 14 kultivar Pisang	34
Gambar 4.8	Visualisasi hasil isolasi DNA 14 kultivar Pisang menggunakan gel elektroforesis	35
Gambar 4.9	Dendogram 14 kultivar Pisang berdasarkan marka molekuler ISSR menggunakan indeks similaritas Jaccard.....	38
Gambar 4.10	PCoA berdasarkan marka molekuler ISSR menggunakan indeks similaritas Jaccard dalam pengelompokan 14 kultivar Pisang	39

DAFTAR LAMPIRAN

1. Rincian dan Jadwal Pelaksanaan Penelitian (<i>Time Schedule</i>)	61
2. Deskriptor karakter morfologi kultivar Pisang yang diamati	62
3. Hasil scoring karakter morfologi kultivar pisang berdasarkan buku diskriptor IPGRI (1996)	64
4. Uji kuantitatif isolasi DNA 14 kultivar Pisang menggunakan AE-Nano 200 <i>Nucleid Acid Analyze 2.0</i>	65
5. Visualisai amplifikasi pita DNA menggunakan marka ISSR (<i>Inter-Simple Sequence Repeat</i>)	66
6. Skoring pita DNA 14 kultivar Pisang berdasarkan marka molekuler ISSR (<i>Inter-Simple Sequence Repeat</i>)	67
7. Kartu Konsultasi Skripsi	70
8. Kartu Konsultasi Agama Skripsi	71



ABSTRAK

Rifliyah, K. 2019. **Pengelompokan Genom Kultivar Pisang berdasarkan Karakter Morfologi dan Marka Molekuler ISSR (*Inter-Simple Sequence Repeat*)**. Proposal Penelitian. Jurusan Biologi, Fakultas Sains dan Teknologi, Universitas Islam Negeri Maulana Malik Ibrahim Malang. Pembimbing I: Didik Wahyudi, M.Si; pembimbing II: Oky Bagas Prasetyo, M. Pd. I

Kata Kunci: genom, ISSR, *Musa acuminata*, *Musa balbisiana*

Pisang merupakan salah satu komoditas hortikultura dari kelompok buah-buahan dan menjadi komoditas buah yang utama di Indonesia. Sebagai negara penghasil komoditas Pisang, Indonesia menempati urutan ke sepuluh di dunia dengan lebih dari 200 varietas yang tersebar di seluruh kepulauan Indonesia. Selain di budidayakan di Indonesia, Pisang juga dibudidayakan di negara-negara Asia Tenggara. Hal inilah yang membuat Asia tenggara dijuluki *the center origin of Banana*. Tujuannya untuk mengetahui bagaimana pengelompokan kultivar Pisang berdasarkan marka morfologi dan marka molekuler ISSR. Selain itu, juga ingin mengetahui sifat yang diwariskan tetua Pisang kepada turunannya melalui pita DNA. Metode yang digunakan dalam penelitian ini adalah metode diskriptif eksploratif dan kualitatif. Pengambilan data terbagi menjadi 2 macam yaitu data morfologi memakai buku *descriptor* IPGRI (1996) dan data molekuler menggunakan marka ISSR. Berdasarkan analisa data diperoleh kesimpulan bahwa karakter morfologi dan marka molekuler mampu mengelompokkan 14 kultivar Pisang menjadi 5 cluster sesuai dengan genomnya.

ABSTRACT

Rifliyah, K. 2019. **Characterization of Banana Cultivar Genome Grouping Based On Morphological Markers and ISSR (*Inter-Simple Sequence Repeat*) Molecular Markers**. Research Proposal. Biology Departement, Faculty of Science and Technology. Islamic State University of Maulana Malik Ibrahim Malang. Supervisor I: Didik Wahyudi, M.Si. Supervisor II: Oky Bagas Prasetyo, M.Pd.I

Keywords: genome, ISSR, *Musa acuminata*, *Musa balbisiana*

Banana is one of the horticultural commodities of the fruit group and is the main commodity in Indonesia. As a producer of Banana commodities, Indonesia ranks 10th in the world with more than 200 varieties spread throughout the Indonesia archipelago. Bananas are also cultivated in Southeast Asian countries. That makes Southeast Asia called the center origin of banana. The method used in this research is descriptive, explorative and qualitative methods. Data retrieval is divided into two kinds, namely morphological data based on descriptors (IPGRI, 1996) and molecular data using ISSR markers. The purpose is to find out how the banana cultivars are grouped based on morphological markers and molecular markers. Besides that, he also wanted to know the traits that Banana elders have inherited to his descendants through DNA bands. Based on the results of data analysis, it was concluded that morphological markers and molecular markers differed in grouping 14 Banana cultivars according to their genomes.

المخلص

الرّفلية، خافضة. 2019. توصيف مجموعة الموز للثقافة البنائية المستندة إلى المورفولوجيا وعلامات **ISSR** الجزئية (تكرار تسلسل بين البساطة). بحث جامعي. قسم الأحياء، كلية العلوم والتكنولوجيا، جامعة مولانا مالك إبراهيم الحكومية الإسلامية مالانج. المشرف الأول: ديديك وحيودي الماجستير المشرف الثاني: أوكي بكاس فراستيا الماجستير

الكلمة الرئيسية: أصناف الموز ، التجميع ، الجينومات ، علامات المورفولوجية ، الجزئي **ISSR**

يعتبر الموز أحد السلع الأساسية البستانية لمجموعة الفاكهة ويعتبر سلعة الفاكهة الرئيسية في إندونيسيا. كدولة منتجة للسلع الموز ، تحتل إندونيسيا المرتبة العاشرة في العالم مع أكثر من 200 صنف منتشرة في جميع أنحاء جزر إندونيسيا. إلى جانب كونه يزرع في إندونيسيا ، يزرع الموز أيضاً في دول جنوب شرق آسيا. هذا ما يجعل جنوب شرق آسيا يطلق عليه اسم منشأ الموز. الطريقة المستخدمة في هذا البحث هي الأساليب الوصفية والنوعية. تم تقسيم استرجاع البيانات إلى نوعين هما البيانات المورفولوجية باستخدام كتاب واصف (1996) **IPGRI** والبيانات الجزئية باستخدام علامات **ISSR**. الهدف من ذلك هو معرفة كيف يعتمد تجميع أصناف الموز على العلامات المورفولوجية والعلامات الجزئية **ISSR**. بالإضافة إلى ذلك ، أراد أيضاً معرفة السمات التي ورثها شيوخ الموز من خيوط الحمض النووي الخاصة بهم. بناءً على تحليل المعطيات ، استنتج أن الواسمات المورفولوجية والواسمات الجزئية اختلفت في تجميع 14 نوع من أصناف الموز بناءً على جينوماتها. عند مشاهدتها من شريط الحمض النووي المتكون

BAB I PENDAHULUAN

1.1 Latar Belakang

Pisang merupakan salah satu komoditas hortikultura dari kelompok buah-buahan (Ambarita, 2015) dan menjadi komoditas buah yang utama di Indonesia (BPS, 2017). Sebagai negara penghasil komoditas Pisang, Indonesia menempati urutan ke sepuluh di dunia (FAOSTAT, 2017) dengan lebih dari 200 varietas yang tersebar di seluruh kepulauan Indonesia (Nasution, 1991). Selain banyak dibudidayakan di Indonesia, Pisang juga banyak dibudidayakan di negara-negara Asia Tenggara seperti halnya negara Thailand, Malaysia, Vietnam dan Filipina. Hal inilah yang membuat Asia Tenggara dijuluki *the center origin of Banana* (Perrier, 2011).

Keragaman makhluk hidup yang tersebar di muka bumi adalah bukti atas kebesaran Allah swt. Allah swt menciptakannya semata-mata ditujukan untuk diambil hikmahnya oleh umat manusia yang meyakini kekuasaan-Nya, sebagaimana firman-Nya dalam surah al-An'am (6) ayat 99, sebagai berikut:

وَهُوَ الَّذِي أَنْزَلَ مِنَ السَّمَاءِ مَاءً فَأَخْرَجْنَا بِهِ نَبَاتَ كُلِّ شَيْءٍ فَأَخْرَجْنَا مِنْهُ خَضِرًا حُجْرًا مِنْهُ
 حَبًّا مُتَرَاكِبًا وَمِنَ النَّخْلِ مِن طَلْعِهَا قِنْوَانٌ دَانِيَةٌ وَجَنَّاتٍ مِّنْ أَعْنَابٍ وَالزَّيْتُونَ وَالرُّمَّانَ مُشْتَبِهًا
 وَغَيْرَ مُتَشَبِهٍ ۗ انظُرُوا إِلَى ثَمَرِهِ إِذَا أَثْمَرَ وَيَنْعِهِ ۗ إِنَّ فِي ذَٰلِكُمْ لَآيَاتٍ لِّقَوْمٍ يُؤْمِنُونَ ﴿٩٩﴾

Artinya: “Dan Dia-lah yang menurunkan air hujan dari langit, lalu kami tumbuhkan dengan air itu segala macam tumbuh-tumbuhan Maka kami keluarkan dari tumbuh-tumbuhan itu tanaman yang menghijau. Kami keluarkan dari tanaman yang menghijau itu butir yang banyak; dan dari mayang korma mengurai tangkai-tangkai yang menjulai, dan kebun-kebun anggur, dan (Kami keluarkan pula) Zaitun dan Delima yang serupa dan yang tidak serupa, perhatikanlah buahnya di waktu pohonnya berbuah dan (perhatikan pulalah) kematangannya. Sesungguhnya pada yang demikian itu ada tanda-tanda (kekuasaan Allah) bagi orang-orang yang beriman.” (al-An'am (6): 99).

Ayat 99 surah Al-An'am di atas menjelaskan mengenai keanekaragaman tumbuhan dalam berbagai tingkatan, diantaranya keanekaragaman tingkat ekosistem yang ditunjukkan oleh lafadz *وَجَنَّاتٍ مِّنْ أَعْنَابٍ* yang artinya “dan kebun-

kebun anggur”, keanekaragaman tingkat spesies ditunjukkan oleh lafadz وَالرَّيْثُونَ وَالرُّمَّانُ yang artinya “*dan (Kami keluarkan pula) Zaitun dan Delima,*” dan yang terakhir keanekaragaman tingkat gen yang ditunjukkan pada lafadz مُشْتَبِهًا وَغَيْرَ مُشْتَبِهٍ yang artinya “*yang serupa dan tidak serupa*”. Adanya keanekaragaman baik dari ekosistemnya, spesiesnya dan juga gennya, nantinya akan berpengaruh terhadap morfologi suatu tanaman. Adanya perbedaan morfologi antar tumbuhan akan mempermudah manusia dalam mengelompokkan dan juga meng-identifikasinya (Jazairi, 2008).

Pisang termasuk dalam genus *Musa* dari Famili Musaceae yang berkerabat dekat dengan *Musella* dan *Ensete* (Frison, *et al*, 2004). Penamaan ilmiah tanaman Pisang pertama kali dicetuskan oleh Karl Linneaus pada tahun 1753 dengan nama *Musa paradisiaca* yang ditulis dalam bukunya dengan judul *Species Plantarum*. Pisang tersebut memiliki ciri khusus yaitu buahnya yang mengandung banyak pati, sehingga perlu dimasak dahulu sebelum dikonsumsi (*plantain*). Kemudian pada tahun 1759, Karl Linneaus kembali mencetuskan nama ilmiah Pisang yaitu *Musa sapientum* yang ditulis dalam bukunya *Systema Naturae* dengan ciri khusus yaitu buahnya bisa langsung dikonsumsi setelah masak pohon (*dessert banana*) (Valmayor, 2000).

Tata nama Pisang menurut Karl Linneaus tersebut hanya dapat diterapkan untuk Pisang yang ada di daerah Eropa, Amerika Latin dan Afrika Barat, dikarenakan keragaman Pisang di daerah tersebut masih sedikit dan tidak cocok untuk diterapkan di Asia Tenggara, yang dikenal sebagai *The Center Origin of Banana* (Valmayor, 2000). Sebagai negara asal Pisang, di Asia Tenggara terdapat berbagai jenis kultivar Pisang yang memiliki karakter morfologi lebih beragam dibandingkan dengan karakter morfologi Pisang yang ada di Eropa (Simmonds, 1962). Hal tersebut membuat bingung Ahli Taksonomi dalam hal penamaan ilmiahnya, sehingga membutuhkan skema tata nama baru untuk mempermudah penamaan kultivar Pisang yang ada di Asia tenggara (Valmayor, 2000).

Kultivar Pisang yang ada di Asia Tenggara diketahui berasal dari keturunan dua jenis tetua Pisang liar yaitu *Musa acuminata* Colla (menyumbangkan genom AA) dan *Musa balbisiana* Colla (menyumbangkan genom BB). Persilangan antara keduanya menghasilkan Pisang dengan berbagai variasi genom, (Cheesman, 1947)

diantaranya Pisang dengan genom AAA (Pisang Berlin, Mas, Ambon), AAB (Pisang Raja), ABB (Pisang Kepok, Ebung, Awak), AAAB (Pisang Ustrali) (Hapsari, 2016; Simmonds dan Shepherd, 1995). Adanya variasi genom tersebut dapat terjadi melalui berbagai hal diantaranya mutasi (INIBAP, 2002), seleksi manusia (Kaemmer, 1997), persilangan alami dalam satu jenis, antar jenis ataupun persilangan balik dengan induknya (Simmonds dan Shepherd, 1995).

Fakta bahwa tetua Pisang di Asia Tenggara (*Musa acuminata Colla* dan *Musa balbisiana Colla*) inilah yang melandasi munculnya sistem tata nama baru yang diusulkan oleh Simmonds dan Shepherd (1955). Sistem tata nama Simmonds dan Shepherd tersebut terdiri dari 3 unsur, meliputi nama tetua Pisang, kelompok genom dan nama varietasnya (Valmayor, 2000), misalnya *Musa acuminata* (AA) cv. Pisang Rejang, *Musa acuminata* (AAA) cv. Pisang Ambon Hong, *Musa acuminata* x *Musa balbisiana* (AAB) cv. Pisang Triolin, dan *Musa acuminata* x *Musa balbisiana* (ABB) cv. Pisang Ebung (Hapsari, 2016).

Penentuan komposisi genom pada sistem tata nama Simmonds dan Shepherd sampai saat ini masih berdasarkan ciri morfologi Pisang (Simmonds dan Shepherd, 1955), meliputi karakter vegetatifnya hingga karakter generatifnya (Jumari dan Pudjoarinto, 2000). Simmonds dan shepperd (1955) mengusulkan 15 karakter morfologi sebagai penentu genom kultivar, diantaranya warna *pseudostem*, bentuk tepi saluran *petiole*, tekstur permukaan tangkai tandan, ukuran tangkai buah, susunan lembaga buah, ukuran bahu braktea, tipe arah gulungan braktea, bentuk braktea, bentuk ujung braktea, warna braktea, pemucatan warna pada permukaan braktea, bekas duduk braktea, bentuk kelopak bebas bunga jantan, warna bunga jantan dan kepala putik. Namun, penanda morfologi tersebut bersifat subjektif, sehingga memungkinkan adanya perbedaan pendapat dalam menentukan genom pada kultivar Pisang oleh setiap peneliti, sebagai contoh Pisang Raja Nangka, Raja Temen, Byar dan Pulud teridentifikasi bergenom AAB oleh Jumari dan Pudjoarinto (2000), Nisa (2010), juga Nedha (2017) tetapi, teridentifikasi memiliki genom ABB oleh Sari dan Badrus (2013).

Analisis pengelompokan genom pada kultivar Pisang berdasarkan karakter morfologi memang relatif mudah dilakukan (Jumari dan Pudjoarinto, 2000; Siddiqah, 2002). Namun, metode tersebut memerlukan informasi mengenai bagian

vegetatif dan generatif kultivar Pisang secara lengkap (*mature*) (Jumari dan Pudjoarinto, 2000). Selain itu, pendekatan morfologi tersebut dinilai kurang valid, karena bersifat subyektif dan bergantung pada lingkungannya, sehingga dapat mempengaruhi validitas hasil (Guzow-Krzeminsk *et al.*, 2001). Oleh karena itu diperlukan marka molekuler untuk menguatkan hasil pengelompokan genom berdasarkan karakter morfologi (Rao dan Hodgkin, 2002).

Beberapa marka molekuler yang sering digunakan dalam analisis pengelompokan tumbuhan diantaranya, *Random Amplified Polymorphic DNA* (RAPD) (Arrighi, 2013; Costa, 2016; Mucciarelli, 2014; Han 2017), *Directed Amplification of Minisatellite DNA Regions* (DAMD) (Heath *et al.* 1993; Singh, 2014; Panapitiya, 2018), AFLP (Vitales, 2014; Avila-Flores, 2016; Costa: 2016), RFLP (Graner, 1994; Melchinger, 1994), SSR (Arrighi, 2013) dan *Inter-Simple Sequence Repeats* (ISSR) (Wong, 2012; Givnish, 2013; Wu, 2015; Costa, 2016; Konar, 2018). Namun, marka ISSR terbukti memiliki kemampuan yang lebih tinggi dalam mendeteksi polimorfisme dan variasi antar populasi yang terpisah secara geografis maupun variasi individu dalam satu populasi dibandingkan dengan marka molekuler yang lainnya (Zietkiewicz *et al.*, 1994).

ISSR (*Inter-Simple Sequence Repeat*) merupakan bagian DNA yang berada diantara dua mikrosatelit berupa urutan basa N yang berulang dan biasanya terdiri dari dua hingga tujuh ulangan tanpa sela (motif). Panjang pengulangan motif tergantung pada individu/varietas dan akan diwariskan pada generasi selanjutnya. (Butler, 2010). Marka ISSR ini termasuk primer tunggal yang bersifat *semiarbitrary* berbasis PCR (Meyer, 1993) dengan target amplifikasi diantara dua daerah mikrosatelit (motif). Oleh karena itu, marka molekuler ISSR mampu membedakan genetik antar individu yang berkerabat dekat dengan cepat (Zietkiewicz, 1994). Selain itu, marka ISSR juga telah banyak di gunakan untuk menganalisis keanekaragaman genetik *Musa acuminata* Colla (Lamare, 2015; Swain, 2016), *Dactylis glomerata* L. atau rumput Orchard (Costa, 2016), *Hibiscus sabdariffa* L. atau Rosela (Konar, 2018), *Rheum palmatum* atau Kalembak dan *Rheum tanguticum* (Wang, 2012); *Lilium regale* atau bunga Bakung (wu, 2015) dan filogenetik *Clermontia* (Campanulaceae) (Givnish, 2013).

Marka ISSR memang terbukti dapat digunakan untuk menganalisis keanekaragaman Pisang liar dan kultivar, tetapi belum ditemukan untuk mengelompokkan kultivar Pisang yang telah diketahui susunan genomnya. Oleh karena itu, dalam penelitian ini akan dilakukan analisis pengelompokan genom Pisang berdasarkan karakter morfologi dan marka molekuler ISSR (*Inter-Simple Sequence Repeat*). Hal tersebut dilakukan untuk mengetahui manakah kesamaan sifat yang dimiliki oleh kultivar Pisang dalam satu genom dan juga sifat yang diturunkan oleh tetua Pisang berdasarkan ada tidaknya pita DNA. Adapun jenis Pisang yang digunakan dalam penelitian ini diantaranya: Pisang bergenom AA (Rejang, Mas, Barlin), Pisang bergenom AAA (Kojo Santen, Ambon Hong, Morosebo), Pisang bergenom AAB (Raja Seribu, Triolin, Brentel Warangan), Pisang bergenom ABB (Sobo Awu, Ebung, Raja Bandung), dan Pisang begenom BB (Kluthuk Ijo, Klutuk Wulung). Hasil penelitian ini diharapkan dapat dijadikan acuan dalam pemuliaan Pisang nantinya.

1.2 Rumusan Masalah

Rumusan masalah dalam penelitian ini berdasarkan latar belakang di atas yaitu:

1. Bagaimana pengelompokan genom kultivar Pisang berdasarkan morfologi?
2. Bagaimana pengelompokan genom kultivar Pisang berdasarkan marka molekuler ISSR (*Inter-Simple Sequence Repeat*)?
3. Bagaimana perbandingan pengelompokan genom kultivar Pisang berdasarkan marka morfologi dan marka molekuler ISSR (*Inter-Simple Sequence Repeat*)?

1.3 Tujuan Penelitian

Tujuan dari penelitian ini yaitu:

1. Mengetahui hasil pengelompokan genom kultivar Pisang berdasarkan marka morfologi.
2. Mengetahui hasil pengelompokan genom kultivar Pisang berdasarkan marka molekuler ISSR (*Inter-Simple Sequence Repeat*).
3. Mengetahui hasil perbandingan pengelompokan genom kultivar Pisang berdasarkan marka morfologi dan marka molekuler ISSR (*Inter-Simple Sequence Repeat*).

