KERAGAMAN GENETIK SPESIES *HELICONIA* KOLEKSI KEBUN RAYA PURWODADI BERDASARKAN MARKA MORFOLOGI DAN MOLEKULER RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*)

SKRIPSI

Oleh :
SITI FAIQOTUL KHOLQIYAH
NIM. 16620064

PROGRAM STUDI BIOLOGI
FAKULTAS SAINS DAN TEKNOLOGI
UNIVERSITAS ISLAM NEGERI MAULANA MALIK IBRAHIM MALANG
2020

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

KERAGAMAN GENETIK SPESIES *HELICONIA* KOLEKSI KEBUN RAYA PURWODADI BERDASARKAN MARKA MORFOLOGI DAN MOLEKULER RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*)

SKRIPSI

Oleh :
SITI FAIQOTUL KHOLQIYAH
NIM. 16620064

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)

PROGRAM STUDI BIOLOGI
FAKULTAS SAINS DAN TEKNOLOGI
UNIVERSITAS ISLAM NEGERI MAULANA MALIK IBRAHIM MALANG
2020

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

KERAGAMAN GENETIK SPESIES *HELICONIA* KOLEKSI KEBUN RAYA PURWODADI BERDASARKAN MARKA MORFOLOGI DAN MOLEKULER RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*)

SKRIPSI

Oleh :
SITI FAIQOTUL KHOLQIYAH
NIM. 16620064

Telah diperiksa dan disetujui untuk diuji
Tanggal : 7 November 2020

Pembimbing I	Pembimbing II
Didik Wahyudi, M. Si.	Dr. M. Mukhlis Fahruddin, M.S.I.
NIP. 19860102201608011059	NIPT. 201402011409

Mengetahui,
Ketua Prodi Biologi

Dr. Evika Sandi Savitri, M. P.
NIP. 197410182003122002

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

KERAGAMAN GENETIK SPESIES *HELICONIA* KOLEKSI KEBUN RAYA PURWODADI BERDASARKAN MARKA MORFOLOGI DAN MOLEKULER RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*)

SKRIPSI

Oleh :
SITI FAIQOTUL KHOLQIYAH
NIM. 16620064

telah dipertahankan
di depan Dewan Penguji Skripsi dan dinyatakan diterima sebagai
salah satu persyaratan dalam untuk memperoleh gelar Sarjana Sains (S. Si)
Tanggal : 10 Desember 2020

Penguji Utama	**: Suyono, M.P** **NIP.19710622 200312 1 002**	(.....)
Ketua Penguji	**: Lia Hapsari, S.P., M.Si** **NIP.19820810 200912 2 001**	(.....)
Sekretaris Penguji	**: Didik Wahyudi, M.Si** **NIP. 19860102 201801 1 001**	(.....)
Anggota Penguji	**: Dr. M. Mukhlis Fahruddin, M.S.I** **NIPT. 20142011409**	(.....)

Mengesahkan,
Ketua Prodi Biologi

Dr. Evika Sandi Savitri, M. P
NIP. 197410182003122002

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

HALAMAN PERSEMBAHAN

Sujud syukur kupersembahkan kepada Allah SWT atas karunianya menjadikanku manusia yang senantiasa bertaqwa, berpikir, berilmu, sabar dan ikhlas dalam melaksanakan segala kewajiban-Nya. Semoga dengan terselesaikannya skripsi ini dapat menjadi satu langkah awal untuk masa depan dalam meraih cita-cita.