1.4 Manfaat

Manfaat yang diperoleh dari penelitian ini yaitu:

1. Informasi mengenai pengelompokan genom Pisang liar dan kultivar Pisang dapat digunakan sebagai dasar pemuliaan tumbuhan.
2. Dapat digunakan untuk acuan penelitian selanjutnya
3. Memberikan manfaat bagi pengembangan ilmu pengetahuan khususnya dalam genetik Pisang

1.5 Batasan Masalah

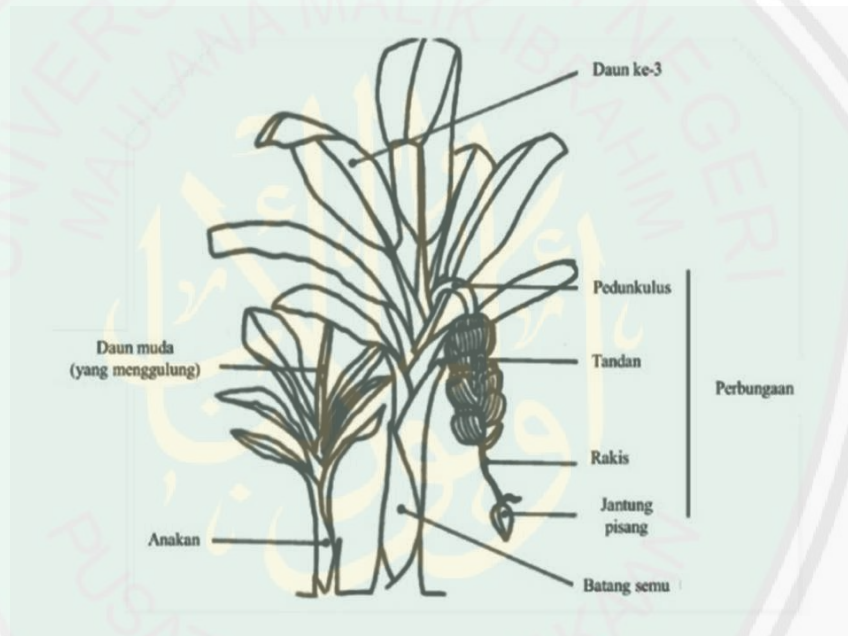
Batasan masalah dalam penelitian ini yaitu:

1. Sampel yang digunakan yaitu daun kultivar Pisang bergenom AA, AAA, AAB, ABB dan BB yang diambil dari Kebun Plasma Nutfah Dinas Pertanian dan Pangan Kota, Yogyakarta.
2. Kultivar Pisang yang digunakan yaitu Pisang Rejang, Pisang Mas, Pisang Berlin, Pisang Kojo Santen, Pisang Ambon Hong, Pisang Morosebo, Pisang Raja Seribu, Pisang Triolin, Pisang Brentel Warangan, Pisang Sobo Awu, Pisang Ebung, Pisang Raja Bandung, Pisang Kluthuk Ijo dan Pisang Kluthuk Wulung.
3. Marka molekuler yang digunakan adalah ISSR (*Inter-Simple Sequence Repeat*)
4. Primer yang digunakan diantaranya I-834, I-835, I-843, I-848 dan I-855.
5. Analisis yang digunakan dalam penelitian ini ada dua yaitu analisis morfologi dan analisis molekuler. Analisis morfologi menggunakan 33 karakter vegetatif 14 kultivar Pisang (IPGRI, 1996), sedangkan untuk analisis molekuler meliputi PIC (*Polymorphism Information Content*), EMR (*Effective multiplex Ratio*), MI (*Marker Index*) dan Rp (*Resolving power*) untuk mengetahui kekuatan primer dan analisis pengelompokan genom kultivar Pisang.

BAB II TINJAUAN PUSTAKA

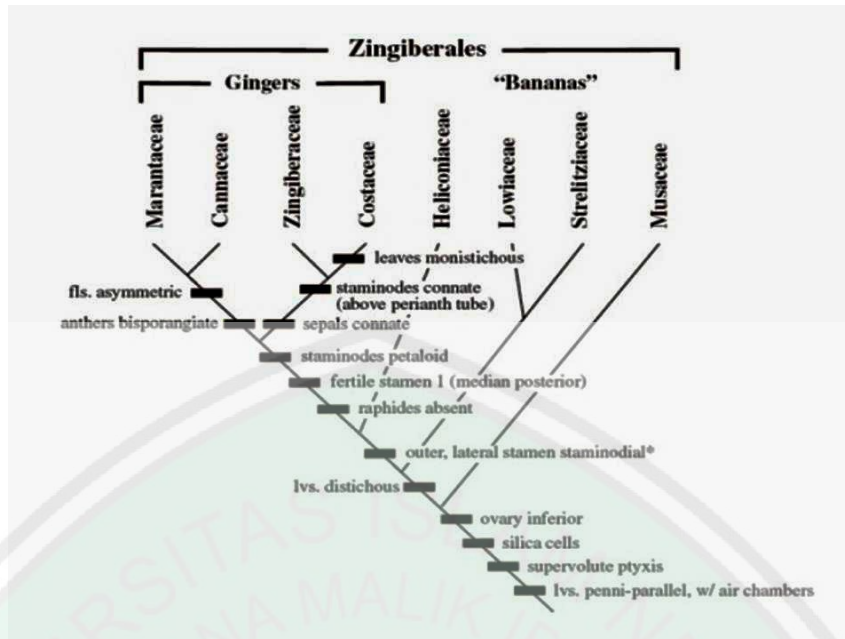
2.1 Botani Umum Pisang

Pisang adalah kelompok tumbuhan herba parrenial yang tingginya mampu mencapai 2,9 m (Gambar 2.1), biji berkeping satu (monokotil), termasuk anggota ordo Zingiberales famili Musaceae (Gambar 2.2) dan genus *Musa* (Simpson, 1953). Family Musaceae (Gambar 2.2) yang berkerabat dengan Marantiaceae, Cannaceae, Zingiberaceae, Colaceae, Heliconiaceae, Lowiaceae, Strelitziaceae. Famili Musaceae memiliki ciri khusus yaitu letak ovariumnya tenggelam, mengandung silica cell, *superovolute ptyxis* (Simpson, 1953).

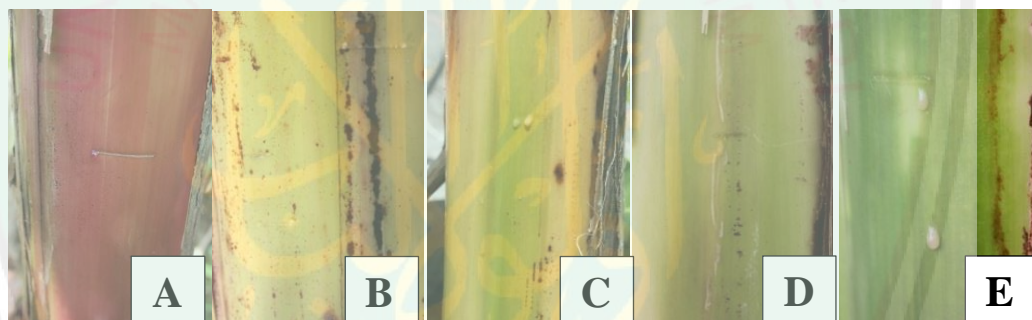


Gambar 2.1 Morfologi Pisang (IPGRI, 1996)

Pisang memiliki tipe perakaran adventif dengan jenis akar serabut, (Siemonsma dan Piluek, 1994; Satuhu dan Supriyadi: 1999) panjang akar primernya mampu mencapai 75 cm menembus ke dalam tanah, sedangkan untuk panjang akar sekundernya atau akar lateralnya dapat mencapai 4-5 cm (Siemonsma dan Piluek, 1994). Pada awalnya akar Pisang berwarna putih dan berangsur-angsur akan berubah menjadi coklat setelah Pisang dewasa (Sumardi dan Wulansari, 2010).



Gambar 2.2 Posisi Famili Musaceae dalam Ordo Zingiberales dengan sifat apomorfi yang terpilih (Simpson, 1953)

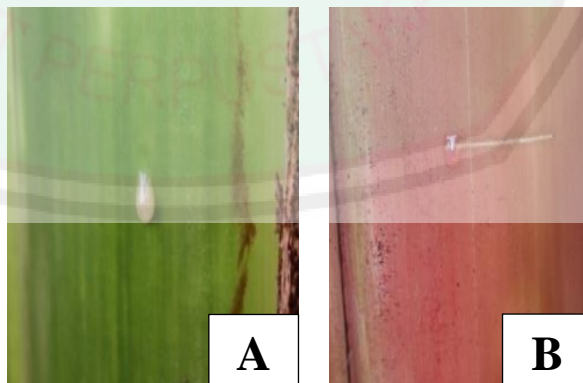


Gambar 2.3 Macam-macam warna batang semu pada Pisang. A. Pisang Rejang (AA), Pisang Ambon Hong (AAA), Pisang Raja Seribu (AAB), Pisang Ebung (ABB), Pisang Kluthuk Wulung (BB). (Dok. Pribadi)

Batang semu Pisang memiliki ukuran yang pendek, tipe percabangannya simpodial dan terletak di bawah tanah (Espino, 1992) yang biasa disebut dengan bonggol (*corm*). Bonggol Pisang mampu memicu tumbuhnya rimpang berukuran pendek yang nantinya akan berkembang menjadi tunas-tunas Pisang baru. Selain itu, bonggol Pisang juga memicu tumbuhnya pelepah daun yang nantinya akan menjadi batang semu (Siemonsma dan Piluek, 1994). Batang semu tersebut tumbuh membentuk rumpun dari pelepah yang saling menutupi dan juga tumpang tindih (Siemonsma dan Piluek, 1994). Batang semu pada Pisang memiliki bermacam-macam warna mulai dari warna hijau, kekuningan hingga merah keunguan,

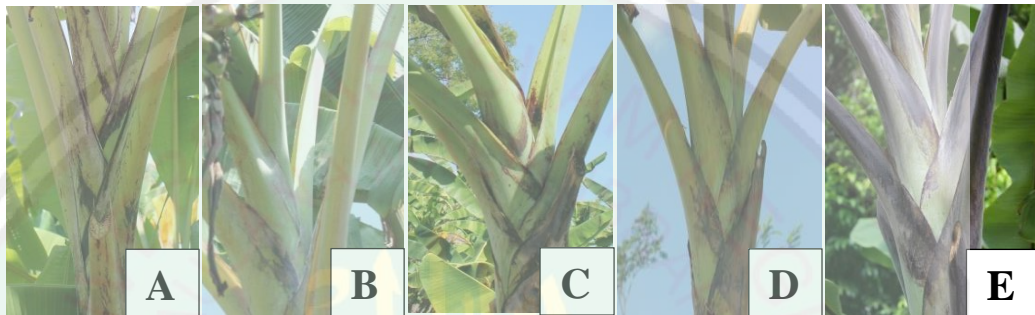
(Gambar 2.3) dan memiliki perawakan yang ramping (*slender*) sampai besar (*robust*) (IPGRI, 1996). Semakin tinggi dan kekar batang semu menandakan bahwa Pisang tersebut mengandung genom BB (*Musa balbisiana*) (Simmond dan Shepherd, 1995). Selain itu, batang semu pada Pisang juga memiliki dua jenis getah, yaitu berwarna bening atau putih susu (*watery* dan *milky*) (Gambar 2.4). Beberapa spesies Pisang memiliki lapisan lilin pada batang semunya (IPGRI, 1996).

Morfologi daun Pisang terdiri dari beberapa bagian diantaranya, *vagina* (pelepah daun), *petiole* (tangkai daun) dan *lamina* (lembaran daun) (Rubatzky dan Yamaguchi, 1998). Daun Pisang menggulung ketika muda, ciri tersebut adalah penanda bahwa Pisang termasuk dalam anggota ordo Zingiberales. Selain, itu daun Pisang akan tumbuh dan tersusun secara spiral yang menandakan bahwa Pisang termasuk anggota famili Musaceae (Simpson, 1953). Tangkai daun Pisang ada 2 jenis yaitu tidak bersayap dan bersayap. Tangkai daun yang terbuka dan bersayap menandakan bahwa Pisang tersebut mengandung genom AA (*Musa acuminata*) (Simmond dan Shepherd, 1995). Pada tangkai tersebut juga terdapat bercak yang mana pada setiap spesies memiliki bercak yang berbeda (sedikit atau banyak) (Gambar 2.5). Banyak sedikitnya komposisi bercak pada tangkai dipengaruhi oleh komponen genom yang menyusunnya, semakin banyak terdapat bercak pada tangkai menandakan bahwa Pisang tersebut mengandung genom AA (*Musa acuminata*) dan semakin sedikit bercak pada tangkai menandakan bahwa Pisang tersebut bergenom BB (Simmond dan Shepherd, 1995).



Gambar 2.4 Getah pada Pisang. A) getah berwarna putih susu/milky; B) Getah berwarna bening (Dok. Pribadi)

Daun Pisang memiliki warna daun yang berbeda antara bagian dorsal dan ventralnya. Bagian dorsal daun berwarna hijau kekuningan hingga hijau tua disertai bercak keunguan, sedangkan bagian ventralnya yaitu berwarna hijau kekuningan hingga merah keunguan (IPGRI, 1996). Perkembangan daun Pisang yaitu menggulung (*cigar leaf*) pada waktu muda dan ketika dewasa menjadi helaian daun yang besar berukuran 100-500 cm x 25-100 cm, berbentuk lonjong hingga lanset dan memiliki tulang daun yang kuat (Siemonsma dan Piluek, 1994).



Gambar 2.5 Bercak pada tangkai daun Pisang. A. Pisang Rejang (AA), B. Pisang Ambon Hong (AAA), C. Pisang Raja Seribu (AAB), D. Pisang Ebung (ABB), E. Pisang Kluthuk Wulung (BB) (Dok. Pribadi)

Daun Pisang memiliki lamina lebar dengan urat daun pinnatus yang parallel satu sama lain (Dasuki, 1991). Karakter ini adalah fenetik yang diturunkan nenek moyang (apomorfi) dari ordo Zingiberales (Simpson, 1953). Bentuk pangkal daun Pisang memiliki 3 tipe yaitu *pertama*, bentuknya membulat di kedua sisi dengan ujung yang terbelah serta tepi daun yang rata; *ke dua*, bentuknya membulat disalah satu sisi dan meruncing di sisi yang lainnya; *ke tiga*, meruncing di kedua sisi (Gambar 2.6) (IPGRI, 1996).

Pisang memiliki tipe bunga majemuk (Espino, 1992), bersifat *zigomorf*, dan uniseksual. Bunganya dilindungi oleh braktea yang besar dan memiliki variasi bentuk maupun warna pada setiap susunan bunga (sisir) (Simpson, 1953; Dasuki, 1991). Perbungaan Pisang berasal dari perkembangan rizhoma yang berada di bawah batang semu (Backer dan Brink, 1968). Rizhoma tersebut tumbuh ke atas melewati batang semu, biasanya membelok pada satu arah dan terkulai (Dasuki, 1991), hingga akhirnya berkembang menjadi bunga dan buah (Espino, 1992). Ketika bunga mengalami antesis maka braktea- braktea yang melindunginya akan terlepas (Gambar 2.7) (Dasuki, 1991). Bentuk jantung Pisang dan pelepasan braktea

dapat juga menjadi tanda susunan genom Pisang tersebut. Jika bentuk ujung jantung Pisang runcing dan saat brakteanya terlepas dalam keadaan menggulung, maka Pisang tersebut mengandung genom AA (*Musa acuminata*) (Simmond dan Shepherd, 1995). Bagian-bagian pada bunga Pisang terdiri dari tepal, stamen, stigma dan ovarium. Tepal Pisang tersusun dari compound tepal (3 sepal dan 2 tepal yang menyatu) dan tepal bebas. Setiap tepal terdapat 5 atau 6 buah stemen (Dasuki, 1991) yang menempel pada stigma. Pada stigma terdapat 3 karpel dengan adanya ovarium yang bertipe inverus di dalamnya.



Gambar 2.6 Pangkal daun Pisang A) pangkal daun meruncing di kedua sisi, B) pangkal daun membulat di kedua sisi, C) pangkal daun membulat di salah satu sisi dan meruncing di sisi yang lain (Dok. Pribadi)



Gambar 2.7 Berbagai bentuk pelepasan braktea Pisang. A. Saba Awu (ABB), B. Pisang Triolin (AAB). (Dok. Pribadi)

Buah Pisang termasuk dalam tipe buah buni dengan eksokarp yang mudah lepas (Dasuki, 1991). Pisang memiliki tekstur daging buah yang keras hingga lunak

dan rasanya juga bervariasi ada yang asam, sepat ataupun manis. Pada jenis Pisang liar di dalam daging buah terdapat biji fertil (Gambar 2.9 a & f) dengan testa yang keras serta endosperm dan perispermya yang beramilum, sedangkan pada kultivar Pisang tidak ada biji buahnya. Ketiadaan biji pada kultivar Pisang disebabkan karena kultivar Pisang bersifat partenokarpi. Sifat partenokarpi menyebabkan bakal biji mengeriput (abortif) sebelum terjadi proses pembuahan. Biji yang mengeriput tersebut, masih tetap ada pada buah Pisang berbentuk bintik-bintik kecil berwarna coklat (Gambar 2.9 b-e) (Espino, 1992).



Gambar 2.9 Keberadaan biji pada Pisang. a) Pisang Jantung Kuning (AA wild); b) Pisang Trimulin (AA cultivar); c) Pisang Morosebo (AAA cultivar); d) Pisang Triolin (AAB cultivar); e) Pisang Saba Awu (ABB cultivar); f) Pisang Klutuk Ijo (BB wild) (Hapsari, 2016)

2.2 Persebaran Pisang

Indo-Malesia adalah pusat keragaman tanaman Pisang, baik jenis Pisang liar maupun kultivar Pisang (De Langhe, 2009). Menurut Busaidi (2013) persebaran genus *Musa* berdasarkan jumlah kromosomnya terbagi menjadi empat *section* yaitu *Australimusa*, *Eumusa*, *Rhodochlamys*, dan *Calimusa* yang tersebar di Asia. Adapun daerah persebarannya sebagai berikut: *Australimusa* tersebar di daerah bagian selatan hingga mencapai Indonesia bagian timur dan juga dari bagian selatan Filipina hingga Melanesia; *Eumusa* tersebar di hampir seluruh bagian Asia Timur, kecuali bagian Timur dari Melanesia; *Rhodochlamys* menyebar di sekitar daratan yang beriklim basah di bagian Asia Selatan; dan *Calimusa* tersebar di wilayah bagian selatan dari Vietnam, Borneo, Malaysia dan Sumatera (Gambar 2.10). Menurut beberapa ahli *Rhodochlamys* adalah *sub-section* dari *Eumusa* (De Langhe, 2009). Terdapat satu *section* baru dari genus *musa* yang ditambahkan oleh Argent (1979) yaitu *Ingentimusa* yang hanya memiliki satu spesies (*Musa ingens* Simmonds).

Musa acuminata dan *Musa balbisiana* adalah nenek moyang kultivar Pisang yang sekarang dikenal dan dimanfaatkan oleh masyarakat luas sebagai Pisang konsumsi atau Pisang meja. Adanya kultivar Pisang merupakan akibat terjadinya hibridisasi alami dari tetua Pisang secara *inter-* maupun *intra-*spesies. Selain itu, hibridisasi alami dapat terjadi antara keturunan dengan tetuanya dan antar keturunan. Hibridisasi yang terjadi antar keturunan nantinya dapat mengakibatkan adanya mutasi, *autoploidi*, *alloploidi*, dan partenokarpi. Hal inilah yang mengakibatkan adanya keturunan yang beragam pada Pisang (Simmonds, 1959; Espino, 1992; Valmayor, 2000; De Lange, 2009).

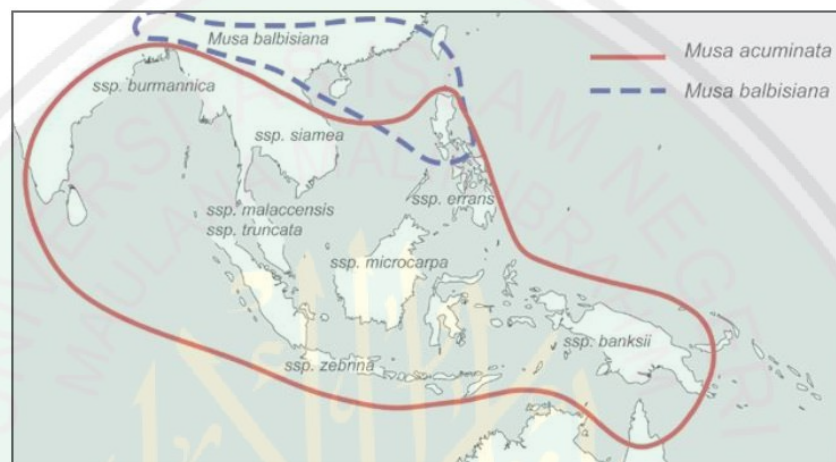
Dugaan bahwa kultivar Pisang adalah keturunan dari Pisang liar, telah dikonfirmasi dengan adanya studi genetik. Hasil dari studi genetik tersebut menyatakan bahwa ada empat spesies Pisang liar yang berkedudukan sebagai *gen pool* dari kultivar Pisang diantaranya yaitu, *Musa balbisiana* sebagai pemberi genom B, *Musa acuminata* sebagai pemberi genom A, *Musa textilis* sebagai pemberi genom T dan *Musa schizocarpa* sebagai pemberi genom S (De Lange, 2009). Menurut Nasution (1991) *Musa acuminata* dan *Musa balbisiana* tersebar luas di wilayah Asia (Gambar 2.11), baik yang memiliki iklim tropis maupun subtropis.



Gambar 2.10 Distribusi geografi genus *Musa* berdasarkan empat *section*

Sub spesies *Musa balbisiana* yang telah teridentifikasi hingga saat ini ada 3 yaitu Bakeri, Liukiunensis dan Dechangensis. Data mengenai sub-spesies *Musa balbisiana* tersebut didapatkan melalui proses eksplorasi di wilayah Kepulauan Asia Tenggara dan China (Hapsari, 2014). *Musa acuminata* lebih banyak sub-spesies

daripada *Musa balbisiana* yaitu 20 sub-spesies. Adapun persebarannya meliputi 15 sub-spesies (*Acuminata*, *Zebrina*, *Tamentosa*, *Sumantrana*, *Rutilifex*, *Nakaii*, *Microcarpa*, *Malaccensis*, *Longepetiola*, *Halabanensis*, *Flava*, *Carifera*, *Breviformis*, *Bantamensis* dan *Alasensis*) yang ditemukan di Indonesia, 3 sub-spesies (*Siamea*, *Burmannica* dan *Burmanicoides*) tersebar di wilayah India, Myanmar sampai Thailand dan 2 sub-spesies lainnya tersebar di wilayah Papua Nugini (*Banksii*) dan wilayah kepulauan Filipina (*Errans*) (Li, 2010 dan Li, 2013).