Skripsi ini kupersembahkan kepada :

1. Kedua orang tua yang senantiasa memberikan doa restu, dukungan dan motivasinya kepada saya, Abi Arif dan Umi Mastutik.
2. Adik-adikku yang saya sayangi, Asid, Ozaq, Salman dan Aim.
3. Diri saya sendiri yang telah berusaha sebaik mungkin menyelesaikan jenjang pendidikan S-1 dengan segala kemampuan yang ada.
4. Alm. Bapak Romaidi, M.Si., D.Sc selaku dosen wali yang telah memberikan ilmu dan motivasinya kepada penulis selama menuntut ilmu di UIN Malang.
5. Ustadz Wirdana Wargadinata dan ustzh. Iffat Maimunah.
6. Teman-teman seperjuangan Biologi 2016, khususnya KB3 SAMAWA.
7. Teman-teman Biotaba, yaitu Yumna, Safira, Yeti, Nanda, Ilmi, Mbak Izzah dan Wilda yang selalu memberikan semangat kepada penulis.
8. Tim Banana 16 yang sama-sama berjuang. Tak lupa Mas Rasya, Mas Affan, Mbak Rifli, Mbak Lail dan Mbak Nadia yang juga berpartisipasi dalam penelitian ini.
9. Semua pihak yang tidak bisa penulis sebutkan satu persatu yang memberikan dukungan baik moril maupun materiil dalam menyelesaikan skripsi ini.

Semoga Allah membalas semua kebaikan yang telah diberikan kepada penulis. Semoga skripsi ini dapat bermanfaat bagi penulis maupun orang lain.

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

MOTTO

Dan apabila hamba-hamba-Ku bertanya kepadamu tentang Aku, maka (jawablah), bahwasanya Aku adalah dekat. Aku mengabulkan permohonan orang yang berdoa apabila ia memohon kepada-Ku, maka hendaklah mereka itu memenuhi (segala perintah-Ku) dan hendaklah mereka beriman kepada-Ku, agar mereka selalu berada dalam kebenaran.

(Q. S. Al-Baqarah : 186)

Bekerja keraslah sampai idolamu menjadi sainganmu!

(G-Dragon Big Bang)

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

PERNYATAAN KEASLIAN TULISAN

Saya yang bertanda tangan di bawah ini :

Nama : Siti Faiqotul Kholqiyah

NIM : 16620064

Jurusan : Biologi

Fakultas : Sains dan Teknologi

Judul Penelitian : Keragaman Genetik Spesies *Heliconia* Koleksi Kebun Raya Purwodadi Berdasarkan Marka Morfologi dan Molekuler RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*)

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

Malang,

Yang membuat pernyataan,



Siti Faiqotul Kholqiyah

NIM. 16620064

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

PEDOMAN PENGGUNAAN SKRIPSI

Skripsi ini tidak dipublikasikan namun terbuka untuk umum dengan ketentuan bahwa hak cipta ada pada penulis. Daftar pustaka diperkenankan untuk dicatat, tetapi pengutipan hanya dapat dilakukan seizin penulis dan harus disertai kebiasaan ilmiah untuk menyebutkannya.

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

Keragaman Genetik Spesies *Heliconia* Koleksi Kebun Raya Purwodadi Berdasarkan Marka Morfologi Dan Molekuler RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*)