Gambar 2.11 Distribusi geografi *Musa acuminata* dan *Musa balbisiana*



Gambar 2.12 Distribusi geografi kultivar Pisang berdasarkan variasi genomnya

Adanya persilangan alami maupun buatan antara Pisang liar *Musa acuminata* (pemberi genom A) dan *Musa balbisiana* (pemberi genom B) menghasilkan keturunan dengan genom yang bervariasi, diantaranya kultivar Pisang bergenom AA, kultivar Pisang bergenom AAA, kultivar Pisang bergenom AAB dan Pisang

kultivar bergenom ABB. Jika dilihat dari persebaran Pisang berdasarkan genom, secara geografi kultivar Pisang tersebut tersebar di wilayah Indo-Malesia hingga Asia, Amerika, Afrika dan Australia pada wilayah yang memiliki iklim tropis dan subtropis (Gambar 2.12) (De Lange, 2009 dan Espino, 1992).

2.3 Tata Nama dan Pengelompokan Genom Kultivar Pisang

Tata nama Pisang pertama kali dicetuskan oleh Karl Linneaus pada tahun 1753 yang mempublikasikan spesies *Musa paradisiaca* dalam bukunya *Species Plantarum*. Kemudian pada tahun 1759 Karl Linneaus kembali mempublikasikan spesies baru dari Pisang yang diberi nama *Musa sapientum* dalam bukunya *Systema Naturae*. Salah satu perbedaan yang menonjol antara *Musa paradisiaca* dan *Musa sapientum* dapat dilihat dari buahnya, karakteristik yang dimiliki oleh buah *Musa paradisiaca* memiliki banyak kandungan pati, sehingga sebelum dikonsumsi harus dimasak terlebih dahulu, sedangkan untuk karakteristik buah *Musa sapientum* yaitu buah dapat langsung dikonsumsi dalam keadaan segar atau tidak perlu dimasak terlebih dahulu sebelum dikonsumsi (Valmayor, 2000).

Pisang termasuk dalam genus *Musa* yang berkerabat dekat dengan *Musella* dan *Ensete*. Adapun anggota dalam genus *Musa* adalah Pisang yang memiliki daging lunak (*Musa acuminata*), anggota genus *Ensete* adalah golongan Pisang raksasa (*Musa ensete* J.F. Gmel), dan anggota genus *Musella* adalah golongan Pisang hias (*Musa rosacea* Jacq dan *Musa coccinea* Andrew) (Sagot, 1887). Menurut Cheesman (1947) genus *Musa* dibagi menjadi empat section berdasarkan jumlah kromosom yang dimiliki, diantaranya *Eumusa/Musa* dan *Rhodhoclamys* (jumlah kromosom 10, $x = 10$), *Callimusa* dan *Australimusa* (jumlah kromosom 11, $x = 11$). Pada tahun 1976, Argent menambahkan satu section *Musa* berdasarkan jumlah kromosom yaitu *Ingentimusa* dengan jumlah kromosom 7 ($x=7$). Seiring meningkatnya keragaman Pisang Simmond dan Shepherd (1955) mengusulkan adanya perubahan klasifikasi dan identifikasi Pisang dari tata nama binominal menjadi tata nama berdasarkan genom (Valmayor, 2000).

Pisang liar dan kultivar memiliki berbagai macam ploidi diantaranya AA, BB, AAA, AAB dan ABB. Perbedaan komposisi ploidi pada Pisang berperan dalam menentukan ciri fenotipnya, diantaranya Pisang liar dengan genom AA memiliki

ciri morfologi yaitu brakteanya terlihat menggulung ketika lepas dan memiliki bentuk jantung yang lebih runcing, sedangkan pada kultivar Pisang dengan genom BB saat braktea lepas tidak menggulung dan juga bentuk jantungnya lebih membulat. Selain itu, kultivar Pisang juga memiliki perbedaan morfologi sesuai dengan perbedaan komposisi genomnya. Faktanya kultivar Pisang dalam grup AAA memiliki ciri-ciri yaitu tidak terdapat biji pada buahnya, ujung jantungnya runcing, bentuk kanal tangkai daunnya terbuka dengan sayap yang lebar, terdapat banyak bulu halus pada permukaan tandannya dan ketegakan daunnya tegak sampai menengah.

Ciri khas kultivar Pisang dalam grup AAB yaitu buahnya tidak berbiji, ujung jantungnya berbentuk runcing, bentuk kanal tangkai daunnya membuka tanpa disertai sayap, terdapat banyak bulu halus pada permukaan tandannya dan memiliki ketegakan daun menengah, sedangkan ciri khas grup genom ABB yaitu buahnya memiliki sedikit biji atau tidak ada, bentuk ujung jantungnya agak tumpul atau tumpul, bentuk kanal tangkai daunnya menutup, hanya terdapat sedikit bulu halus pada permukaan tandannya dan ketegakan daunnya menengah (Simmonds dan Shepherd, 1955). Megia (2005) menyatakan bahwa kultivar Pisang triploid memiliki perawakan batang dan buah yang lebih besar dibandingkan dengan Pisang diploid.

Tabel 2.1 Pengelompokan kultivar Pisang berdasarkan skor total (Hapsari, 2016)

Kelompok Genom	Total Skor	Kultivar Pisang di Indonesia
AA/AAA	15-25	Pisang Lilin Cici, Mas Berlin, Ambon
AAB	26-46	Pisang Raja Marto, Triolin, Bawean, Brentel Warangan
AB/AABB	47-49	-
ABB	59-63	Pisang Kapok, Saba Lawu, Saba Landa, Awak, Ebung
ABBB	67-69	-
BB/BBB	70-75	Pisang Klutuk

Penentuan komposisi genom pada Pisang dapat dilakukan dengan sistem skoring yang didasarkan pada karakter morfologi dari *Musa balbisiana* (pemberi

genom B) dan *Musa acuminata* (pemberi genom A). Adapun karakter morfologi yang dijadikan acuan ada 15 karakter, penilaian yang diberikan untuk satu karakter acuan berkisar antara 1-5 (skor 1 untuk karakter yang mirip dengan *Musa acuminata*; skor 5 untuk karakter yang mirip dengan *Musa balbisiana*; dan 3 untuk karakter yang mirip keduanya). Hasil identifikasi tersebut nantinya di jumlah dan dikelompokkan berdasarkan kartu skor (pedoman identifikasi morfologi Pisang) (Tabel 2.1) (Simmonds dan Shepherd, 1955).

Klasifikasi penentuan genom berdasarkan karakter morfologi memang mudah dilakukan. Namun, masih menghasilkan data yang kurang akurat, karena penilaiannya bersifat subjektif. Sehingga diperlukan adanya pendekatan berbasis molekuler untuk memperkuat hasil klasifikasi morfologi. Beberapa marka molekuler telah digunakan untuk mendeteksi komposisi genom, keragaman dan kekerabatan tumbuhan melalui berbagai teknik yang berbasis PCR maupun tidak (De Jesus, 2013). Beberapa marka molekuler yang telah digunakan diantaranya *Random Amplified Polymorphic DNA* (RAPD) (Arrighi, 2013; Costa, 2016; Mucciarelli, 2014; Han 2017), AFLP (Vitales, 2014; Avila-Flores, 2016; Costa: 2016), *Directed Amplification of Minisatellite DNA Regions* (DAMD) (Heath *et al.* 1993; Singh, 2014; Panapitiya, 2018), RFLP (Graner, 1994; Melchinger, 1994), SSR (Arrighi, 2013) dan *Inter-Simple Sequence Repeats* (ISSR) (Wong, 2012; Givnish, 2013; Wu, 2015; Costa, 2016; Konar, 2018).

2.4 Marka Molekuler ISSR (*Inter-Simple Sequence Repeat*)

Marka molekuler (marker) adalah *penanda DNA* pada genom yang dapat diidentifikasi dan mampu diturunkan pada generasi selanjutnya dengan mengikuti hukum pewarisan sifat (Semagn, 2006). Keuntungan menggunakan pendekatan berbasis molekuler yaitu marka molekuler memiliki tingkat akurasi yang tinggi dan bersifat konsisten (Moulin, 2012). Selain itu, marka molekuler juga mampu menunjukkan tingkat polimorfisme yang tinggi, sehingga dapat digunakan untuk mendeteksi keanekaragaman genetik pada tingkat intraspesies maupun interspesies yang nantinya berguna untuk pengelompokan genomnya (Crouch, 1999).

Kriteria marka molekuler yang baik untuk digunakan penelitian mengenai, studi filogenik dan konservasi tanaman yaitu tekniknya sederhana, biayanya terjangkau dan dan kualitas reproduktivitasnya tinggi. Sejak tahun 1994, telah

tersedia marka molekuler baru yang disebut ISSR (*Inter-Simple Sequence Repeat*) (Zietkiewicz, 1994). ISSR adalah marka molekuler bersifat *semiarbitrary* yang berbasis PCR (Meyer, 1993), primernya hanya memiliki panjang berkisar 8 unit dinukleotida atau 6 unit trinukleotida yang berulang dan satu jangkar yang berada di ujung 3' atau 5' untuk menandai batas wilayah mikrosatelit yang akan di-amplifikasi, sehingga tidak terjadi dimerisasi primer (Blair, 1999). Oleh karena itu, marka molekuler ISSR mampu dengan cepat untuk membeda-bedakan genetik antar individu yang berkerabat dekat (Zietkiewicz, 1994). Amplikon yang dihasilkan oleh primer ISSR mampu memperlihatkan sejumlah lokus per primer jika dibandingkan dengan analisis RAPD (Wolff, 1995). Beberapa keunggulan lain yang dimiliki oleh ISSR (*Inter-Simple Sequence Repeat*) yaitu tekniknya mudah untuk dilakukan, tidak terpengaruh dengan kondisi lingkungan, tidak memerlukan informasi mengenai sekuen DNA yang akan digunakan terlebih dahulu, berbasis PCR (*Polymorphisme Chain Reaction*), hanya membutuhkan cetakan DNA yang sedikit berkisar 5-50 ng per reaksi (Son, 2012; Riupassa, 2015; Sulassih, 2011), bersifat kodominan yaitu mampu memisahkan dua jenis alel (homozigot dan heterozigot), dan juga primer-primer ISSR tidak memerlukan lokus spesifik, karena primer tersebut akan menyebar ke seluruh bagian genom yang mengandung motif mikrosatelit (Fang dan Roose, 1997).

Marka ISSR (*Inter-Simple Sequence Repeat*) telah banyak diaplikasikan pada studi mengenai kestabilan genetik Pisang kepok 'Unti Sayang' hasil mikropopagasi (Poerba, 2012); kekerabatan genetik jeruk Siam (*Citrus suhuniensis* L.) (Agisimanto, 2007); keragaman genetik dan kekerabatan antara ubi jalar dengan tetuanya (Huang, 2000); keragaman genetik *Vigna mungo* (Souframanien, 2004); variabilitas genetik dan struktur populasi Pisang liar *Musa acuminata* Colla (Lamare, 2015); keragaman genotip Pisang (*Musa* spp) dari daerah Oshida (Swain, 2016) dan keragaman genetik Pisang liar dan kultivar Pisang (Poerba, 2010).

BAB III METODE PENELITIAN

3.1 Jenis Penelitian

Penelitian ini merupakan penelitian diskriptif eksploratif kualitatif. Penelitian ini menggunakan Pisang bergenom AA, AAA, AAB, ABB, BB Pisang yang berasal dari Kebun Plasma Nutfah, Dinas Pertanian dan Pangan, Kota Yogyakarta, untuk mengetahui penggolongan genom kultivar Pisang menggunakan marka morfologi dan marka molekuler ISSR (*Inter-Simple Sequence Repeat*).

3.2 Waktu dan Tempat Penelitian

Penelitian ini dilakukan pada bulan Desember 2019–Agustus 2019. (Lampiran 1). Penelitian ini dilakukan di Kebun Plasma Nutfah, Dinas Pertanian dan Pangan Kota Yogyakarta untuk pengambilan sampel Pisang bergenom AA, AAA, AAB, ABB, BB dan dilanjutkan dengan proses analisis ISSR (*Inter-Simple Sequence Repeat*) 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

Penelitian ini terdiri dari beberapa tahap, yaitu pengambilan sampel, ekstraksi, uji kualitatif, uji kuantitatif, amplifikasi PCR dan visualisasi hasil ekstraksi DNA. Berikut alat- alat yang digunakan untuk pengambilan sampel, diantaranya yaitu gunting, penggaris dan meteran. Adapun alat yang digunakan pada tahap ekstraksi DNA yaitu mortar, pestel, *vortex*, *freezer*, *waterbath* (Memmert), tube 1,5 ml (ONE MED), mikropipet 0,5–1000 μ l (BioRAD), spektrofotometer (BioRAD), *white tip* (Thermo Scientific, California, USA), *yellow tip*, *blue tip*. Alat yang digunakan pada tahap uji kualitatif DNA yaitu perangkat elektroforesis (BioRAD), Gel Doc/UV *transilluminator* (BioRAD), mikropipet 0,5 – 10 μ l (BioRAD), erlenmeyer 100 ml (IWAKI), gelas ukur 25 ml (IWAKI), mikrotube 0.2 ml dan neraca analitik. Kemudian alat yang digunakan pada tahap uji kuantitatif yaitu AE-Nano 200

Nucleic Acid Analyze versi 2,0, mikropipet 0,5 – 10 µl (BioRAD), dan *white tip* (Thermo Scientific, California, USA).

Tahapan selanjutnya yaitu amplifikasi PCR dan visualisasi, adapun alat-alat yang digunakan meliputi *thermal cycler* (BioRAD), mikrotube 0,5 ml, *white tip*, mikropipet 0,5 µl (BioRAD) dan spindown (WEALTEC). Kemudian alat-alat yang digunakan pada tahap visualisasi hasil PCR yaitu neraca analitik, perangkat elektroforesis (BioRAD), mikropipet 0,5–10 µl (BioRAD), *white tip* (Thermo Scientific, California, USA), erlenmeyer 100 ml (IWAKI), gelas ukur 25 ml (IWAKI) dan Gel Doc/UV *transiluminator* (BioRAD).

3.3.2 Bahan

Bahan-bahan yang digunakan dalam penelitian ini diantaranya yaitu daun Pisang muda yang masih menggulung bergenom AA, AAA, AAB, ABB, dan BB (Tabel 3.1), sedangkan bahan yang digunakan dalam proses ekstraksi yaitu *The Wizard® Genomic DNA Purification Kit Promega*. Bahan yang digunakan untuk elektroforesis meliputi agarose (Thermo Scientific, California, USA), buffer TBE $\frac{1}{2} \times$ (*Tris Boric EDTA*), *Ethidium bromide (Etbr)*, *loading dye* (Thermo Scientific, California, USA), *nuclease-free water* (Thermo Scientific, California, USA), DreamTaq Green PCR Master Mix (Gene Direx), 5 primer ISSR (I-835, I-843, I-834, I-848 dan I-855) (Macrogen) (Tabel 3.2.), marker 100 bp DNA ladder (Thermo Scientific, California, USA) dan marker 1 kb DNA ladder (Thermo Scientific, California, USA)

Tabel 3.1. Primer ISSR yang digunakan dalam penelitian (Lamare, 2015)

Primer	Sequence (5'-3')	TM (°C)	TA (°C)	Komposisi GC (%)
I-834	AGA GAG AGA GAG AGA GYT	51,6 °C	46,6 °C	44,4%
I-835	AGA GAG AGA GAG AGA GYC	53,9 °C	48,9 °C	50%
I-843	CTC TCT CTC TCT CTC TRA	51,6 °C	46,6 °C	44,4%
I-848	CAC ACA CAC ACA CAC ARG	53,9 °C	48,9 °C	50%
I-855	ACA CAC ACA CAC ACA CYT	51,6 °C	46,6 °C	44,4%

Keterangan: R=A/G; Y=T/C TM; (*Temperature Melting*); TA (*Temperature Anealing*).

Tabel 3.2. Macam-macam jenis Pisang yang digunakan dalam penelitian yang ada di Kebun Plasma Nutfah Yogyakarta, Dinas Pertanian dan Pangan.

No.	Jenis Genom Pisang*	Jenis Pisang yang Digunakan	Asal
1.	AA	Rejang	Kab. Sleman, Yogyakarta
		Mas	KBH, Dongkelan, Yogyakarta
		Berlin	Tanjung, Klatah, Kec. Giri, Banyuwangi
2.	AAA	Kojo Santen	Cukur Gondang, Pasuruan, Jawa Timur
		Ambon Hong	Kabupaten Purworejo
		Morosebo	Kota Gedhe, Yogyakarta
3.	AAB	Raja Seribu	Jln. Cendana, DKI Jakarta
		Triolin	Kabupaten Bantul
		Brentel Warangan	Kabupaten Karanganyar
4.	ABB	Sobo Awu	Kabupaten Malang, Jawa Timur
		Ebung	Siman, Ponorogo, Jawa Timur
		Raja Bandung	Pendowoharjo, Bantul
5.	BB	Kluthuk Ijo	Purwosari, Pasuruan, Jawa Timur
		Kluthuk Wulung	Cilongok, Kabupaten Banyak

*Reference untuk jenis genom Pisang (Hapsari, 2016)

3.4 Prosedur Penelitian

3.4.1 Klasifikasi Karakter Morfologi

Pengamatan mengenai karakter morfologi Pisang (kualitatif dan kuantitatif) dilakukan menggunakan acuan buku *Descriptor for Banana (Musa spp.)* (IPGRI, 1996). Pengamatan ini dilakukan terhadap 33 karakter Pisang yang terpilih pada bagian organ vegetatif (Lampiran 2). Hasil yang didapatkan untuk pengelompokan Pisang berdasarkan karakter morfologi.

3.4.2 Klasifikasi Karakter Molekuler

3.4.2.1 Pengambilan Sampel

Sampel yang digunakan dalam penelitian ini diambil dari daun Pisang yang masih muda dan berwarna hijau muda (bentuknya menggulung) dari jenis Pisang bergenom AA, AAA, AAB, ABB dan BB dari Kebun Plasma Nutfah Pisang, Dinas Pertanian dan Pangan, Kota Yogyakarta (Tabel 3.2). Daun Pisang dimasukkan kedalam plastik klip yang sudah diisi *silica gel* bertujuan agar sampel tidak mudah rusak dan bertahan lebih lama.

3.4.2.2 Ekstraksi dan Isolasi DNA

Daun Pisang muda yang masih menggulung bergenom AA, AAA, AAB, ABB dan BB diambil DNANYA dengan cara isolasi DNA. Adapun tahapannya sebagai berikut daun Pisang tersebut dibekukan menggunakan nitrogen cair kemudian dihaluskan menggunakan mortar dan pestel hingga berbentuk serbuk. Serbuk daun Pisang di ambil sebanyak 40 mg dan dimasukkan ke dalam tube 1,5 mL dan ditambahkan 600 μ L larutan *Nuclei Lisis* kemudian di vortex selama 1-5 detik. Suspensi yang terbentuk kemudian diinkubasi selama 15 menit dengan suhu 65°C. Kemudian ditambahkan 3 μ L larutan RNAase ke dalam suspensi, di-lanjutkan dengan menutup tube dan membolak-baliknya sebanyak 2-5 kali bertujuan agar suspensi tercampur rata. Suspensi diinkubasi kembali selama 15 menit dengan suhu 37°C, setelah itu suspensi didiamkan selama 5 menit dalam suhu ruang.

Tahap selanjutnya yaitu presipitasi protein pada suspensi DNA dengan cara menambahkan 200 μ L *Protein Precipitation Solution* dalam tube dan divortex selama 20 detik. Kemudian disentrifuge suspensi DNA tersebut dengan kecepatan berkisar 13.000-16.000 rpm selama 30 menit yang bertujuan untuk memisahkan molekul berdasarkan beratnya, selanjutnya diambil supernatannya dalam tube dan dipindahkan ke tube baru yang berukuran 1,5 μ L dan ditambahkan 600 μ L Isopropanol DNA. Campuran antara DNA dan Isopropanol tersebut di-homogenkan dengan cara membolak-balikkan tube secara perlahan dalam keadaan tertutup. Setelah homogen, maka disentrifuge kembali selama 1 menit dalam suhu ruang dengan kecepatan 13.000-16.000 rpm.

Proses selanjutnya yaitu purifikasi DNA dimana campuran antara DNA dan isopropanol yang telah disentrifugasi diambil bagian supernatant-nya lalu dibuang, sementara bagian pelletnya ditambahkan ethanol 70% sebanyak 600 μ L (suhu ruang). Tube yang berisi larutan tersebut dibolak-balikkan perlahan beberapa kali bertujuan untuk mencuci DNA sampel. Kemudian larutan dipisahkan kembali dengan cara disentrifuge selama 1 menit dengan kecepatan 13.000-16.000 rpm dalam suhu ruang. Langkah berikutnya bagian supernatant diambil menggunakan mikropipet dan di buang lakukan secara hati-hati karena pada tahap ini pellet DNA mudah lepas dari tube. Pellet yang telah bersih dari supernatant dikering-anginkan selama 15 menit setelah itu ditambahkan DNA *Rehydration Solution* sebanyak 100

μL kemudian dihomogenkan dengan cara membolak-balikkan tube 1-5 kali. Tahapan isolasi DNA yang terakhir yaitu larutan DNA diinkubasi selama 1 jam dengan suhu 65°C , kemudian disimpan dalam lemari pendingin dengan suhu 4°C agar dapat digunakan dalam kurun waktu yang lama.

3.4.2.3 Uji Kualitatif dan Kuantitatif DNA

Pengujian secara kualitatif DNA hasil isolasi dilakukan dengan elektroforesis gel agarose 1% (200 mg agarose dalam 20 mL TBE $\frac{1}{2}$ x) yang telah ditambah dengan $1 \mu\text{g/ml}$ *Ethidium bromide* (*Etbr*). Proses elektroforesis dilakukan dengan tegangan 80 Volt selama 30 menit, dilanjutkan dengan proses visualisasi menggunakan Gel Doc/UV *transiluminator* (BioRAD). Acuan yang digunakan untuk menentukan ukuran genom DNA yaitu DNA ladder 1-kb (Thermo Scientific, California, USA).

Uji kuantitatif adalah uji yang digunakan untuk mengetahui konsentrasi dan kemurnian suatu DNA. Tinggi rendahnya kemurnian suatu DNA dapat diketahui dari nilai absorbansi pada panjang gelombang 260 nm dan 280 nm menggunakan AE-Nano 200 *Nucleic Acid Analyzer* versi 2.0. Menurut Sambrook (1989) tingkat kemurnian suatu DNA dapat dikatakan baik jika nilai rasio *Optimal Density* (OD) 260/280 nm yang diperoleh antara 1,8–2,0.

3.4.2.4 Amplifikasi PCR dan Visualisasi DNA

Proses amplifikasi PCR dilakukan dengan membuat larutan pada tube PCR sebanyak $10 \mu\text{L}$ (volume total) yang terdiri dari $1 \mu\text{L}$ 25 ng sampel DNA, $1 \mu\text{L}$ 10 pmol primer, $3 \mu\text{L}$ *nuclease-free water* dan $5 \mu\text{L}$ DreamTaq DNA polymerase; 2x DreamTaq Green Buffer; 0,4 mM dNTPs dan mM MgCl_2 .

Protocol siklus thermal yang digunakan berdasarkan Lamare dengan modifikasi (2015) yaitu 1 siklus denaturasi pada suhu 94°C selama 5 menit, kemudian diikuti dengan 35 siklus denaturasi 94°C selama 40 detik, *annealing* selama 1 menit disesuaikan dengan suhu spesifik primer ISSR (Tabel 3.1), ekstensi pada suhu 72°C selama 1 menit 30 detik dan dilanjutkan dengan 1 siklus post ekstensi pada suhu 72°C selama 7 menit dan diakhiri dengan proses terminasi pada suhu 4°C . Keberhasilan proses amplifikasi dapat dikonfirmasi menggunakan elektroforesis dengan komposisi gel agarose 1.0% dalam buffer TBE $\frac{1}{2}$ x, ditambah

1 $\mu\text{g/ml}$ *Ethidium bromide* (Etbr), kemudian divisualisasi dibawah UV pada Gel Doc/UV *transiluminator* (BioRAD) dengan marker 100 bp DNA ladder.

3.5 Analisis Data

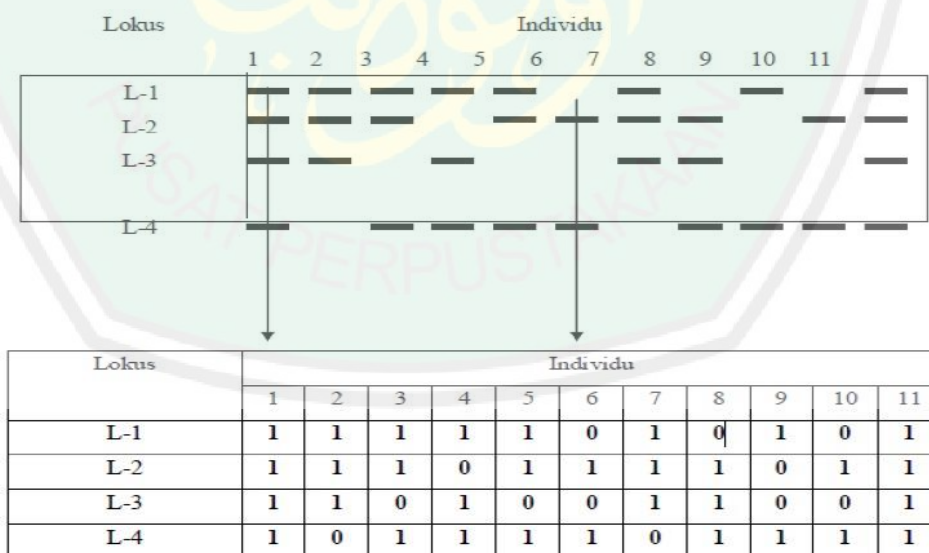
3.5.1 Skoring Data

3.5.1.1 Marka Morfologi

Pemberian nilai pada data karakterisasi morfologi 14 kultivar Pisang yang digunakan pada penelitian ini, sesuai dengan acuan buku *descriptor* IPGRI (1996). Cara pemberian nilai untuk satu karakter morfologi Pisang disesuaikan dengan interval skor yang telah ditentukan pada buku *descriptor* tersebut.

3.5.1.2 Marka Molekuler

Pemberian nilai pada pita DNA hasil amplifikasi bertujuan untuk memperkirakan tingkat polimorfisme. Cara pemberian nilainya yaitu skor “1” untuk pita DNA yang muncul dan nilai “0” untuk pita DNA yang tidak muncul (Gambar 3.1). Evaluasi pita DNA hasil amplifikasi berguna untuk menghitung nilai similaritas, menghitung tingkat pita DNA polimorfik, analisis PCOA dan analisis deskriptif tentang pita DNA sebagai penanda genom.



Gambar 3.1 Cara penilaian pita dengan sistem *scoring* (0 = tidak ada pita, 1 = ada pita) (Yunanto, 2006)

3.5.2 Analisis Kekuatan Primer

Penentuan primer ISSR (*Inter-Simple Sequence Repeat*) yang paling informatif dapat dilihat dari beberapa parameter diantaranya, *Polymorphic Information Content* (PIC), *Marker Indeks* (MI), *Resolving power* (Rp) dan *Effective Multiplex Ratio* (EMR) (Laurentin dan Karlovsky, 2007).

Polymorphic Information Content (PIC) berguna sebagai parameter standar untuk mengevaluasi hasil amplifikasi PCR marka genetik berdasarkan pita DNA. Nilai PIC berkisar antara 0–0,5, semakin tinggi nilai PIC maka menandakan bahwa suatu primer tersebut semakin baik digunakan untuk mengetahui adanya variasi genetik. Nilai (PIC) untuk setiap primer dapat dihitung menggunakan rumus berikut (Roldan-Ruiz, 2000):

$$PIC_i = 2f(1 - f) \quad (1)$$

Keterangan:

f = frekuensi pita DNA yang muncul

1-f = frekuensi pita DNA yang tidak muncul

Effective multiplex ratio (EMR) adalah parameter yang digunakan untuk mengetahui keseluruhan jumlah pita DNA yang terbentuk pada setiap primer dan jumlah pita DNA polimorfik. Nilai EMR dapat diperoleh dengan rumus berikut (Powell, 1996; Nagaraju: 2001):

$$EMR = np \left(\frac{np}{n} \right) \quad (2)$$

Keterangan:

n = produk dari total jumlah pita DNA yang muncul pada setiap primer

np = jumlah pita DNA polimorfik

Marker Indeks (MI) berguna untuk mengetahui indeks suatu primer dalam menghasilkan pita DNA polimorfik. Adapun untuk memperoleh nilai MI dapat menggunakan rumus (Varshney, 2007): $MI = PIC \times EMR$. Kemudian menghitung *Resolving power* (Rp) pada masing-masing primer dapat dihitung menggunakan rumus: $R_p = \sum I_b$. I_b menunjukkan mengenai informasi pita DNA yang di-wakikan dengan skala antara 0-1. I_b didapatkan dari rumus: $I_b = 1 - [2 \times (0,5 - P)]$, dengan P adalah nilai proporsi dari 10 genotipe yang mengandung pita DNA. *Resolving*

power berguna untuk menunjukkan kemampuan primer paling informatif dalam membedakan pita DNA antar genotipe (Prevost dan Wilkinson: 1999).

3.5.3 Analisis Pengelompokan

3.5.3.1 Analisis Pengelompokan berdasarkan Karakter Morfologi

Data karakterisasi morfologi Pisang yang telah didapatkan berdasarkan buku *descriptor* IPGRI (1996), dan telah dikonversikan menjadi data nominal, ordinal dan skala interval. Kemudian data tersebut diolah memakai aplikasi *Paleontological Statistic* (PAST) untuk mengetahui pengelompokannya menggunakan pilihan menu *clustering - classical* dengan algoritma kelompok (*paired group*) dan koefisien persamaan Bray-Curtis (Hammer, 2001).

3.5.3.2 Analisis Pengelompokan berdasarkan Marka Molekuler

Analisis pengelompokan berdasarkan marka molekuler ISSR dapat dilakukan menggunakan *indeks similaritas* Jaccard melalui aplikasi PAST (*Paleontological Statistics*) versi 3.15 (Hammer, 2001). Bertujuan untuk mengelompokkan Pisang kultivar berdasarkan genomnya. Adapun rumusnya sebagai berikut (Jaccard, 1901):

$$S_{jac} = \frac{\sum_{i=1}^d PiQi}{\sum_{i=1}^d P_i^2 + \sum_{i=1}^d Q_i^2 - \sum_{i=1}^d PiQi} \quad (3)$$

Keterangan:

Sjac= indeks similaritas Jaccard

Pi = skor 1 (muncul pita DNA)

Qi = skor 0 (tidak muncul pita DNA)

Analisis pengelompokan juga dapat dilakukan melalui pemetaan berdasarkan PCoA (*Principal Coordinate Analysis*) dengan aplikasi PAST (*Paleontological Statistics*) versi 3.15 (Hammer, 2001).

3.5.4 Analisis Persamaan Pita DNA

Analisis persamaan pita DNA pada genom Pisang dilakukan menggunakan analisis deskriptif yang mengacu pada ada tidaknya pita DNA yang muncul pada 14 Pisang sampel. Pita DNA yang muncul pada Pisang diploid bergenom AA akan dibandingkan dengan pita DNA yang muncul pada kultivar Pisang triploid yang bergenom AAA, AAB dan ABB, begitu juga dengan Pisang diploid bergenom BB

akan dibandingkan dengan kultivar Pisang triploid bergenom AAB dan ABB. Sehingga dapat dilihat manakah pita DNA yang mengkode genom A dan B.



BAB IV HASIL DAN PEMBAHASAN

4.1 Karakterisasi Kultivar Pisang berdasarkan Marka Morfologi

Kelompok kultivar Pisang bergenom AA (Pisang Rejang, Pisang Mas dan Pisang Berlin) memiliki beberapa karakter yang sama tinggi batang semu ≤ 2 m, aspek batang semu ramping, terdapat bintik kecil pada dasar tangkainya dan berwarna coklat muda, lebar helai daun ≤ 70 cm dan memiliki panjang tangkai ≤ 50 cm (Gambar 4.1). Hal tersebut sesuai dengan pernyataan Hapsari (2016) bahwa Pisang yang bergenom AA memiliki beberapa ciri diantaranya pewakannya ramping, tinggi tananam $< 2,5$ m, seludang batang semunya berwarna hijau kekuningan dan tidak berlilin.



Gambar 4.1 Karakter Sinapomorfi Kultivar Pisang genom AA

Kelompok kultivar Pisang bergenom AAA memiliki beberapa karakter yang sama meliputi warna batang semu hijau kekuningan, posisi anakan dekat dengan induknya, warna permukaan bawah daun hijau sedang dan warna tulang tengah daun permukaan dorsal hijau (Gambar 4.2). Hal tersebut sesuai dengan pernyataan Nedha (2017) bahwa pisang yang memiliki genom AA/AAA memiliki beberapa ciri diantaranya tipe bentukan susunan daunnya tegak atau menengah, terdapat bulu halus pada permukaan tandan dan bentuk jantung runcing. Hapsari (2016) menambahkan ciri Pisang yang bergenom AAA yaitu memiliki rumpun sedikit hingga sedang; batang semu berwarna hijau kekuningan, tidak berlilin.



Gambar 4.2 Karakter Sinapomorfi Kultivar Pisang genom AAA

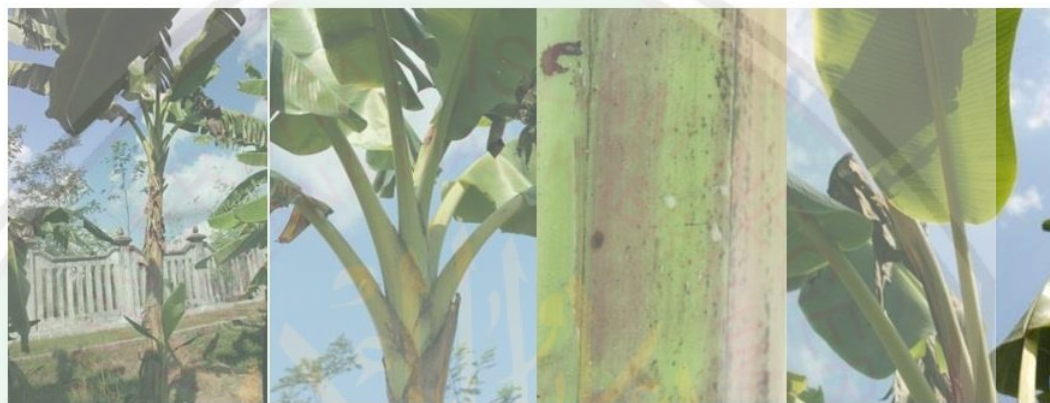
Kelompok kultivar Pisang bergenom AAB memiliki beberapa karakter yang sama meliputi perkembangan anakan sama dengan induknya (Gambar 4.3). Hal tersebut sesuai dengan pernyataan Hapsari (2016) bahwa Pisang yang bergenom AAB meliputi memiliki rumpun yang sedang hingga banyak, perawakan batang semuanya cukup besar dan kokoh berwarna hijau dengan bercak kecoklatan hingga kehitaman, sedikit berlilin. Nedha (2017) menambahkan ciri Pisang dengan komposisi genom AAB memiliki beberapa ciri diantaranya tipe susunan daunnya menengah, bentuk kanal tangkai daun membuka, dan terdapat bulu halus pada permukaan tandannya.



Gambar 4.3 Karakter Sinapomorfi Kultivar Pisang genom AAB

Kelompok kultivar Pisang bergenom ABB memiliki beberapa karakter yang sama meliputi tinggi batang semu berkisar 2,1 m–2,9 m, warna batang semu hijau kekuningan, warna batang semu yang dominan hijau dengan semburat warna *pink*

keunguan, margin tangkai tidak bersayap dan memeluk batang, tipe margin tidak kering, warna margin hijau dan titik penyisipan helai daun pada tangkai tidak tumpang tindih (Gambar 4.4). Hal tersebut sesuai dengan pernyataan Hapsari (2016) bahwa Pisang yang mengandung genom ABB memiliki beberapa ciri diantaranya mempunyai aspek batang yang besar dan kokoh, tinggi batang mampu mencapai 5 m, tepi tangkai saling mengatup, ukuran daun yang panjang berwarna hijau tua dan terkulai.



Gambar 4.4 Karakter Sinapomorfi Kultivar Pisang genom ABB



Gambar 4.5 Karakter Sinapomorfi Kultivar Pisang Genom BB

Kelompok kultivar Pisang bergenom BB memiliki beberapa karakter yang sama meliputi bentuk tegakan yang tegak, aspek batang besar, permukaan batang semu kusam (berlilin), pelepahnya cukup berlilin, bercak pada dasar tangkai berupa bintik kecil, warna bintik coklat kehitaman, kanal daun tertutup terlihat margin yang tumpang tindih, margin tangkai tidak bersayap dan memeluk batang, panjang tangkai 51 cm-70 cm, (Gambar 4.5). Hal tersebut sesuai dengan pernyataan

Simmonds dan Sepherd (1955) bahwa Pisang yang bergenom BB memiliki ciri diantaranya bercak pada batang semu bentuknya kecil, tepi tangkai daun menutup dan tidak bersayap, tidak terdapat bulu halus pada tangkai tandan.

Tabel 4.1 Nilai kesamaan 14 kultivar Pisang berdasarkan karakter morfologi menggunakan indeks similaritas Bray-curtis

	I1	I2	I3	I4	I5	I6	I7	I8	I9	I10	I11	I12	I13	I14
I1	1													
I2	0,90	1												
I3	0,87	0,86	1											
I4	0,81	0,78	0,82	1										
I5	0,83	0,82	0,88	0,88	1									
I6	0,81	0,82	0,88	0,87	0,90	1								
I7	0,79	0,78	0,82	0,79	0,79	0,84	1							
I8	0,77	0,78	0,81	0,80	0,83	0,83	0,83	1						
I9	0,77	0,79	0,83	0,83	0,82	0,83	0,86	0,88	1					
I10	0,75	0,77	0,82	0,84	0,85	0,88	0,82	0,84	0,87	1				
I11	0,77	0,75	0,82	0,84	0,86	0,84	0,79	0,81	0,86	0,91	1			
I12	0,76	0,77	0,83	0,83	0,83	0,85	0,81	0,81	0,87	0,92	0,94	1		
I13	0,67	0,73	0,70	0,69	0,74	0,72	0,72	0,86	0,77	0,79	0,76	0,76	1	
I14	0,71	0,70	0,77	0,76	0,79	0,78	0,73	0,86	0,83	0,85	0,82	0,80	0,88	1

Keterangan: I1 (Pisang Rejang), I2 (Pisang Mas), I3 (Pisang Berlin), I4 (Pisang Kojo Santen), I5 (Pisang Ambon Hong), I6 (Pisang Morosebo), I7 (Pisang Raja Seribu), I8 (Pisang Triolin), I9 (Pisang Brentel Warangan), I10 (Pisang Sobo Awu), I11 (Pisang Ebung), I12 (Pisang Raja Bandung), I13 (Pisang Kluthuk Ijo), I14 (Pisang Kluthuk Wulung).

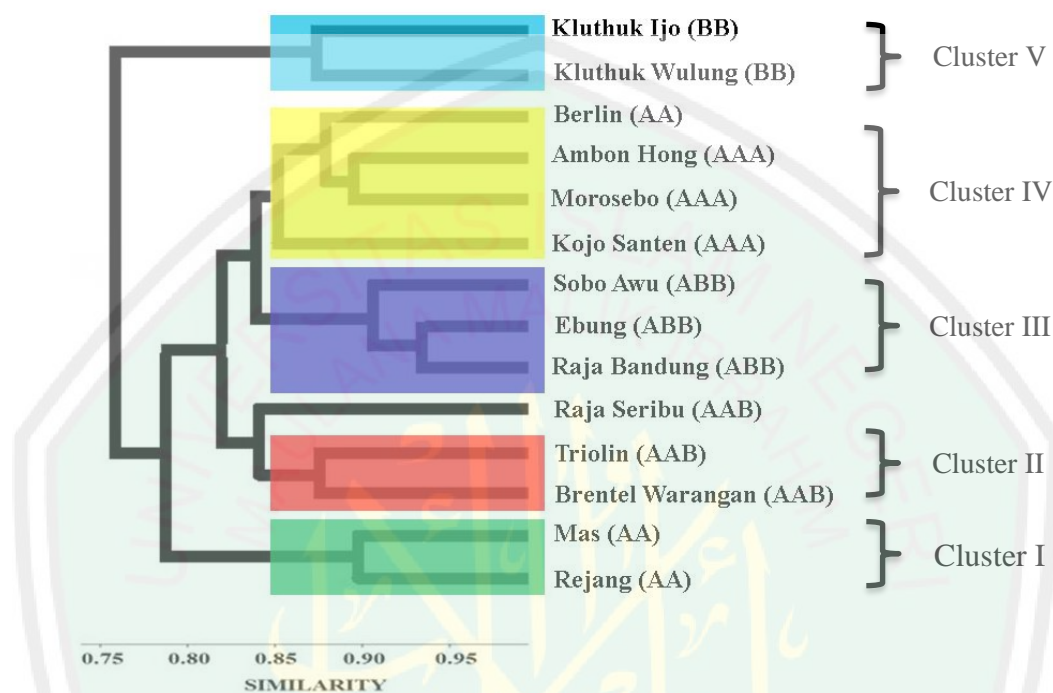
Nilai koefisien similaritas 14 kultivar Pisang berdasarkan indeks similaritas Bray-curtis berkisar antara 0,67–0,94 (Tabel 4.1). Nilai koefisien similaritas tertinggi yaitu sebesar 0,94 dapat ditemukan pada sampel I11 (Pisang Ebung; ABB) dan I12 (Pisang Raja Bandung; ABB) dengan 26 karakter yang sama, sedangkan nilai koefisien similaritas terendah yaitu sebesar 0,67 sampel I1 (Pisang Rejang; AA) dan I13 (Pisang Kluthuk Ijo; BB) dengan 10 Karakter yang sama (Tabel 4.1). Penentuan cluster pada penelitian ini berdasarkan nilai minimum similaritas. Nilai minimum similaritas yang digunakan yaitu $\geq 0,85$. Jika nilai similaritas $\geq 0,85$ maka Pisang dianggap satu kelompok, sedangkan jika nilai similaritasnya $< 0,85$ maka Pisang dianggap beda kelompok. Empat belas kultivar Pisang terbagi menjadi 5 cluster (Gambar 4.6) berdasarkan komposisi genomnya yaitu cluster I diisi oleh

Pisang Mas (AA) dan Pisang Rejang (AA) dengan nilai similaritas sebesar 0,90; cluster II diisi oleh Pisang Triolin (AAB) dan Pisang Raja Brentel Warangan (AAB) dengan nilai similaritas sebesar 0,88; cluster III diisi oleh Pisang Sobo Awu (ABB), Pisang Ebung (ABB) dan Pisang Raja Bandung (ABB) dengan nilai similaritas sebesar 0,91 untuk Pisang Sobo Awu dan Pisang Ebung, 0,92 untuk Pisang Sobo Awu dan Pisang Raja Bandung, 0,94 untuk Pisang Ebung dan Pisang Raja Bandung; cluster VI diisi oleh Pisang Berlin (AA), Pisang Ambon Hong (AAA), Pisang Morosebo (AAA) dan Pisang Kojo Santen dengan nilai similaritas sebesar 0,88 untuk Pisang Berlin dan Pisang Ambon Hong, 0,88 untuk Pisang Berlin dan Pisang Morosebo, 0,82 untuk Pisang Berlin dan Pisang Kojo Santen, 0,90 untuk Pisang Ambon Hong dan Pisang Morosebo, 0,88 untuk Pisang Ambon Hong dan Pisang Kojo Santen, 0,87 untuk Pisang Morosebo dan Pisang Kojo Santen; cluster V diisi oleh Pisang Kluthuk Ijo (BB) dan Kluthuk Wulung (BB) dengan nilai similaritas sebesar 0,88 (Tabel 4.1). Pisang Raja Seribu (AAB) keluar dari kelompok Pisang bergenom AAB, namun jika dilihat dari nilai indeks similaritas Bray-curtis (Tabel 4.1) Pisang Raja Seribu termasuk kelompok Pisang bergenom AAB.