Siti Faiqotul K., Didik Wahyudi, M. Mukhlis Fahruddin

ABSTRAK

Karakter morfologi yang unik pada *Heliconia* menjadikan tanaman tersebut banyak dibudidayakan karena potensinya sebagai tanaman hias. Keragaman pada *Heliconia* menjadi upaya manusia sebagai *khalifah fil 'ardh* untuk mempelajari dan melestarikannya. Keragaman *Heliconia* dapat diamati berdasarkan marka morfologi, namun seringkali dinilai kurang valid karena bersifat subjektif. Studi molekuler dengan marka RAPD dinilai memiliki tingkat kevalidan lebih tinggi dibandingkan morfologi. Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui keragaman genetik spesies *Heliconia* koleksi Kebun Raya Purwodadi berdasarkan marka morfologi dan molekuler RAPD serta perbandingan antar keduanya. Sampel yang digunakan meliputi 8 spesies *Heliconia* dan 2 spesies *outgroup* dari Famili Strelitziaceae. Karakterisasi morfologi dilakukan terhadap 34 karakter kualitatif. Metode molekuler meliputi isolasi DNA, uji kualitatif dan kuantitatif, dan amplifikasi menggunakan primer OPA 1-20. Analisis data meliputi skoring data, analisis kekuatan primer, analisis ragam genetik dan analisis *clustering* menggunakan *software* GenAlEx dan PAST v.3.0. Karakterisasi morfologi menghasilkan variasi morfologi yang tinggi. Hasil analisis kekuatan primer menunjukkan 9 dari 20 primer terbukti efektif yaitu primer OPA-10, OPA-11, OPA-7, OPA-5, OPA-19, OPA-9, OPA-17, OPA-18 dan OPA-20. Hasil analisis ragam genetik menunjukkan nilai heterozigositas (He) cukup tinggi, dimana nilai He marka morfologi sedikit lebih rendah (0,221) daripada marka RAPD (0,237). Hasil analisis *clustering* berdasarkan kedua marka mendukung Famili Heliconiaceae sebagai kelompok monofiletik terpisah dari *outgroup* dan *Genus Heliconia* sebagai kelompok parafiletik. Spesies *Heliconia* mampu mengelompok dengan baik berdasarkan subgenusnya meskipun beberapa spesies tidak berada pada posisinya. Terdapat perbedaan pola *clustering* pada kedua marka. Hasil penelitian ini menunjukkan baik marka morfologi dan molekuler RAPD dapat digunakan untuk mengetahui keragaman genetik *Heliconia*.

Kata kunci : keragaman genetik, morfologi, *Heliconia*, RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*)

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

Genetic Diversity of *Heliconia* Species Collection of Purwodadi Botanical Garden based on Morphological and Molecular Markers of RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*)

Siti Faiqotul K., Didik Wahyudi, M. Mukhlis Fahruddin

ABSTRACT

The uniqueness of morphological characteristics of *Heliconia* makes this kind of plant being cultivated because they have a potency to be ornamental plant. The genetic diversity of *Heliconia* become human effort. However, human is *khalifah fil 'ardh* who should learn and conserve the genetic diversity. The diversity of *Heliconia* can be observed based on morphological markers. Yet, morphological markers are often considered less valid because it is subjective. The molecular research of RAPD markers is considered to have the higher level of validity, compared with morpholical markers. This research aims to know genetic diversity of *Heliconia* species of Purwodadi Botanical Garden collection based on morphological and RAPD molecular markers and its comparison. Furthermore, samples used are 8 species of *Heliconia* and 2 species of *outgroup* of *Strelitziaceae* family. Morphological characterization is carried out on 34 qualitative characters. Molecular methods include DNA isolation, qualitative and quantitative tests, and amplification using OPA 1-20 primers. Data analysis include data scoring, primary strength analysis, genetic variance analysis and clustering analysis using GenAlEx and PAST v.3.0 software. Morphological characterization results in high morphological variations. The results of the primary strength analysis showed that 9 out of 20 primers are proven effective. The primers are OPA-10, OPA-11, OPA-7, OPA-5, OPA-19, OPA-9, OPA-17, OPA-18 and OPA-20. The results of the genetic variance analysis show that heterozygosis (He) value is quite high. However, the He value of the morphological markers is slightly lower (0.221) than the RAPD markers (0.237). The results of the clustering analysis are based on the two markers supported the Heliconiaceae Family as a monophyletic group separate from the *outgroup* and the *Heliconia* Genus as the paraphyletic group. *Heliconia* species are able to group well based on their subgenus even though some species are not in their position. There are differences in the clustering patterns of the two markers. The results of this research indicate that both the morphological and molecular markers of RAPD can be used to determine the genetic diversity of *Heliconia.*

Keywords : genetic diversity, morphology, *Heliconia*, RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*)

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

ألوان الوراثي المحيط هيليكونيا مجموعة البستان الأكبر فورووادي عند علامات مورفولوجيا وجزيئي متعدد الأشكال مضخم عشوائي ((RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*)