Pengelompokan kultivar Pisang ke dalam satu kelompok dikarenakan ada karakter yang sama dan tidak dimiliki oleh kultivar Pisang lainnya. Cluster I diisi oleh Pisang Mas (AA) dan Pisang Rejang (AA). Kedua Pisang tersebut memiliki karakter yang sama yaitu terdapat bercak yang besar pada dasar tangkainya. Karakter tersebut sebagai penanda genom AA.

Cluster II diisi oleh Pisang Brentel Warangan (AAB) dan Triolin (AAB). Kedua Pisang tersebut memiliki karakter yang tidak dimiliki oleh kultivar yang lain yaitu kanal tangkainya lurus dengan margin tegak dan permukaan atas daunnya cukup berlilin. Karakter tersebut sebagai penanda genom ABB. Namun, karakter tersebut tidak dimiliki oleh Pisang Raja Seribu yang memiliki genom sama yaitu AAB, sehingga Pisang Raja Seribu keluar dari kelompok berdasarkan genomnya. Jika dilihat dari nilai koefisien similaritasnya berdasarkan indeks Bray-curtis Pisang Raja Seribu diketahui bahwa masih berkerabat dekat dengan Pisang Brentel Warangan dan Pisang Triolin.

Cluster III diisi oleh Pisang Sobo Awu (ABB), Pisang Ebung (ABB) dan Pisang Raja Bandung. Ketiga Pisang tersebut memiliki karakter yang tidak dimiliki oleh Pisang lainnya yaitu pigmentasi pada batang semunya berwarna pink keunguan. Karakter tersebut sebagai penanda genom ABB.



Gambar 4.6 Dendrogram 14 kultivar Pisang berdasarkan karakter morfologi menggunakan indeks similaritas Bray-curtis

Cluster IV diisi oleh Pisang Kojo Santen (AAA), Pisang Morosebo (AAA), Pisang Ambon Hong (AAA) dan Pisang Berlin (AA). Keempat Pisang tersebut memiliki karakter yang tidak dimiliki oleh Pisang yang lainnya yaitu Permukaan batang semunya terang (tiak berlilin), posisi anaknya dekat dengan induk, dan memiliki tepi margin yang basah. Karakter tersebut sebagai penanda genom AAA. Pada cluster IV terdapat kultivar Pisang yang memiliki genom AA yaitu Pisang Berlin. Pisang Berlin keluar dari kelompok Pisang AA, karena memiliki lebih banyak karakter yang sama dengan Pisang bergenom AAA dibandingkan dengan Pisang yang bergenom AA. Hal tersebut juga terlihat pada pengelompokan berdasarkan marka molekuler (Gambar 4.9), sehingga Pisang Berlin bergenom AAA bukan AA. Perubahan komposisi genom dapat disebabkan beberapa hal diantaranya terjadi mutasi (INIBAP, 2002), seleksi manusia (Kaemmer, 1997),

persilangan alami dalam satu jenis, antar jenis ataupun persilangan balik dengan induknya (Simmonds dan Shepherd, 1995).

Cluster V diisi oleh Pisang Kluthuk Ijo (BB) dan Pisang Kluthuk Wulung (BB). Kedua Pisang tersebut memiliki karakter yang tidak dimiliki oleh Pisang lainnya yaitu memiliki bentuk tegakan daun yang tegak, tinggi batang ≥ 3 m, aspek batang semuanya besar, warna bintik pada dasar pelepahnya coklat kehitaman dan kanal tangkainya memiliki margin yang tumpang tindih. Karakter-karakter tersebut sebagai penanda genom BB.



Gambar 4.7 PCoA (*Principal Coordinate Analysis*) berdasarkan karakter morfologi menggunakan indeks similaritas Bray-curtis dalam pengelompokan 14 kultivar Pisang

PCoA (*Principal Coordinate Analysis*) mampu memetakan 14 kultivar Pisang pada empat kuadran, yaitu kuadran I, II, III, IV. Pengelompokan berdasarkan dua koordinat utama menunjukkan posisi relatif setiap individu. Analisis PCoA dilakukan berdasarkan titik koordinat 1 dan 2. Pengelompokan 14 kultivar Pisang sesuai genomnya berdasarkan titik koordinat 1 dan 2 menunjukkan bahwa kultivar Pisang tersebut menyebar pada keempat kuadran (Gambar 4.7). Kuadran I diisi oleh Pisang bergenom AAB dan ABB; kuadran II diisi oleh Pisang bergenom AAA; kuadran III diisi oleh Pisang bergenom AAB dan BB; kuadran IV diisi oleh Pisang bergenom AA. Hal ini sesuai dengan nilai indeks similaritas Bray-curtis (Tabel 4.1).

4.2 Karakterisasi Kultivar Pisang berdasarkan Marka Molekuler ISSR (*Inter-simple Sequence Repeat*)

Fragmen pita DNA yang muncul memiliki panjang mencapai 10000 bp dengan ketebalan yang berbeda (Gambar 4.3). Fragmen DNA yang tebal dapat dilihat pada sampel I2, I3, I8, I10 dan fragmen DNA yang tipis terdapat pada sampel I1, I4, I5, I6, I7, I9, I11, I12, I13, I14 (Gambar 4.3). Adanya perbedaan tingkat ketebalan fragmen DNA dapat dipengaruhi oleh beberapa faktor diantaranya proses ekstraksi, konsentrasi DNA sampel setelah diekstraksi dan larutan yang digunakan. Hal tersebut sesuai dengan pernyataan Irmawati (2003) bahwa semakin rendah konsentrasi yang dihasilkan dari proses ekstraksi maka akan semakin tipis pula fragmen DNA yang dihasilkan setelah divisualisasi. Ketebalan suatu fragmen DNA yang dihasilkan menunjukkan jumlah total DNA hasil ekstraksi dalam kondisi utuh atau tidak terpotong akibat perlakuan mekanik ketika proses ekstraksi.



Gambar 4.8 Visualisasi hasil isolasi DNA 14 kultivar Pisang menggunakan gel elektroforesis. Keterangan: M (Marker 1kb), I1 (Rejang), I2 (Mas), I3 (Berlin), I4 (Kojo Santen), I5 (Ambon Hong), I6 (Morosebo), I7 (Raja Seribu), I8 (Triolin), I9 (Brentel Warangan), I10 (Sobo Awu), I11 (Ebung), I12 (Raja Bandung), I13 (Kluthuk Ijo), I14 (Kluthuk Wulung).

Tinggi rendahnya konsentrasi DNA hasil ekstraksi dipengaruhi oleh adanya kontaminan yang ditandai dengan terbentuknya smear saat uji kualitatif (Gambar 4.8). Beberapa jenis kontaminan yang biasa terdapat pada ekstraksi DNA yaitu protein (polisakarida, fenol) dan RNA (Kundu, 2011; Kheyrodin dan Ghazyinian, 2012). Tingginya konsentrasi DNA dan jenis kontaminannya dapat diketahui dari uji kuantitatif DNA dengan melihat nilai absorban pada panjang gelombang

260λ/280λ. Hal tersebut sesuai dengan pendapat Sambrook (1989) yang mengatakan bahwa sampel DNA dapat dikatakan murni yaitu jika hasil uji kuantitatifnya pada panjang gelombang 260λ/280λ menunjukkan nilai absorbansi berkisar antara 1,8–2,0. Apabila rasionya menunjukkan <1,8 mengindikasikan bahwa DNA tersebut masih mengandung protein, sedangkan apabila rasionya menunjukkan >2,0 maka mengindikasikan DNA tersebut masih mengandung RNA.

Nilai kemurnian DNA hasil ekstraksi yang didapat berkisar antara 0,63–2,76 dengan konsentrasi DNA berkisar antara 6,78-126,19 ng/μL (Lampiran 4). Konsentrasi tersebut sudah cukup untuk mengamplifikasi DNA 14 kultivar Pisang menggunakan marka molekuler ISSR (*Inter-Simple Sequence Repeat*), karena primer ISSR hanya membutuhkan cetakan DNA yang sedikit yaitu berkisar 5 - 50 ng per reaksi (Son, 2012; Riupassa, 2015; Sulassih, 2011). Sampel yang memiliki nilai kemurnian yang tinggi tanpa adanya kontaminan protein ataupun RNA adalah sampel Pisang Berlin (I3) dengan nilai absorbansi 1,97 dan sampel Pisang Kluthuk Ijo (I13) dengan nilai absorbansi 1,92. Adapun sampel yang teridentifikasi masih mengandung kontaminan protein (nilai absorbansi <1,8) yaitu sampel Pisang Morosebo (I6), Pisang Triolin (I8), Pisang Sobo Awu (I10) (Lampiran 4), sedangkan untuk sampel yang teridentifikasi masih mengandung kontaminan RNA (nilai absorbansi >2.0) yaitu sampel Pisang Rejang (I1), Pisang Mas (I2), Pisang Kojo Santen (I4), Pisang Ambon Hong (I5), Pisang Raja Seribu (I7), Pisang Brentel Warangan (I9), Pisang Ebung (I11), Pisang Raja Bandung (I12) dan Pisang Kluthuk Wulung (I14) (Lampiran 4).

Pisang Morosebo (I6) memiliki konsentrasi tertinggi yaitu 126,19 ng/μL, sedangkan sampel Pisang Mas (I2) memiliki konsentrasi terendah yaitu 6,01 ng/μL (Lampiran 4). Hal tersebut sesuai dengan hasil visualisasi yang menunjukkan bahwa sampel dengan konsentrasi yang tinggi akan memiliki fragmen yang tebal (I6: Pisang Morosebo), sedangkan sampel dengan konsentrasi yang rendah akan menghasilkan fragmen yang tipis (I2: Pisang Mas) (Gambar 4.8).

Nilai koefisien similaritas 14 kultivar Pisang berdasarkan marka molekuler berkisar antara 0,16–0,90 (Tabel 4.2). Nilai similaritas tertinggi berdasarkan marka molekuler yaitu sebesar 0,90 dapat ditemukan pada sampel I13 (Pisang Kluthuk Ijo; BB) dan I14 (Pisang Kluthuk Wulung; BB) (Tabel 4.2), sedangkan nilai koefisien

terendah yaitu sebesar 0,16 dapat ditemukan pada sampel I5 (Pisang Ambon Hong; AAA) dan I14 (Pisang Kluthuk Wulung; BB) (Tabel 4.2).

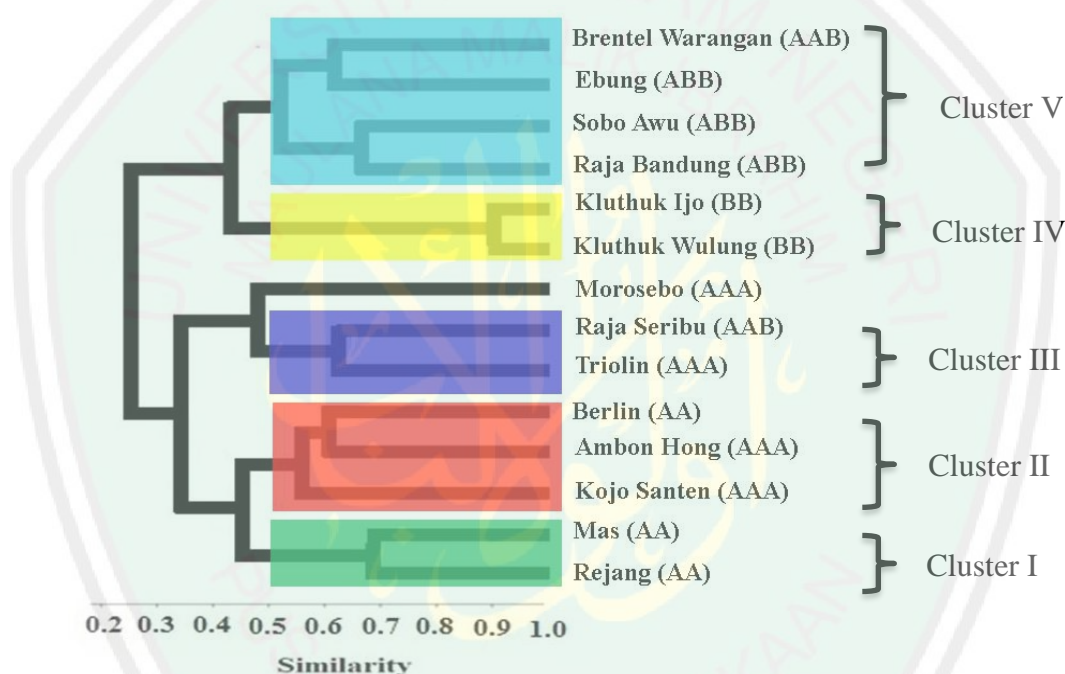
Tabel 4.2 Nilai kesamaan 14 kultivar Pisang berdasarkan marka molekuler ISSR menggunakan indeks similaritas Jaccard

	I1	I2	I3	I4	I5	I6	I7	I8	I9	I10	I11	I12	I13	I14
I1	1													
I2	0,69	1												
I3	0,50	0,50	1											
I4	0,41	0,44	0,59	1										
I5	0,44	0,45	0,61	0,53	1									
I6	0,37	0,35	0,42	0,49	0,43	1								
I7	0,24	0,29	0,33	0,38	0,41	0,43	1							
I8	0,23	0,28	0,31	0,39	0,31	0,55	0,63	1						
I9	0,17	0,21	0,19	0,22	0,23	0,27	0,42	0,47	1					
I10	0,20	0,23	0,33	0,33	0,24	0,35	0,42	0,52	0,49	1				
I11	0,20	0,21	0,21	0,19	0,28	0,27	0,40	0,38	0,62	0,56	1			
I12	0,19	0,22	0,29	0,25	0,25	0,30	0,40	0,43	0,46	0,67	0,59	1		
I13	0,17	0,17	0,17	0,17	<u>0,16</u>	0,19	0,21	0,23	0,34	0,40	0,46	0,57	1	
I14	0,17	0,17	0,17	0,17	<u>0,16</u>	0,21	0,23	0,25	0,34	0,40	0,43	0,54	<u>0,90</u>	1

Keterangan: I1 (Pisang Rejang), I2 (Pisang Mas), I3 (Pisang Berlin), I4 (Pisang Kojo Santen), I5 (Pisang Ambon Hong), I6 (Pisang Morosebo), I7 (Pisang Raja Seribu), I8 (Pisang Triolin), I9 (Pisang Brentel Warangan), I10 (Pisang Sobo Awu), I11 (Pisang Ebung), I12 (Pisang Raja Bandung), I13 (Pisang Kluthuk Ijo), I14 (Pisang Kluthuk Wulung).

Penentuan cluster pada penelitian ini berdasarkan nilai minimum similaritas. Nilai minimum similaritas yang di gunakan yaitu $\geq 0,5$. Jika nilai similaritas $\geq 0,5$ maka Pisang dianggap satu kelompok, sedangkan jika nilai similaritasnya $< 0,5$ maka Pisang dianggap beda kelompok. Empat belas kultivar Pisang terbagi menjadi 5 cluster (Gambar 4.9) berdasarkan komposisi genomnya yaitu cluster I diisi oleh Pisang Mas dan Pisang Rejang dengan nilai similaritas sebesar 0,69; cluster II diisi oleh Pisang Berlin (AA), Pisang Ambon Hong (AAA) dan Pisang Kojo Santen dengan nilai similaritas sebesar 0,61 untuk Pisang Berlin dan Pisang Ambon Hong, 0,59 Pisang Berlin untuk dan Pisang Kojo Santen, 0,53 untuk Pisang Ambon Hong dan Pisang Kojo Santen; cluster III diisi oleh Pisang Raja Seribu dan Pisang Triolin dengan nilai similaritas sebesar 0,63; cluster VI diisi oleh Pisang Kluthuk Ijo (BB) dan Kluthuk Wulung (BB) dengan nilai similaritas sebesar 0,90; cluster V diisi oleh

Pisang Brentel Warangan (AAB), Pisang Ebung (ABB), Pisang Sobo Awu (ABB) dan Pisang Raja Bandung (ABB) dengan nilai similaritas sebesar 0,49 untuk Pisang Brentel Warangan dan Pisang Ebung, 0,62 untuk Pisang Brentel Warangan dan Pisang Sobo Awu, 0,46 untuk Pisang Brentel Warangan dan Pisang Raja Bandung, 0,56 untuk Pisang Ebung dan Pisang Sobo Awu, 0,59 untuk Pisang Sobo Awu dan Pisang Raja Bandung, 0,67 untuk Pisang Ebung dan Pisang Raja Bandung. Pisang Morosebo (AAA) keluar dari kelompok Pisang bergenom AAA dan membentuk cluster sendiri, namun jika dilihat dari nilai similaritasnya (Tabel. 4.2) Pisang Morosebo termasuk dalam kelompok Pisang bergenom AAB.



Gambar 4.9 Dendrogram 14 kultivar Pisang berdasarkan marka molekuler ISSR menggunakan indeks similaritas Jaccard

Lima pengelompokan yang terbentuk berdasarkan marka molekuler ISSR (*Inter-Simple Sequence Repeat*) dari 14 kultivar Pisang dipengaruhi oleh kesamaan komposisi genetiknya. Cluster I diisi oleh Pisang Mas (AA) dan Pisang Rejang (AA). Cluster II diisi oleh Pisang Kojo Santen (AAA), Pisang Ambon Hong (AAA), Pisang Morosebo (AAA) dan Pisang Berlin (AA). Cluster III diisi oleh Pisang Raja Seribu (AAB) dan Pisang Triolin (AAB). Cluster IV diisi oleh Pisang Kluthuk Wulung (BB) dan Pisang Kluthuk Ijo (BB). Cluster V diisi oleh Pisang Brentel

Warangan (AAB), Pisang Ebung (ABB), Pisang Sobo Awu (ABB) dan Pisang Raja Bandung (ABB) (Gambar 4.9).

Pisang Brentel Warangan (AAB), Pisang Morosebo (AAA) dan Pisang Berlin (AA) adalah kultivar Pisang yang keluar dari kelompok Pisang dengan genom yang sama. Hal tersebut disebabkan oleh rendahnya kemurnian DNA yang menyebabkan tidak menempelnya primer pada DNA target, sehingga pita DNA tidak terbentuk (Lampiran 5). Hal tersebut sesuai dengan pernyataan Langga (2012) bahwa kemurnian DNA yang rendah mempengaruhi proses penempelan primer pada DNA target.



Gambar 4.10 PCoA (*Principal Coordinate Analysis*) berdasarkan marka molekuler ISSR menggunakan indeks similaritas Jaccard dalam pengelompokan 14 kultivar Pisang

PCoA (*Principal Coordinate Analysis*) mampu memetakan 14 kultivar Pisang pada empat kuadran, yaitu kuadran I, II, III, IV. Pengelompokan berdasarkan dua koordinat utama menunjukkan posisi relatif setiap individu. Analisis PCoA dilakukan berdasarkan titik koordinat 1 dan 2. Pengelompokan 14 kultivar Pisang sesuai genomnya berdasarkan titik koordinat 1 dan 2 menunjukkan bahwa kultivar Pisang tersebut menyebar pada keempat kuadran (Gambar 4.10). Kuadran I diisi oleh Pisang bergenom AAB dan ABB; kuadran II diisi oleh Pisang bergenom AAA dan AAB; kuadran III diisi oleh Pisang bergenom BB dan ABB; kuadran IV diisi oleh Pisang bergenom AA dan AAA. Hal ini sesuai dengan nilai indeks similaritas Jaccard (Tabel 4.2).

4.2.1 Amplifikasi PCR ISSR (*Inter-Simple Sequence Repeat*)

4.2.1.1 Seleksi Primer ISSR (*Inter-Simple Sequence Repeat*)

Proses seleksi primer dilakukan untuk mengetahui manakah primer yang paling efektif untuk mengamplifikasi DNA 14 kultivar Pisang yang digunakan dengan komposisi genom yang berbeda-beda. Hasil uji kualitatif telah menunjukkan bahwa 5 primer ISSR (I-834, I-835, I-843, I-848, I-855) yang digunakan mampu mengamplifikasi pita DNA monomorfik dan polimorfik 14 kultivar Pisang. Pita DNA monomorfik adalah pita DNA yang dimiliki oleh semua sampel yang digunakan, sedangkan pita DNA polimorfik adalah pita DNA yang hanya dimiliki oleh sebagian sampel. Pita monomorfik sebagai kode sifat yang dimiliki oleh semua sampel, sementara pita DNA polimorfik menunjukkan keragaman variasi genetik sampel. Panjang ampikon pita DNA yang dihasilkan primer I-834 berkisar antara 200 bp–800 bp; primer I-835 antara 210 bp–1270 bp; primer I-843 antara 280 bp–1450 bp; primer I-848 antara 280 bp–1380 bp; dan primer I-855 antara 250 bp–1280 bp (Lampiran 6).

Kelima primer ISSR dapat digunakan untuk mengetahui keragaman genetik 14 kultivar Pisang, karena mampu menghasilkan pita DNA yang jelas (Lampiran 5). Pita DNA yang terbentuk pada semua sampel (pita DNA monomorfik) dapat dilihat pada hasil uji kualitatif primer I-834 dengan panjang ampikon 380 bp; pada primer I-835 dengan panjang ampikon 210 bp dan 1000 bp; pada primer I-843 dengan panjang ampikon 600 bp; pada primer I-855 dengan panjang ampikon 590 bp (Lampiran 6). Namun, tidak semua primer mampu mengamplifikasi seluruh sampel secara keseluruhan, sehingga tidak terlihat terbentuknya pita DNA setelah uji kualitatif. Hal tersebut bisa terjadi karena tidak adanya kecocokan sekuen primer dengan sampel yang digunakan.