سيتي فائقة ك، ديديك واحيودي، محمد مخلص فخر الدين

مستخلص البحث

فطرة مورفولوجيا الفذ في هيليكونيا تجعل تلك الزريعة كثيرة للتنمية لأن إحتمالها الزريعة الزينة . الالوان في هيليكونيا تجعل الانسان خليفة في الأرض لدراسته والحفظ عليه. الألوان في هيليكونيا تشهد عند علامات مورفولوجيا. لكن، غالبا تثمن غيرصحيح الشخصية. الدراسةالجزئية مع متعدد الأشكال مضخم عشوائي (RAPD)تثمن ان تملك مرحلة صحيح أعلى من مورفولوجيا . تهدف هذه الدراسة إلى معرفة التنوع الجزيئي للبستان الأكبر فورووادي لجمع أنواع هيليكونيا على أساس العلامات المورفولوجية والجزئية المغتصبة والمقارنة بينهما. النموذج الذي يستخدم، يتكون من 8 المحيطات هيليكونيا و 2 خارج المجموعة (*outgroup*) من الأسرة Strelitziaceae. يتم إجراء توصيف المورفولوجي على 34 حرفاً نوعياً. الطريقة التي تستخدم هي عازل (DNA)، إختبار النوعي والكمي، يستخدم تضخيم الرئيس (OPA 1–20). يتكون تحليل البيانات من تثمين البيانات، تحليل ألوان الوراثي، تحليل قوة الرئيسي ، تحليل التجمع (*clustering*). يستخدم برمجيات (GenAlEx) و (PAST v.3.0). التوصيف المورفولوجي ينتج اختلافات مورفولوجية عالية. وأظهرت نتائج تحليل القوة الأولية أن 9 من أصل 20 من التعديلات الأولية أثبتت فعاليتها، وهي الابتدائي OPA–10، OPA–11، OPA–7، OPA–5، OPA–19، OPA–9، OPA–17، OPA–18 وOPA–20. OPA–20. أظهرت نتائج تحليل التنوع الوراثي أن قيمة الشيخوخة (He) عالية جدًا ، حيث تكون قيمة مورفولوجيا العلامة أقل قليلاً (0.221) من علامة الاغتصاب (0.237). نتائج تحليل التجمع على أساس كل من علامات دعم الأسرة Heliconiaceae كمجموعة أحادية منفصلة من خارج المجموعة وجنس هيليكونيا كمجموعة بارافيلية. الأنواع هيليكونيا قادرة على مجموعة بشكل جيد على أساس subgenus على الرغم من أن بعض الأنواع ليست في موقف. هناك اختلافات في نقوش التجميع على كلتا العلامتين. وأظهرت نتائج هذه الدراسة أن كلا من العلامات المورفولوجية والجزئية للاغتصاب يمكن استخدامها لتحديد التنوع الحيوي لهليكونيا.

الكلمات المفاتح : ألوان الوراثي، مورفولوجيا، هيليكونيا، متعدد الأشكال مضخم عشوائي (RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*).

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

KATA PENGANTAR

Assalamu'alaikum Wr. Wb.

Syukur Alhamdulillah penulis ucapkan ke hadirat Allah SWT yang telah melimpahkan rahmat dan hidayah-Nya, sehingga penulis dapat menyelesaikan studi di Program Studi Biologi, Fakultas Sains dan Teknologi, Universitas Islam Negeri Maulana Malik Ibrahim Malang sekaligus menyelesaikan skripsi ini dengan baik.

Penulis ucapkan terima kasih kepada semua pihak yang telah membantu terselesaikannya skripsi ini kepada :

1. Prof. Dr. H. Abdul Haris, M.Ag selaku Rektor UIN Maulana Malik Ibrahim Malang.
2. Ibu Dr. Sri Harini, M.Si selaku Dekan Fakultas Sains dan Teknologi UIN Maulana Malik Ibrahim Malang.
3. Ibu Dr. Evika Sandi Savitri, M.P selaku Ketua Program Studi Biologi Fakultas Sains dan Teknologi UIN Maulana Malik Ibrahim Malang.
4. Bapak Didik Wahyudi, M.Si selaku dosen pembimbing skripsi dan bapak Dr. M. Mukhlis Fahruddin, M.S.I selaku dosen pembimbing agama, yang dengan sabar telah membimbing penulis hingga akhir.
5. Bapak Suyono, M.P dan ibu Lia Hapsari, S.P., M.Si selaku penguji yang telah memberikan saran sehingga tugas akhir dapat terselesaikan dengan baik.
6. Ayahanda dan ibunda tercinta yang senantiasa memberikan doa dan restunya serta dukungan kepada penulis dalam menuntut ilmu.
7. Adik yang selalu memberikan semangat kepada penulis untuk menyelesaikan skripsi ini.
8. Semua pihak yang ikut membantu dalam menyelesaikan skripsi ini baik berupa materiil maupun moril.