4.2.1.2 Analisis Polimorfisme Hasil Amplifikasi Primer ISSR (*Inter-Simple Sequence Repeat*)

Total Number of Bands (TNB) yang terbentuk dari kelima primer ISSR yaitu 100 pita DNA dengan ukuran ampikon yang bervariasi diantara 200 bp sampai

1450 bp. Adapun total pita DNA polimorfik yang terbentuk dari keseluruhan primer berjumlah 95, sedangkan total pita DNA monomorfiknya berjumlah 5. Persentase pita DNA polimorfik (PB) (Tabel 4.3) tertinggi adalah primer I-843 (100%), sedangkan yang terendah yaitu primer I-835 (90,9%). Rata-rata persentase pita polimorfik yaitu 95,05%. Populasi yang memiliki tingkat polimorfisme tinggi memiliki peluang hidup yang lebih baik (Yusron, 2005)

Nilai PIC (*Polymorphic Information Content*) (Tabel 4.3) yang diperoleh dalam penelitian ini berkisar antara 0,43 – 0,49 dengan nilai rata-rata 0,45. Nilai PIC tertinggi adalah primer I-835, sedangkan primer yang memiliki nilai PIC terendah adalah I-843 dan I-848. Nilai PIC yang digunakan untuk primer dominan seperti ISSR yaitu berkisar antara 0–0,5. Semakin tinggi nilai PIC mendekati 0,5 maka menunjukkan bahwa primer tersebut baik digunakan untuk mengetahui adanya variasi genetik (Rolan-Ruiz, 2000).

Tabel. 4.3 Analisis Polimorfisme Hasil Amplifikasi DNA 14 kultivar Pisang menggunakan marka ISSR (*Inter-Simple Sequence Repeat*).

No.	Primer	TNB	NPB	PB(%)	PIC	EMR	MI	RP
1.	I-834	17	16	94,12	0,46	15,06	6,95	12,29
2.	I-835	22	20	90,91	0,49	18,18	8,83	18,29
3.	I-843	20	20	100,00	0,43	20,00	8,62	12,57
4.	I-848	20	19	95,00	0,43	18,05	7,78	12,14
5.	I-855	21	20	95,24	0,45	19,05	8,59	14,43
Total		100	95	475,26	2,26	90,34	40,77	69,71
Rata-rata		20	19	95,05	0,45	18,07	8,15	13,94

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

Nilai EMR (*Effective Multiplex Ratio*) (Tabel 4.3) yang diperoleh dalam penelitian ini berkisar 15,06 sampai 20,00 dengan nilai rata-rata 18,07. Primer yang memiliki nilai EMR tertinggi yaitu primer I-843, sedangkan yang terendah adalah primer I-834. Nilai EMR berfungsi untuk mengetahui jumlah pita DNA polimorfik yang berhasil teramplifikasi pada sampel yang diamati. Semakin tinggi nilai EMR menandakan bahwa semakin efektif suatu primer untuk menghasilkan pita DNA yang polimorfik (Rolan-Ruiz, 2000).

Nilai MI (*Marker Index*) (Tabel 4.3) yang diperoleh dalam penelitian ini berkisar 6,95 sampai 8,83 dengan nilai rata-rata 8,15. Nilai MI tertinggi terdapat pada primer I-835, sedangkan nilai MI terendah ada pada primer I-834. Nilai MI berfungsi untuk mengetahui indeks primer dalam menghasilkan pita DNA polimorfik. *Marker Indeks* adalah produk dari PIC dan EMR, sehingga dapat digunakan untuk mengevaluasi semua primer yang digunakan. Semakin tinggi nilai MI, maka semakin baik suatu primer untuk digunakan untuk mengetahui variasi genetik (Powell, 1996; Nagaraju, 2001).

Nilai RP (*Resolving Power*) (Tabel 4.3) yang diperoleh dalam penelitian ini berkisar antara 12,14 sampai 18,29 dengan nilai rata-rata 13,94. Primer dengan nilai RP tertinggi adalah I-835, sedangkan primer dengan nilai RP terendah yaitu I-848. Resolving power adalah metode yang digunakan untuk mengukur kemampuan primer untuk menghasilkan pita DNA yang jelas dalam membedakan antar genotipe. Semakin tinggi nilai RP maka suatu primer tersebut semakin baik dalam menghasilkan pita DNA yang jelas (Prevost dan Wilkinson, 1999). Berdasarkan perhitungan TNB, NPB, PIC, EMR, MI dan RP diketahui bahwa primer I-835 adalah primer yang paling efektif dan informatif untuk meng-amplifikasi DNA 14 kultivar Pisang.

4.2.1.3 Analisis Persamaan Pita DNA 14 Kultivar Pisang

Hasil visualisasi DNA 14 kultivar Pisang menunjukkan ada dua jenis pita DNA yang terbentuk yaitu pita polimorfik dan pita monomorfik. Pita polimorfik adalah pita yang tidak terbentuk pada semua sampel, sedangkan pita monomorfik adalah pita yang terbentuk pada semua sampel. Banyaknya pita polimorfik yang terbentuk menandakan tingginya tingkat keragaman genetik pada sampel. Hal tersebut dapat dijadikan sebagai indikator untuk mengelompokkan kultivar Pisang berdasarkan genomnya melalui panjang pita DNA yang dihasilkan. Pita DNA monomorfik (Tabel 4.4) dihasilkan pada beberapa primer diantaranya, primer I-834 (380 bp), primer I-835 (1000 bp dan 210 bp), primer I-848 (600 bp), dan primer I-855 (590 bp).

Pita DNA polimorfik sebagai penanda genom A terlihat pada primer I-835 (580 bp), I-843 (280 bp), I-848 (500 bp); pita DNA sebagai penanda genom AA terdapat pada primer I-834 (280 bp), primer I-835 (700 bp, 610 bp, 340 bp), primer I-843

(1150 bp, 690bp), primer I-848 (460 bp) dan primer I-855 (500 bp); pita DNA sebagai penanda genom AB terdapat pada primer I-848 (800 bp); pita DNA sebagai penanda genom B terdapat pada primer I-834 (400 bp); pita DNA sebagai penanda genom BB terdapat pada primer I-834 (550 bp, 270 bp, 260 bp), primer I-835 (900 bp, 380 bp), I-848 (1380 bp, 1135 bp, 1125 bp, 900 bp), I-855 (1280 bp, 1000 bp, 750 bp, 600 bp) (Tabel 4.4). Panjang pita polimorfik tersebut dapat digunakan sebagai studi awal penanda genom kultivar Pisang pada primer ISSR tersebut.

Tabel 4.4 Jenis dan panjang pita DNA yang terbentuk dari amplifikasi menggunakan 5 marka molekuler ISSR

No.	Kode Primer	Jenis Pita DNA					
		Monomorfik	Polimorfik				
			A	AA	AB	B	BB
1.	I-834	380 bp	-	280 bp	-	400 bp	550 bp
		-	-	-	-	-	270 bp
		-	-	-	-	-	260 bp
2.	I-835	10000 bp	580 bp	700 bp	-	-	900 bp
		210 bp	-	610 bp	-	-	380 bp
		-	-	340 bp	-	-	-
3.	I-843	-	-	1150 bp	-	-	-
		-	-	690 bp	-	-	-
4.	I-848	600 bp	-	-	800 bp	-	1380 bp
		-	-	-	-	-	1130 bp
		-	-	-	-	-	1125 bp
		-	-	-	-	-	900 bp
5.	I-855	590 bp	-	500 bp	-	-	1280 bp
		-	-	-	-	-	1000 bp
		-	-	-	-	-	750 bp

Pendeteksian genom melalui pita DNA pada kultivar Pisang dapat dilakukan menggunakan beberapa marka molekul ISSR. Jika ingin mendeteksi genom A dapat menggunakan primer I-835 penanda genomnya terletak pada panjang pita DNA 580 bp (pita DNA muncul pada kultivar Pisang bergenom AA, AAA, AAB dan ABB). Pendeteksian genom AA dapat dilakukan menggunakan beberapa primer ISSR diantaranya, primer I-834 penanda genomnya terletak pada panjang pita DNA 700 bp (pita DNA muncul pada kultivar Pisang bergenom AA, AAA, dan AAB); primer I-835 penanda genomnya terletak pada panjang pita DNA 340 bp (pita DNA muncul pada kultivar Pisang bergenom AA dan AAA); selain itu, terdapat penanda genom AA yang muncul hanya pada kultivar Pisang bergenom AA yaitu pada primer I-835 penanda genomnya terletak pada panjang pita DNA

700 bp dan 610 bp, primer I-843 penanda genomnya terletak pada panjang pita DNA 1150 bp dan 690 bp, dan primer I-855 penanda genomnya terletak pada panjang pita DNA 500 bp. Pendeteksian genom AB dapat menggunakan primer I-848 penanda genomnya terletak pada panjang pita DNA 800 bp (pita DNA muncul pada kultivar Pisang bergenom AAB dan ABB). Pendeteksian genom B dapat menggunakan primer I-834 penanda genomnya terletak pada panjang pita DNA 400 bp (pita DNA muncul pada kultivar Pisang bergenom AAB, ABB dan BB). Pendeteksian genom BB dapat dilihat dari pita DNA yang keluar pada kultivar pisang bergenom ABB dan BB. Primer yang mampu mendeteksi genom BB dari kultivar Pisang bergenom ABB dan BB adalah primer I-834 penanda genomnya terletak pada panjang pita DNA 550 bp dan 260; primer I-835 penanda genomnya terletak pada panjang pita DNA 1000 bp, sedangkan penanda genom BB yang pita DNA-nya hanya muncul pada kultivar Pisang bergenom BB yaitu pada primer I-834 penanda genomnya terletak pada panjang pita DNA 270 bp, I-835 penanda genomnya terletak pada panjang pita DNA 380 bp, I-848 penanda genomnya terletak pada panjang pita DNA 1380 bp, 1130 bp, 1125 bp, dan 900 bp, primer I-855 penanda genomnya terletak pada panjang pita DNA 1280 bp dan 750 bp.

Pita DNA hasil visualisasi menggunakan gel elektroforesis yang terbentuk sebagai penanda genom pada 14 kultivar Pisang. DNA merupakan materi genetik pada setiap makhluk hidup yang akan diwariskan pada keturunannya. Hal tersebut dijelaskan secara tersirat dalam Q.S Yasiin ayat 36, sebagai berikut:

سُبْحَانَ الَّذِي خَلَقَ الْأَزْوَاجَ كُلَّهَا مِمَّا تُنْبِتُ الْأَرْضُ وَمِنْ أَنْفُسِهِمْ وَمِمَّا لَا يَعْلَمُونَ ﴿٣٦﴾

Artinya: “Maha Suci Tuhan yang telah menciptakan pasangan-pasangan semuanya, baik dari apa yang ditumbuhkan oleh bumi dan dari diri mereka maupun dari apa yang tidak mereka ketahui.” (Q.S Yasiin [36]:36)

{سُبْحَانَ الَّذِي خَلَقَ الْأَزْوَاجَ كُلَّهَا مِمَّا تُنْبِتُ الْأَرْضُ} “Mahasuci Allah yang telah menciptakan makhluk secara berpasang-pasang, baik dari apa yang ditumbuhkan dari bumi,” ialah berupa tumbuh-tumbuhan, buah-buahan dan tanam-tanaman. {وَمِنْ أَنْفُسِهِمْ} “Dan dari mereka sendiri,” Dia menjadikan mereka laki-laki dan perempuan. {وَمِمَّا لَا يَعْلَمُونَ} “Maupun dari apa yang tidak mereka ketahui,” ialah berupa makhluk-makhluk lain yang tidak mereka ketahui (Syaikh, 1994).

Shihab (2002) memperkuat penjelasan tentang Q.S Yaasiin ayat 36 sebagaimana berikut: ayat tersebut menyucikan Allah dari segala sifat buruk dan atau kekurangan yang disandangkan kepada-Nya oleh orang-orang yang mendurhakainya (dijelaskan dalam ayat sebelumnya). Allah yang mereka durhakai adalah yang menciptakan segala macam tumbuhan dan menumbuhkan buah-buahan dengan menciptakannya secara berpasang-pasangan. Berlatar belakang hal itulah ayat ini menyatakan *maha suci Dia* dari segala kekurangan sifat buruk. Dialah Tuhan *Yang telah menciptakan pasangan-pasangan semuanya*, pasangan yang berfungsi sebagai pejantan dan betina, *baik dari apa yang ditumbuhkan oleh bumi* seperti kurma dan anggur *dan demikian juga dari diri mereka* sebagai manusia, dan pula *dari apa yang tidak atau belum mereka ketahui* baik makhluk hidup maupun benda tidak bernyawa. Kata “مِنْ” pada ayat ini berfungsi sebagai penjelas, bahwa Allah telah menciptakan pejantan dan betina dalam seluruh ciptaan-Nya dari tumbuh-tumbuhan, hewan, manusia dan makhluk yang tidak kasatmata.

Namun, menurut Sihab (2002) penjelasan tersebut tidak sejalan dengan makna kebahasaan, maksud sekian banyak al-Qur’an serta kenyataan ilmiah yang ditemukan saat ini. Jika dilihat dari segi bahasa, kata {أزواج} *azwaj* merupakan bentuk jamak dari {زوج} *zauj* yang berarti *pasangan*. Menurut pakar bahasa al-Qur’an, ar-Raghib al-Ashfahani kata tersebut, diperuntukkan bagi masing-masing dari dua hal yang berdampingan, seperti jantan dan betina, binatang (termasuk binatang berakal yaitu manusia) dan juga digunakan menunjukkan kedua yang berpasangan itu. Dia juga menunjuk hal yang sama untuk selain binatang misalnya alas kaki. Kemudian, ar-Raghib menegaskan bahwa berpasangan tersebut bisa disebabkan adanya kesamaan atau bertolak belakang. Hal itu adalah pendapat dari segi bahasanya. Ayat-ayat al-Qur’an pun menggunakan kata tersebut dalam pengertian umum, bukan hanya untuk makhluk hidup, seperti firman Allah berikut:

وَمِنْ كُلِّ شَيْءٍ خَلَقْنَا زَوْجَيْنِ لَعَلَّكُمْ تَذَكَّرُونَ ﴿٥١﴾

“Dan segala sesuatu kami ciptakan berpasang-pasangan supaya kamu mengingat (kebesaran Allah)” (Q.S adz-Dzariyat [51]: 49). Berdasarkan ayat tersebut yang dikatakan *berpasang-pasangan*, misalnya ada siang – ada malam, ada senang – ada susah, ada atas – ada bawah dan lain sebagainya. Apapun yang ada di semesta ini

selama dia makhluk maka ada pasangannya. Hanya Sang *Khalik*, Allah swt yang tidak ada pasangan-Nya dan tidak ada pula yang menyamai-Nya. Jika dilihat dari segi ilmiah terbukti bahwa listrik pun berpasangan, ada arus positif dan arus negatif, demikian juga atom yang diketahui sebagai wujud benda terkecil dan tidak dapat terbagi lagi, ternyata atom juga berpasangan yaitu terdiri dari elektron dan proton.

Jika ditelaah lebih lanjut ayat tersebut, maka akan didapatkan bahwa semua makhluk yang ada di bumi ini diciptakan berpasang-pasangan, tidak terkecuali makhluk yang tidak kasatmata. Arti kasatmata (KBBI) adalah dapat dilihat; nyata; konkret, sehingga yang dinamakan makhluk tidak kasatmata adalah makhluk yang tidak dapat dilihat, seperti halnya DNA. DNA adalah bagian dari diri makhluk hidup yang tidak dapat dilihat dengan mata secara langsung. DNA terbentuk dari urutan basa nitrogen yang berpasangan, terdiri dari basa purin (A-G) dan pirimidin (T-S). Sehingga, urutan DNA nanti akan membentuk gen yang didalamnya mengandung materi genetik dan diwariskan pada keturunannya. Gen dalam setiap makhluk hidup mampu dijadikan studi untuk mengetahui kekerabatan dan variasi genetik intraspecies maupun inter-species.

Proses berfikir yang mendalam terhadap segala macam bentuk ciptaan Allah sudah Allah perintahkan dalam firman-Nya Q.S Ali- Imran ayat 190-191. Karena dengan manusia memikirkan segala macam ciptaan secara mendalam, maka akan bertambah pengetahuannya. Pengetahuan yang luas akan membuat manusia lebih bijak dalam menghadapi segala ketentuannya, sehingga membuatnya jauh dari berprasangka buruk kepada Allah, berikut firman-Nya:

إِنَّ فِي خَلْقِ السَّمَوَاتِ وَالْأَرْضِ وَاخْتِلَافِ اللَّيْلِ وَالنَّهَارِ لَآيَاتٍ لِّأُولِي الْأَلْبَابِ ﴿١٩٠﴾

Artinya: “*Sesungguhnya dalam penciptaan langit dan bumi, dan silih bergantinya malam dan siang terdapat tanda-tanda bagi orang-orang yang berakal*” (Ali- Imran [3]: 190)

{ إِنَّ فِي خَلْقِ السَّمَوَاتِ وَالْأَرْضِ } “*Sesungguhnya dalam penciptaan langit dan bumi.*”

Maksud ayat tersebut yaitu pada ketinggian, keluasan langit dan kerendahan bumi serta kepadatannya. Tanda-tanda kekuasaan-Nya yang terdapat pada ciptaan-Nya yang dapat dijangkau oleh panca indera manusia pada keduanya (langit dan bumi), seperti bintang-bintang, komet, daratan, lautan, pegunungan, pepohonan, tumbuh-

tumbuhan, tanaman, buah-buahan, binatang, barang tambang, berbagai macam warna, aneka ragam makanan dan bebauan. {وَاخْتَلَفَ اللَّيْلُ وَالنَّهَارُ} “*Dan silih bergantinya siang dan malam*”, maksudnya yaitu silih bergantinya, susul menyusul, panjang dan pendeknya. Terkadang ada malam yang lebih panjang daripada siang dan sebaliknya. Semuanya itu adalah bukti ketetapan Allah yang Maha perkasa lagi Maha mengetahui. Oleh karena itu, Allah berfirman {لآيَاتٍ لِّأُولِي الْأَلْبَابِ} “*terdapat tanda-tanda kekuasaan Allah bagi orang-orang yang berakal (Ulul Albab)*”, yaitu orang-orang yang sempurna akalanya juga bersih, sehingga mampu mengetahui hakikat banyak hal secara jelas dan nyata.

Ibrah yang dapat diambil dari Q.S Ali-Imran [3]: 190 yaitu sesungguhnya Allah tidak mungkin menciptakan suatu hal yang sia-sia atau bathil pasti ada manfaatnya. Hanya saja ada beberapa hal yang belum diketahui fungsinya oleh manusia. Sebagai orang yang beriman adalah suatu kewajiban untuk mentafakuri segala macam penciptaan Allah agar bertambah pengetahuannya, bertambah rasa syukurnya dan semakin dekat dengan sang Pencipta sehingga layak disebut khalifah di bumi.

4.3 Perbandingan Karakterisasi 14 Kultivar Pisang berdasarkan Marka Morfologi dan Marka Molekuler ISSR (*Inter-Simple Sequence Repeat*)

Nilai koefisien similaritas 14 kultivar Pisang berdasarkan marka morfologi berkisar antara 0,67–0,94 (Tabel 4.1), sedangkan nilai koefisien similaritas 14 kultivar Pisang berdasarkan marka molekuler berkisar antara 0,16 – 0,90 (Tabel 4.2). Nilai koefisien similaritas tertinggi berdasarkan marka morfologi yaitu sebesar 0,94 dapat ditemukan pada sampel I11 (Pisang Ebung; ABB) dan I12 (Pisang Raja Bandung; ABB) dengan 26 karakter yang sama. Sementara itu, nilai similaritas tertinggi berdasarkan marka molekuler yaitu sebesar 0,90 dapat ditemukan pada sampel I13 (Pisang Kluthuk Ijo; BB) dan I14 (Pisang Kluthuk Wulung; BB) (Tabel 4.2). Menurut Trimanto (2012) indeks similaritas dikatakan rendah apabila memiliki nilai <0,60 dan jika mendekati nilai 1 maka similaritas-nya tinggi. Sehingga dapat dikatakan bahwa nilai indeks similaritas yang mendekati 0 memiliki kekerabatan yang jauh dan nilai indeks similaritas yang mendekati 1 maka memiliki kekerabatan yang dekat. Hal tersebut menandakan bahwa secara morfologi Pisang Ebung dan Pisang Raja Bandung memiliki kemiripan yang tinggi dari segi

morfologi, tetapi tidak pada genetiknya, sedangkan untuk Pisang Kluthuk Ijo dan Pisang Kluthuk Wulung memiliki kemiripan yang tinggi pada genetik dan morfologinya.

Nilai koefisien similaritas terendah berdasarkan marka morfologi yaitu sebesar 0.67 dapat ditemukan pada sampel I1 (Pisang Rejang; AA) dan I13 (Pisang Kluthuk Ijo; BB) dengan 10 karakter yang sama (Tabel 4.1), sedangkan nilai koefisien terendah berdasarkan marka molekuler yaitu sebesar 0.16 dapat ditemukan pada sampel I5 (Pisang Ambon Hong; AAA) dan I14 (Pisang Kluthuk Wulung; BB) (Tabel 4.2). 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 (donor dari *Musa acuminata*) dan B (donor dari *Musa balbisiana*) jauh berbeda jika dilihat dari segi morfologi dan amplikon yang terbentuk. Hal itu sesuai dengan pernyataan Simmonds dan Sepherd (1955) bahwa grup genom AA 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 BB memiliki ciri 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 ISSR. Kedua marka yang digunakan menghasilkan pola pengelompokan yang berbeda. Pada dendogram berdasarkan marka morfologi, kultivar Pisang dianggap satu kelompok yang sama jika nilai similaritasnya $> 0,85$ (Gambar 4.6), sementara pada dendogram berdasarkan marka molekuler ISSR kultivar Pisang dapat dikatakan dalam kelompok yang sama jika nilai similaritasnya $\geq 0,5$ (Gambar 4.9).

Kemampuan kedua marka untuk mengelompokkan 14 kultivar Pisang yaitu 85,7% untuk marka morfologi dan 78,6% untuk marka molekuler. Pada marka molekuler terdapat 2 kultivar Pisang yang tidak berkelompok sesuai genomnya yaitu Pisang Berlin (AA) dan Pisang Raja Seribu (AAB), sedangkan pada marka molekuler terdapat 3 kultivar Pisang yang tidak berkelompok sesuai dengan

genomnya yaitu Pisang Berlin (AA), Pisang Morosebo (AAA), dan Pisang Brentel Warangan (AAB). Pisang Berlin (AA) berkelompok dengan Pisang yang bergenom AAA, dikarenakan secara morfologi Pisang Berlin memiliki 21 karakter yang sama dengan Pisang Ambon Hong bergenom AAA dan hanya memiliki 15 karakter yang sama dengan Pisang bergenom AA. Hal tersebut didukung dengan hasil pengelompokan berdasarkan marka molekuler yang menyatakan bahwa secara molekuler Pisang Berlin (AA) juga berkelompok dengan Pisang bergenom AAA, sehingga dapat disimpulkan bahwa Pisang Berlin bukan Pisang bergenom AA melainkan Pisang bergenom AAA.

Pisang Raja Seribu bergenom AAB pada analisis berdasarkan marka molekuler Pisang Raja Seribu berkelompok dengan Pisang yang memiliki genom yang sama, namun berdasarkan analisis berdasarkan marka morfologi Pisang Raja Seribu membentuk kelompok sendiri. Hal tersebut karena adanya karakter yang menonjol yang membuatnya keluar dari kelompok Pisang dengan genom yang sama yaitu berbedanya warna bintik, lebar helai daunnya, panjang tangkai (dari batang-helai daun), warna permukaan bawah daun, kenampakan permukaan bawah daun, dan urat daunnya

Pisang Brentel Warangan (AAB) dan Pisang Morosebo (AAA) pada analisis berdasarkan marka morfologi berkelompok sesuai dengan genomnya, tetapi berdasarkan analisis dengan marka molekuler Pisang Brentel Warangan berkelompok dengan kultivar Pisang ABB dan Pisang Morosebo berkelompok dengan Pisang bergenom AAB. Hal tersebut karena terjadi perubahan pada susunan DNA kultivar Pisang yang disebabkan adanya mutasi, proses persilangan alami dalam satu jenis maupun antar jenis, dan juga persilangan balik dengan induknya. Hal tersebut sesuai dengan pernyataan INIBAP (2002) bahwa adanya variasi genom tersebut dapat terjadi melalui berbagai hal diantaranya mutasi. Simmonds dan Shepherd (1995) menambahkan bahwa faktor yang mempengaruhi adanya perubahan susunan DNA dapat disebabkan adanya persilangan alami dalam satu jenis, antar jenis ataupun persilangan balik dengan induknya.

BAB V

PENUTUP

5.1 Kesimpulan

Kesimpulan yang dapat diambil dari penelitian ini yaitu:

1. Berdasarkan karakter morfologi, 14 kultivar Pisang terbagi menjadi 5 cluster sesuai dengan genomnya.
2. Berdasarkan marka molekuler ISSR, 14 kultivar Pisang menjadi 5 cluster sesuai dengan genomnya.
3. Karakter morfologi dan marka molekuler ISSR mampu mengelompokkan 14 kultivar pisang menjadi 5 cluster sesuai dengan genomnya.

5.2 Saran

Sebaiknya peneliti selanjutnya menggunakan primer I-835 untuk penelitian mengenai kultivar Pisang, karena dalam penelitian ini primer tersebut merupakan primer yang paling efektif dan informatif untuk mengamplifikasi pita DNA 14 kultivar Pisang.

DAFTAR PUSTAKA

- Agisimanto, D., C. Martasari, dan A. Supriyanto. 2007. Perbedaan Primer RAPD dan ISSR dalam Identifikasi Hubungan Kekerabatan Genetik Jeruk Siam (*Citrus suhuniensis* L. Tan) Indonesia. *J. Hort.* 17(2).
- Ambarita, Monica Dame Yanti, Eva Sartini Bayu dan Hot Setiado. 2015. Identifikasi Karakter Morfologid Pisang (*Musa* spp.) di Kabupaten Kediri. *Jurnal Agroekoteknologi.* 4(1).
- Argent, G.C.G. 1979. The wild bananas of Papua New Guinea, *Notes Roy. Bot. Gard. Edin.* 35(1).
- Arrighi, Jean-François, Fabienne Cartieaux, Clémence Chaintreuil, Spencer Brown, Marc Boursot, dan Eric Giraud. 2013. Genotype Delimitation in the Nod-Independent Model Legume *Aeschynomene evenia*. *Plos ONE.* 8(5).
- Avila-Flores IJ, Hernández-Díaz JC, González-Elizondo MS, Prieto-Ruíz JÁ, Wehenkel C. 2016. Degree of Hybridization in Seed Stands of *Pinus engelmannii* Carr. In the Sierra Madre Occidental, Durango, Mexico. *PLoS ONE.* 11(4).
- Backer, C. A. dan R. C. Bahuizen Van Den Brink. 1968. *Flora of Java (Spermatophytes Only)*. The Netherland: Wolters, Noordhoff N.V., Groningen.
- Badan Pusat Statistik. 2018. *Produksi Tanaman Pisang Seluruh Provinsi*. Diakses dari [www. bps. go. id](http://www.bps.go.id) pada tanggal 15 Januari 2019.
- Blair MW, McCouch SR, Panaud O. 1999. Inter simple sequence repeat (ISSR) amplification for analysis of microsatellite motif frequency and fingerprinting in rice (*Oryza sativa* L.). *Theoretical Appli Gen.* 98:780–792.
- Busaidi. 2013. Banana Domestication on the Arabian Peninsula : review of their domestication history. Directorate General of Agriculture and Livestock Research. *J. Academic.* 5(11).
- Butler, John M. 2010. *Fundamental of Forensic DNA Typing*. USA: Academic Press.
- Cahyarini RD., Yunus A, & Purwanto E. 2004. Identifikasi Keragaman Genetik Beberapa Varietas Lokal Kedelai di Jawa Berdasarkan Analisis Isozim. *Journa Agrosains.* 6 : 79-83
- Cheesman, E.E. 1947. Classification of the banana II: The genus *Musa* L. *Kew Bull.* 2: 106-117.

- Costa, Rita, Graca Pereira, Immaculada Garrido, Manuel Maria Tavares-de-Sousa dan Francisco Espinosa. 2016. Comparison of RAPD, ISSR and AFLP Molecular Markers to Reveal and Classify Orchardgrass (*Dactylis glomerata* L.). *Plos ONE*. 11(4).
- Crouch JH, Crouch HK, Constand H, Van Gysel A, Breyne P, Montagu MV, Jarret RL dan Ortiz R. 1999. Comparison of PCR-based molecular marker analyses of *Musa* breeding populations. *Molecular Breeding* (5): 233-244.
- Dasuki, U. A. 1991. *Sistematik Tumbuhan Tinggi*. Bandung: Pusat Antar Universitas Bidang Ilmu Hayati ITB.
- De Jesus, 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* accesions in ex-situ conservation. *BMC Plant Biol*. 13:41.
- De Langhe, E., L. Vrydaghs, P. de Maret, X. Perrier & T. Denham. 2009. Why bananas matter: An introduction to the history of banana domestication. *Ethnobotany Research & Application* 7:165-177.
- 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.
- Fang, D. Q., M. L. Roose, R. R. Krueger, and C. T. Federici. 1997. Fingerprinting Trifoliate Orange Germplasm Accessions With Isozymes, RFLP, and Inter-Simple Sequence Repeat Markers. *Theoretical Applied Genetics*. 95:211-219
- FAOSTAT. 2017. *FAO Statistical Pocketbook World Food and Agriculture*. Food and Agriculture Organization of The United Nations: FAO
- Frison EA, Escalant JV, Sharrock S. 2004. The global *Musa* genomic consortium: A boost for banana improvement. In: Jain SM, Swennen R (eds) *Banana improvement: Cellular, molecular biology, and induced mutations*. *Science Publishers*, Enfield, pp 341–349.
- Givnish, Thomas J, Gregory J. Bean, Mercedes Ames, Stephanie P. Lyon dan Kennet J. Sytsma. 2013. Phylogeny, Floral Evolution, and Inter-Island Dispersal in Hawaiian *Clermontia* (Campanulaceae) Based on ISSR Variation and Plastid Spacer Sequences. *Plos ONE*. 8(5).
- Graner A, Bauer E, Kellermann A, Kirchner S, Muraya JK, Jahoor A, Wenzel G. 1994. Progress of RFLP-map construction in winter barley. *Barley Genet Newslett*. 23: 53-59

- 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.*
- Hammer, Ø., Harper, D.A.T., and P. D. Ryan, 2001. *PAST: Paleontological Statistics Software Package for Education and Data Analysis*. *Palaeontologia Electronica* 4(1): 9
- Han Y, Liu Y, Wang H, Liu X. 2017. The Evolution of *Vicia ramuliflora* (Fabaceae) at Tetraploid and Diploid Levels Revealed with FISH and RAPD. *PLoS ONE*. 12(1).
- Hapsari, L. 2014. Wild *Musa* species collection of Purwodadi Botanical Garden: Inventory and its morpho-taxonomic review. *J. Trolis*. 4 (1): 70-81.
- Hapsari, Lia, Dewi Ayu Lestari dan Ahmad Masrum. 2016. *Album Koleksi Pisang Kebun Raya Purwodadi Seri 1: 2010-2015*. Pasuruan: Unit Pelaksana Teknis Balai Konservasi Tumbuhan Kebun Raya Purwodadi. ISBN: 978-979-99171-9-5
- Heath DD, Iwana GK, Delvin RH. 1993. PCR primed with VNTR core sequences yields species specific patterns and hypervariable probes. *Nucleic Acids Res* 21:5782-5785
- Huang, J.C. dan M. Sun. 2000. Genetic Diversity and Relationship of Sweetpotato and Its Wild Relatives in *Ipomoea* series Batatas (Convolvulaceae) as revealed by Inter-Simple Sequence Repeat (ISSR) and Restriction Analysis of Chloroplast DNA. *Theor Appl Genet*. 100:1050-1060
- INIBAP. 2002. *A Strategy for the global Musa genomics consortium. international network for the improvement of banana and plaintain*. Report of a meeting held in Arlington, USA. 17-20 Jul 2001. IPGRI. Maccarese.
- IPGRI (International Plant Genetic Resources Institute). 1996. *Descriptors for banana (Musa spp)*. Perancis: International Plant Genetic, Resources Institute Rome Monllier.
- Jaccard P., Étude comparative de la distribution florale dans une portion des Alpes et des Jura. 1901. *Bulletin del la Société Vaudoise des Sciences Naturelles* 37: 547-579.
- Jazairi, Syaikh Abu Bakar Jabir. 2007. *Tafsir al-Qur'an Al-Aisar Jilid 4*, Alih Bahasa: Suratman dan Fityan Amali. Jakarta: Darus Sunnah Press.
- Jumari & A. Pudjoarianto. 2000. Kekerabatan Fenetik Kultivar Pisang Di Jawa. *Biologi* 2 (9): 531-542.

Kaemmer D, Fischer D, Jarret RL, Baurens FC, Grapin A, Dambier D, Noyer JL, Lanaud C, Kahl G, dan Lagoda P. 1997. Molecular Breeding in The Genus *Musa*: a Strong Case for STMS marker technology. *Euphytica* (96):49-63

KBBI. <http://kbbi.web.id/kasatmata.html>. Diakses 23 Juli 2019.

Kheyrodin H, Ghazvinian K. 2011. DNA purification and isolation of genomic DNA from bacterial species by plasmid purification system. *Afr J Agricul Res.* 7: 433-442.

Konar S, Karmakar J, Ray A, Adhikari S, Bandyopadhyay TK. 2018. Regeneration of plantlets through somatic embryogenesis from root derived calli of *Hibiscus sabdariffa* L. (Roselle) and assessment of genetic stability by flow cytometry and ISSR analysis. *PLoS ONE.* 13(8).

Kundu *et al.* 2011. A simple ethanol wash of the tissue homogenates recovers high-quality genomic DNA from *Corchorus* species characterized by highly acidic and proteinaceous mucilages. *Electron J Biotechnol.* 14: 1-7.

Lamare, Animos dan Satyawada Rama. 2015. Eficiency of RAPD, ISSR and DAMD Marker in Assessment of Genetic Variability dan Population Structure of Wild *Musa acuminata* Colla. *Physiol Mol Biol Plants.* 21(3):349-358

Langga, Indah Fajarwati, Muh. Restu dan Tutik Kuswinanti. 2012. Optimalisasi Suhu dan Lama Inkubasi dalam Ekstraksi DNA Tanaman Bitti (*Vitex cofassus* Reinw.) serta Analisis Keragaman Genetik dengan Teknik RAPD-PCR. *J. Sains & Teknologi.* 12(3)

Laurentin, H., P. Karlovsky. 2007. AFLP fingerprinting of sesame (*Sesamum indicum* L.) cultivars: identification, genetic relationship and comparison of AFLP informativeness parameters. *Genet. Resour. Crop Ev.* 54: 1437–1446.

Li, L.F., H.Y. Wang, C. Zhang, X.F. Wang, F.X. Shi, W.N. Chen dan X.J. Ge. 2013. Origin and domestication of cultivated banana inferred from chloroplast and nuclear genes. *Plos ONE.* 8 (11).

Li, L.F., M. Häkkinen, Y.M. Yuan, G. Hao dan X.J. Ge. 2010. Molecular phylogeny and systematic of banana family (Musaceae) inferred from nuclear and chloroplast DNA fragments, with a special reference to th genus *Musa*. *Mol. Phylo. Evol.* Vol. 57: 1-10.

Megia, R. 2005. *Musa* sebagai Model Genom. *J. Hayati.* 12(4):167-170

Melchinger AE, Graner A, Singh M, Messmer MM. 1994. Relationships among winter and spring cultivars revealed by RFLPs. *Crop Sci.* 34:1191-1199.

Meyer W, Mitchell TG, Freedman EZ, Vilgays R. 1993. Hybridization probes for conventional DNA fingerprinting used as single primers in the polymerase

chain reaction to distinguish strains of *Cryptococcus neoformans*. *J Clin Microbiol* 31:2274–2280

Moulin, M.M., R. Rodrigues, L.S.A Goncalves, C.P. Sudre CP, M.G. Pereira. 2012. A comparison of RAPD and ISSR marker reveal genetic diversity among sweet potato landraces (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.). *Acta. Sci. Agron.* 34:139-147

Mucciarelli, Marco, Diana Ferrazzini dan Piero Belletti. 2014. Genetic Variability and Population Divergence in the Rare *Fritillaria tubiformis* subsp. *moggridgei* Rix (Liliaceae) as Revealed by RAPD Analysis. *Plos ONE.* 9 (7).

Nagaraju J., Damodar Reddy K., Nagaraja G.M., Sethuraman B.N. Comparison of multilocus RFLPs and PCR-based marker systems for genetic analysis of the silkworm, *Bombyxmori*. *Heredity*, 2001, 86: 588-597

Nasution, R.E. 1991. A taxonomic study of the species *Musa acuminata* Colla with ITS intraspecific taxa in Indonesia. *Memoirs of Tokyo University of Agriculture.* 32: 1-122.

Nedha, Sri Lestari Purnamaningsih dan Damanhuri. 2017. Observasi dan Karakterisasi Morfologi Tanaman Pisang (*Musa* spp.) di Kecamatan Ngancar Kabupaten Kediri. *Jurnal Produksi Tanaman.* 5(5)

Nisa, C, Badruz S., dan Ervina W. 2010. Penentuan Genom Fenetik Kultivar Pisang yang Tumbuh di Kalimantan Selatan. *J. Ziraa'ah.* 29 (3): 188-192

Perrier X, Langhe ED, Donohue M, Lentfer C, Vrydaghs L, Bakry F, Carreel F, Hippolyte I, Horry J-P, Jenny C, lebot V, Risterucci A-M, Tomekpe K, Doutrelepont H, Ball T, Manwaring J, Maret Pd, Denham T. 2011. Multidisciplinary perspectives on banana (*Musa* spp.) domestication. *PNAS* 108(28):113-118.

Poerba, Yuyu Suryasari, dan Fajarudin Ahmad. 2010. Genetic variability among 18 cultivars of cooking bananas and Plantains by RAPD and ISSR markers. *Biodiversitas.* 11(3)

Poerba, Yuyu Suryasari, Maria Imelda dan Diyah Martanti. 2012. Analisa Kestabilan Genetik Pisang Kepok 'Unti Sayang' Hasil Mikropropagasi dengan Marka RAPD dan ISSR. *Berita Biologi.* 1(2)

Powell W., Morgante M., Andre C., Hanafey M., Vogel J., Tingey S., Rafalski A. The utility of RFLP, RAPD, AFLP and SSR (microsatellite) markers for germplasm analysis. *Mol. Breed.*, 1996, 2: 225-238

Prevost, A., M.J. Wilkinson. 1999. A new system of comparing PCR primers applied to ISSR fingerprinting of potato cultivars. *Theor. Appl. Genet.* Vol. 98: 107–112

- Rao dan Hodgkin. 2002. Genetic diversity and conservation and utilization of plant genetic Resources. *Plant Cell, Tissue and Organ Culture* 68: 1–19.
- Riupassa, P.A., Chikmawati, T., Miftahuding, Suharsono. 2015. The Molecular diversity-based ISSR of *Durio tanjungpurensis* originating from West Kalimantan Indonesia. *Makara J. Sci.* 19:27-33
- Roldan-Ruiz, I., J. Dendauw, E. VanBockstaele, A. Depicker, M. De Loose. 2000. AFLP markers reveal high polymorphic rates in ryegrasses (*Lolium spp.*), *Mol. Breed.* Vol. 6: 125–134.
- Rubatzky, Vincent E. dan Mas Yamaguchi. 1998. *Sayuran Dunia: Prinsip, Produksi dan Gizi*. Bandung : Penerbit Institut Teknologi Bandung.
- Sagot, P. 1887. Sur le genre bananier. *Bulletin Social Bot. France.* 34: 328-330.
- Sambrook J, Russell DW. 1989. *Molecular Cloning: A Laboratory Manual* 3rd edition. New York: Laboratory Pr.
- Sari, S dan Badruz S. 2013. Hubungan Kekerbatan Fenetik Beberapa Varietas Pisang Lokal Kalimantan Selatan. *J. Penelitian Sains.* 16 (1):33-36
- Satuhu, S., dan A. Supriyadi. 1999. *Budidaya Pisang, Pengolahan dan Prospek Pasar*. Jakarta : Penebar Swadaya.
- Scarano, M.T., L. Abbate, S. Ferrante, S. Lucreti, dan N. Tusa. 2002. ISSR-PCR Technique; A Useful Method for Characterizing New Allotetraploid Somatic Hybrids of Mandarin. *Plant Cell Report.* 20:1162-1166
- Semagn, K, A Bjornstad dan M.N. Ndiijondjop. 2006. An overview of molecular marker methods for plants. *African Journal of Biotechnology.* 5(25)
- Shihab, M.Q. 2002. *Tafsir Al-Misbah Pesan Kesan dan Keserasian Al-Qur'an Volume 13*. Jakarta : Lentera Hati
- Siddiqah, M. 2002. Biodiversitas dan Hubungan Kekerbatan Berdasarkan Karakter Morfologi Berbagai Plasma Nutfah Pisang. *Skripsi*. Bogor: Institut Pertanian Bogor.
- Siemonsma, J. S., dan Piluek K. 1994. *Plant Resources of South-East Asia No. 8: Vegetables*. Bogor : Prosea Fondation.
- Simmonds NW, Shepherd K. 1955. The taxonomy and origins of cultivated bananas. *Bot Linnean Society. Botanical J.* 55:302–312
- Simmonds NW. 1962. *Evolution of the bananas*. Longmans: London.
- Simmonds, N.W. 1959. *Bananas*. New York: Longman Inc.

- Simpson, Michael G. 1953. *Plant Systematic*. Elsevier: Elsevier Academic Express
- Singh, Niraj, Rajesh Bajpai, K.S. Mahar. Vandana Tiwari, D.K. Upreti dan T.S Rana. 2014. ISSR and DAMD markers revealed high genetic variability within *Flavoparmelia caperata* in Western Himalaya (India). *Physiol Mol Biol Plants*. 20(4):501-508
- Slatkin, M. 1987. Gene Flow and the Geographic Structure of Population. *Science Journals* 236: 787-792
- Son, J.H., K.C. Park, S. Lee, J.H. Kim, M.S. Kim. 2012. Species relationship among *Allium* species by ISSR analysis. *Hort. Environ. Biotechnol*. 53:256-262.
- Souframani, J. dan T. 2004. A Comparative Analysis of Genetic Diversity in Blacgram Genotype Using RAPD and ISSR Marker. *Theor Appl Genet*. 109: 1687-1693
- Sulassih. 2011. Analisis hubungan kekerabatan manggis (*Garcinia mangostana* L.) menggunakan penanda morfologi dan molekuler (ISSR) terhadap kerabat dekatnya. *Tesis*. Sekolah Pascasarjana. Institut Pertanian Bogor.
- Sumardi, I dan M. Wulandari. 2010. *Anatomy and Morfology Character of Five Indonesian Banana Cultivar (Musa spp.) of Different Ploidy Level*. Fakultas Biologi UGM. Yogyakarta.
- Swain, S, S. Das, P.S. Munsit, P.C. Lenka, G.R. Rout dan D. Swain. 2016. Molecular Diversity Study on Dessert Banana Genotypes (*Musa* spp.) from Odisha using ISSR markers. *International Journal of Agriculture, Enviromental and Biotechnology*. 9 (4)
- Syaikh, DR. ‘Abdullah bin Muhammad bin ‘Abdurrahman bin Ishaq Alu.1994. *Tafsir Ibnu Katsir*. Jilid 8. Terjemahan M. Abdul Ghoffar E.M dan Abu Ihsan al-Atsari. 2005. Bogor: Pustaka Imam asy-Syafi’i.
- Trimanto. 2012. Karakterisasi dan Jarak kemiripan Uwi (*Dioscorea alata* L.) Berdasarkan Penanda Morfologi Umbi. *Buletin Kebun Raya*. 15(1) : 46-55
- Valmayor, R.V., Jamaluddin SH, Silayoni B, Kusumo S, Danh LD, Pascua OC dan Espino RRC. 2000. *Banana Cultivar names and synonyms in south asia*. Los Banos: INIBAP
- Varshney, R.K., K. Chabane, P.S. Hendre, R.K. Aggarwal, A. Graner. 2007. Comparative assessment of EST-SSR, EST-SNP and AFLP markers for evaluation of genetic diversity and conservation of genetic resources using wild, cultivated and elite barleys. *Plant Sci*. Vol. 173. Page: 638–649.

- Vitales, Daniel, Alfredo Garcí'a-Fernaández, Jaume Pellicer, Joan Valle, Arnaldo Santos-Guerra, Robyn S. Cowan, Michael F. Fay, Oriane Hidalgo, Teresa Garnatje. 2014. Key Processes for Cheirolophus (Asteraceae) Diversification on Oceanic Islands Inferred from AFLP Data. *Plos ONE*. 9(11).
- Wang, Xumei, Rui Yang, Shifang Feng, Xiaoqi Hou, Yuqu Zhang, dan Yan Li dan Yi Ren. 2012. Genetic variation in *Rheum palmatum* and *Rheum tanguticum* (Polygonaceae), Two Medicinally and Endemic Species in China using ISSR Markers. *Plos ONE*. 7(12)
- Wijayanto T, Dirvamena B & Ente L. 2013. Hubungan kekerabatan aksesori Pisang Kepok (*Musa paradisiaca* Formatypica) di Kabupaten Muna berdasarkan karakter morfologi dan penanda RAPD. *J. Agroteknos* (3) 3: 163–166.
- Williams JGK, Kubelik AR, Livak KJ, Rafalski JA, Tingey SV]. 1990. DNA polymorphism amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. *Nucleic Acids Res* 18:6531–6535
- Wolff, K., E. Zietkiewicz, H. Hofstra. 1995. Identification of Chrysanthemum Cultivars and Stability of DNA Fingerprint Patterns. *Theoretical Applied Genetics*. 91: 439-447
- Wu Z-h, Shi J, Xi M-l, Jiang F-x, Deng M-w, Dayanandan S. 2015. Inter-Simple Sequence Repeat Data Reveals High Genetic Diversity in Wild Populations of the Narrowly Distributed Endemic *Lilium regale* in the Minjiang River Valley of China. *PLoS ONE*. 10(3).
- Yunanto T. 2006. Implikasi Genetik Sistem Silvikultur Tebang Pilih Tanam Jalur (TPTJ) pada Jenis *Shorea johorensis* berdasarkan Metode RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*). *Skripsi*. Bogor: Departemen Silvikultur, Fakultas Kehutanan, Institut Pertanian Bogor.
- Zietkiewicz E, Rafalski A, Labuda D. 1994. Genome fingerprinting by simple sequence repeat (SSR)—anchored polymerase chain reaction amplification. *Genomics* 20(2):176–183



LAMPIRAN

LAMPIRAN 1

LT 1 Rincian Dan Jadwal Pelaksanaan Penelitian



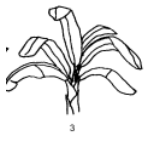



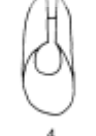

No.	WAKTU (BULAN)	KEGIATAN
-----	---------------	----------




1.	Desember-Maret	Penyusunan naskah proposal skripsi
2.	April	Seminar proposal skripsi
3.	April	Identifikasi morfologi sekaligus pengambilan sampel penelitian di Kebun Plasma Nutfah Dinas Pertanian dan Pangan, Kota Yogyakarta,
4.	April-Mei	Pelaksanaan Penelitian di Laboratorium Genetika dan Molekuler di Jurusan Biologi, Fakultas Sains dan Teknologi, Universitas Islam Negeri Maulana Malik Ibrahim, Malang.
5.	Mei	Pengolahan data
6.	Juni	Seminar hasil skripsi

LAMPIRAN 2

LT 2. Dekriptor untuk 14 Kultivar Pisang

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 / pigmentasi	Pink	Pink keunguan	Merah	Merah keunguan	Ungu
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 ¾ tinggi induk	Antara ¼ - ¾ 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 permukaan bawah)	Sangat sedikit	Sedikit berlipin	Cukup berlipin	Sangat berlipin	
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

Tabel. 3. Hasil skoring karakter morfologi berdasarkan buku descriptor IPGRI (1996)

Kode karakter	Nama Kultivar Pisang													
	Rejang	Mas	Berlin	Kojo Santen	Ambon Hong	Morosebo	Raja Seribu	Triolin	Brentel Warangan	Saba Awu	Ebung	Raja Bandung	Kluthuk Wulung	Kluthuk Ijo
1	2	2	2	3	2	2	1	1	1	2	2	2	1	1
2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
3	1	1	1	1	2	1	1	1	1	2	2	2	3	3
4	1	1	1	2	2	2	1	2	2	2	2	2	3	3
5	3	3	2	1	1	1	2	3	2	1	1	1	4	2
6	1	1	2	2	2	2	2	1	2	2	2	2	1	1
7	2	2	1	3	2	2	2	3	2	2	2	2	4	1
8	1	1	1	1	1	1	4	4	4	2	2	2	3	1
9	1	1	2	1	1	1	2	2	2	2	1	2	2	2
10	1	1	1	1	1	1	1	2	1	2	3	2	3	3
11	2	1	2	3	2	2	2	2	2	2	2	2	1	2
12	2	3	2	2	2	2	3	2	3	2	2	3	3	2
13	2	2	2	1	2	2	3	3	2	2	1	1	2	2
14	1	1	1	2	2	3	3	3	2	2	2	1	4	4
15	2	2	3	1	1	2	2	3	3	5	4	4	5	5
16	2	2	1	2	2	1	2	3	2	2	2	2	4	4
17	1	1	2	2	2	2	2	2	1	2	2	2	2	2
18	2	2	2	1	2	2	1	2	1	1	1	1	3	1
19	2	2	2	2	2	1	1	2	1	1	1	1	2	2
20	1	1	1	1	1	2	2	1	1	2	1	2	1	1
21	1	1	1	1	2	1	1	3	2	1	1	1	3	3
22	1	1	1	1	2	2	1	2	1	2	1	1	2	2
23	1	1	1	2	2	1	1	2	2	2	2	2	2	2
24	2	3	2	3	2	3	1	3	3	3	2	3	4	4
25	1	2	2	1	2	2	2	2	1	1	2	2	2	1
26	1	1	2	2	2	2	2	2	3	2	3	3	2	3
27	2	1	1	1	1	1	2	1	1	1	1	1	1	1
28	1	2	2	1	2	2	1	3	3	3	3	4	4	3
29	1	1	1	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1
30	3	3	2	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1
31	1	2	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
32	1	3	1	1	1	1	2	1	1	2	1	4	4	1
33	1	2	2	1	2	2	2	2	2	2	1	1	1	2

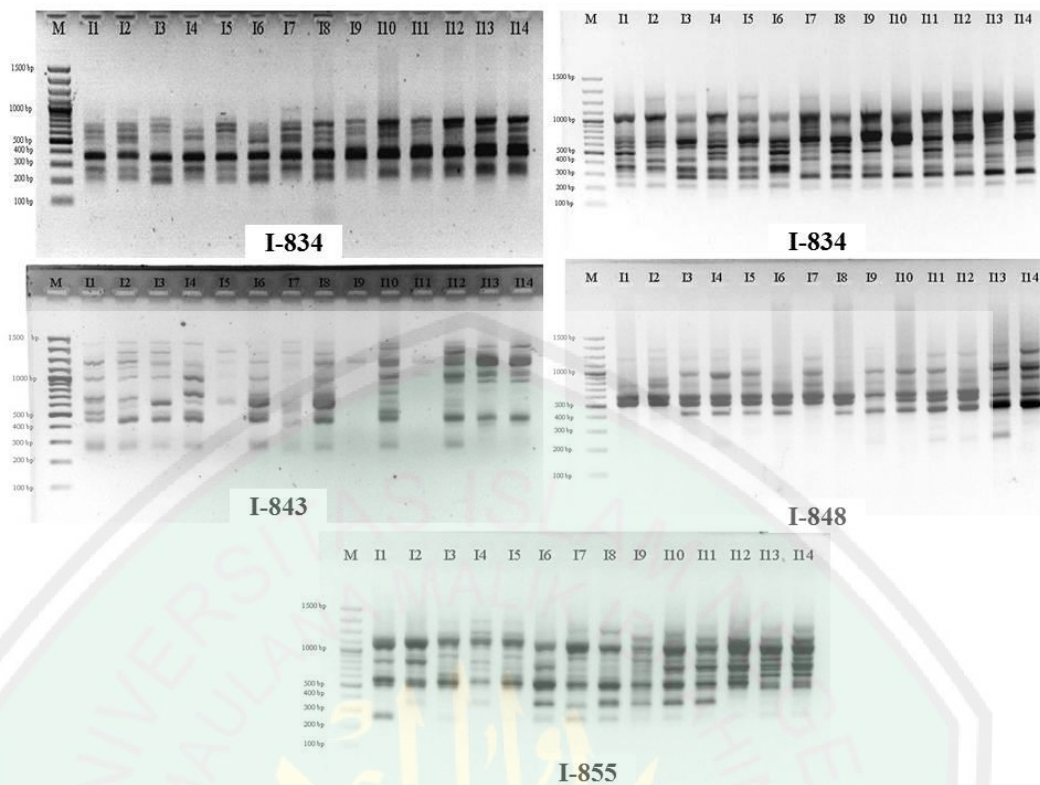
LAMPIRAN 4

LT. 5. Uji kuantitatif hasil isolasi DNA 14 kultivar Pisang menggunakan AE-Nano 200 *Nucleid Acid Analyze* versi 2.0

No.	Kode	Nama Kultivar	Kemurnian (260/280)	Konsentrasi (ng/ μ L)
1	I1	Pisang Rejang	0,63	10,82
2	I2	Pisang Mas	1,34	6,01
3	I3	Pisang Berlin	1,97	27,37
4	I4	Pisang Kojo Santen	1,71	103,92
5	I5	Pisang Ambon Hong	0,76	6,76
6	I6	Pisang Morosebo	2,18	126,19
7	I7	Pisang Raja Seribu	0,93	8,50
8	I8	Pisang Triolin	2,76	48,85
9	I9	Pisang Brentel Warangan	0,81	11,61
10	I10	Pisang Saba Awu	2,15	117,3
11	I11	Pisang Ebung	1,22	15,80
12	I12	Pisang Raja Bandung	1,71	35,47
13	I13	Pisang Kluthuk Ijo	1,92	48,10
14	I14	Pisang Kluthuk Wulung	1,73	27,70

LAMPIRAN 5

LG 1. Visualisasi pita DNA menggunakan marka ISSR (*Inter Simple Sequence Repeat*)



Keterangan: M (marker 100bp); I1 (Pisang Rejang, AA); I2 (Pisang Mas, AA); I3 (Pisang Berlin, AA); I4 (Pisang Kojo Santen, AAA); I5 (Pisang Ambon Hong, AAA); I6 (Pisang Morosebo, AAA); I7 (Pisang Raja Seribu, AAB); I8 (Pisang Triolin, AAB); I9 (Pisang Brentel Warangan, AAB); I10 (Pisang Sobo Awu, ABB); I11 (Pisang Ebung, ABB); I12 (Pisang Raja Bandung, ABB); I13 (Pisang Kluthuk Ijo, BB); I14 (Pisang Kluthuk Wulung, BB)

LAMPIRAN 6

LT 6. Skoring pita DNA 14 kultivar Pisang berdasarkan marka molekuler ISSR
(Inter-Simple Sequence Repeat)

1. Tabel Skoring pita DNA 14 kultivar Pisang menggunakan primer I-834

I-834	AA		AA		AAA		AAA		AAB		ABB		BB	
	I1	I2	I3	I4	I5	I6	I7	I8	I9	I10	I11	I12	I13	I14
800 bp	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
700 bp	1	1	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1
680 bp	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0
600 bp	1	1	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0
590 bp	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0
550 bp	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1
540 bp	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0
500 bp	0	0	0	0	0	1	1	1	1	0	0	0	0	1
490 bp	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
400 bp	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1
380 bp	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
280 bp	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0
270 bp	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
260 bp	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1
240 bp	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
220 bp	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
200 bp	1	1	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0
Σ Pita DNA	7	7	7	4	7	5	7	7	5	6	6	5	6	7

Keterangan Warna:

 Panjang Amplikon	 Penanda Pita DNA monomorfik
 Kode Genom	 Pita DNA penanda genom AA
 Kode Sampel	 Pita DNA penanda genom B
 Jumlah Pita DNA yang terbentuk	 Pita DNA penanda genom BB

2. Tabel Skoring pita DNA 14 kultivar Pisang menggunakan primer I-835

I-835	AA		AA		AAA		AAA		AAB		ABB		BB	
	I1	I2	I3	I4	I5	I6	I7	I8	I9	I10	I11	I12	I13	I14
1270 bp	0	1	0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0
1125 bp	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	1
1000 bp	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
900 bp	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1
800 bp	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	1	1	1	1
780 bp	0	0	0	1	0	0	1	1	1	1	0	0	0	0
700 bp	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
610 bp	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
600 bp	0	0	0	1	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1
580 bp	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0
550 bp	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0
500 bp	1	1	0	1	1	1	1	1	1	0	1	0	0	0
430 bp	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
420 bp	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
400 bp	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1
380 bp	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
360 bp	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
350 bp	0	1	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0	0
340 bp	1	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0
290 bp	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
280 bp	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
210 bp	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
Σ Pita DNA	10	9	7	9	9	7	10	9	10	8	10	10	10	10

Keterangan Warna:

 Panjang Amplikon	 Penanda Pita DNA monomorfik
 Kode Genom	 Pita DNA penanda genom A
 Kode Sampel	 Pita DNA penanda genom AA
 Jumlah Pita DNA yang terbentuk	 Pita DNA penanda genom BB

LAMPIRAN 6

LT 6 Skoring pita DNA 14 kultivar Pisang berdasarkan marka molekuler ISSR

3. Tabel Skoring pita DNA 14 kultivar Pisang menggunakan primer I-843

I-843	AA		AA		AAA		AAA		AAA		AAB		AAB		ABB		ABB		BB		BB	
	I1	I2	I3	I4	I5	I6	I7	I8	I9	I10	I11	I12	I13	I14	I15	I16	I17	I18	I19	I20	I21	I22
1450 bp	0	1	1	1	0	0	1	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
1375 bp	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1
1280 bp	0	0	0	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
1250 bp	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
1225 bp	1	1	0	0	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
1175 bp	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1
1150 bp	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
1000 bp	1	1	1	1	0	1	0	0	0	1	0	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1
900 bp	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
800 bp	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1
700 bp	0	0	0	1	0	1	0	1	0	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
690 bp	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
640 bp	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
600 bp	0	0	1	1	1	1	0	1	0	1	0	1	0	1	0	1	0	1	0	0	0	0
550 bp	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
520 bp	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
500 bp	0	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
480 bp	1	1	1	1	0	1	0	1	0	1	0	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1
400 bp	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
280 bp	1	1	1	1	0	1	1	1	0	1	0	1	0	1	0	1	0	1	0	0	0	0
Σ Pita DNA	7	9	7	8	2	8	5	8	1	10	1	10	6	6	6	6	6	6	6	6	6	6

Keterangan Warna:

- Panjang Amplikon
- Kode Genom
- Kode Sampel
- Jumlah Pita DNA yang terbentuk
- Pita DNA penanda genom AA
- Pita DNA penanda genom BB

4. Tabel Skoring pita DNA 14 kultivar Pisang menggunakan primer I-848

I-848	AA		AA		AAA		AAA		AAA		AAB		AAB		ABB		ABB		BB		BB	
	I1	I2	I3	I4	I5	I6	I7	I8	I9	I10	I11	I12	I13	I14	I15	I16	I17	I18	I19	I20	I21	I22
1380 bp	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1
1375 bp	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
1275 bp	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1
1265 bp	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
1240 bp	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
1230 bp	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
1135 bp	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1
1125 bp	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1
1000 bp	0	0	1	0	1	0	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0
990 bp	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
900 bp	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1
850 bp	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
800 bp	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0
750 bp	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
600 bp	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
500 bp	1	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0
460 bp	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
440 bp	0	0	1	1	1	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
300 bp	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
280 bp	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	1	0	0	0
Σ Pita DNA	4	6	7	7	7	4	5	5	6	5	8	6	8	8	7	7	7	7	7	7	7	7

Keterangan Warna:

- Panjang Amplikon
- Kode Genom
- Kode Sampel
- Jumlah Pita DNA yang terbentuk
- Penanda Pita DNA monomorfik
- Pita DNA penanda genom AB
- Pita DNA penanda genom BB

LAMPIRAN 6

LT 6. Skoring pita DNA 14 kultivar Pisang berdasarkan marka molekuler ISSR

5. Tabel Skoring pita DNA 14 kultivar Pisang menggunakan primer I-855

I-855	AA	AA	AA	AAA	AAA	AAA	AAB	AAB	AAB	ABB	ABB	ABB	BB	BB
	I1	I2	I3	I4	I5	I6	I7	I8	I9	I10	I11	I12	I13	I14
1280 bp	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
1270 bp	0	0	0	0	0	0	1	1	0	1	0	1	0	0
1250 bp	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
1340 bp	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
1240 bp	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1
1125 bp	1	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
1115 bp	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1	1	1
1000 bp	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	1
900 bp	0	0	1	0	1	0	1	1	1	1	1	1	1	1
800 bp	1	1	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1	1
750 bp	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
720 bp	0	0	1	1	1	1	1	1	0	1	1	1	0	0
690 bp	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1
610 bp	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
600 bp	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1
590 bp	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
500 bp	1	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
400 bp	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0
360 bp	0	1	0	1	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0
280 bp	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
250 bp	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0	0
Σ Pita DNA	6	6	7	7	6	5	7	7	5	8	8	9	10	10

Keterangan Warna:	 Panjang Amplikon	 Penanda Pita DNA monomorfik
	 Kode Genom	 Pita DNA penanda genom AA
	 Kode Sampel	 Pita DNA penanda genom BB
	 Jumlah Pita DNA yang terbentuk	

Kartu Konsultasi Skripsi



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

Jl. Gajayana No. 50 Malang 65144 Telp./ Faks. (0341) 558933
Website: <http://biologi.uin-malang.ac.id> Email: biologi@uin-malang.ac.id

KARTU KONSULTASI SKRIPSI

Nama : KHAFIDHOTUR RIFLIYAH
NIM : 15620019
Program Studi : BIOLOGI
Semester : GANJIL/GENAP T.A
Pembimbing : DIDIK WAHYUDI, M.Si
Judul Skripsi : PENGELOMPOKAN GENOM KULTIVAR PISANG BERDASARKAN KARAKTER MORFOLOGI DAN MARKA MOLEKULER ISSR (*Inter-Simple Sequence Repeat*)

NO.	TANGGAL	URAIAN KONSULTASI	TTD PEMBIMBING
1.	02-01-2019	ACC judul skripsi	1.
2.	04-01-2019	Revisi judul skripsi	2.
3.	21-01-2019	Konsultasi BAB I	3.
4.	01-02-2019	Konsultasi BAB I dan II	4.
5.	04-02-2019	Revisi BAB I dan II	5.
6.	15-02-2019	Konsultasi BAB III	6.
7.	18-02-2019	Revisi BAB III	7.
8.	20-02-2019	ACC BAB I,II, dan III	8.
9.	21-06-2019	Konsultasi data hasil pengamatan	9.
10.	16-07-2019	Konsultasi analisis data	10.
11.	23-07-2019	Konsultasi BAB IV	11.
12.	25-07-2019	Revisi BAB IV	12.
13.	30-07-2019	Revisi BAB IV	13.
14.	01-08-2019	ACC BAB IV	14.
15.	14-08-2019	Konsultasi BAB V	15.
16.	16-08-2019	ACC Skripsi	16.

Pembimbing Skripsi

Didik Wahyudi, M.Si
NIP. 198601022018011001

Malang, 20 September 2019
Ketua Jurusan,



Romaidi, M.Si, D.Sc
NIP. 198102012009011019

LAMPIRAN 8

Kartu Konsultasi Agama Skripsi



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

Jl. Gajayana No. 50 Malang 65144 Telp./ Faks. (0341) 558933
Website: <http://biologi.uin-malang.ac.id> Email: biologi@uin-malang.ac.id

KARTU KONSULTASI AGAMA SKRIPSI

Nama : KHAFIDHOTUR RIFLIYAH
NIM : 15620019
Program Studi : BIOLOGI
Semester : GANJIL/GENAP T.A
Pembimbing : OKY BAGAS PRASETYO, M.Pd.I
Judul Skripsi : PENGELOMPOKAN GENOM KULTIVAR PISANG BERDASARKAN KARAKTER MORFOLOGI DAN MARKA MOLEKULER ISSR (*Inter-Simple Sequence Repeat*)

NO.	TANGGAL	URAIAN KONSULTASI	TPD PEMBIMBING
1.	19-06-2019	Konsultasi BAB I, II, III dan IV	1.
2.	27-06-2019	Revisi BAB I, II dan IV	2.
3.	25-07-2019	Revisi BAB I dan IV	3.
4.	31-07-2019	ACC BAB I, II dan III	4.
5.	13-08-2019	Revisi BAB IV	5.
6.	19-08-2019	ACC Skripsi	6.

Pembimbing Agama Skripsi

Oky Bagas Prasetyo, M.Pd.I
NIDT. 19890113201802011244

Malang, 20 September 2019
Ketua Jurusan,



Ronald, M.Si, D.Sc
NIDT. 198102012009011019