Penulis menyadari bahwa dalam penyusunan skripsi ini masih terdapat kekurangan dan penulis berharap semoga skripsi ini bisa memberikan manfaat kepada para pembaca khususnya bagi penulis secara pribadi. *Amin Ya Rabbal Alamin.*

Wassalamu'alaikum Wr. Wb.

Malang, 5 November 2020

Penulis

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

DAFTAR ISI

HALAMAN JUDUL ..... **i**
HALAMAN PERSETUJUAN ..... **ii**
HALAMAN PENGESAHAN ..... **iii**
HALAMAN PERSEMBAHAN ..... **iv**
MOTTO ..... **v**
HALAMAN PERNYATAAN KEASLIAN TULISAN ..... **vi**
PEDOMAN PENGGUNAAN SKRIPSI ..... **vii**
ABSTRAK ..... **viii**
ABSTRACT ..... **ix**
مستخلص البحث ..... **x**
KATA PENGANTAR ..... **xi**
DAFTAR ISI ..... **xii**
DAFTAR TABEL ..... **xiv**
DAFTAR GAMBAR ..... **xv**
DAFTAR LAMPIRAN ..... **xvi**
DAFTAR ISTILAH ..... **xvii**
BAB I PENDAHULUAN **1**
1.1 Latar Belakang 1
1.2 Rumusan Masalah 4
1.3 Tujuan Penelitian 5
1.4 Manfaat Penelitian 5
1.5 Batasan Masalah 5
BAB II TINJAUAN PUSTAKA **7**
2.1 Botani Umum *Heliconia* 7
2.2. Taksonomi *Heliconia* 10
2.3. Persebaran dan Potensi *Heliconia* 11
2.4. Keragaman Genetik 14
2.4.1 Analisis Keragaman Genetik 16
2.4.2 Software Analisis Keragaman Genetik 16
2.5. Marka RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*) 16
BAB III METODE PENELITIAN **20**
3.1. Rancangan Penelitian 20
3.2. Waktu Penelitian 20
3.3. Alat dan Bahan 20
3.3.1 Alat 20
3.3.2 Bahan 21
3.4. Prosedur Penelitian 22
3.4.1 Karakter Morfologi 22
3.4.2. Karakter Molekuler 22
3.4.2.1 Pengambilan Sampel 22
3.4.2.2 Ekstraksi dan Isolasi DNA 23
3.4.2.3 Uji Kuantitatif dan Kualitatif DNA 24
3.4.2.4 Amplifikasi PCR dan Visualisasi DNA 24
3.5. Analisis Data 25

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

3.5.1. Skoring Data 25
3.5.1.1 Marka Morfologi 25
3.5.1.2 Marka Molekuler 25
3.5.2 Analisis Kekuatan Primer 25
3.5.3 Analisis Keragaman Genetik dan Pengelompokan 26
BAB IV HASIL DAN PEMBAHASAN 28
4.1. Karakterisasi Spesies *Heliconia* Berdasarkan Marka Morfologi 28
4.2. Karakterisasi Spesies *Heliconia* Berdasarkan Marka Molekuler 37
4.3 Perbandingan Keragaman Genetik Spesies *Heliconia* Berdasarkan Marka Morfologi dan Marka Molekuler RAPD 49
BAB V PENUTUP 51
5.1. Kesimpulan 51
5.2. Saran 51
DAFTAR PUSTAKA 52
LAMPIRAN 62

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

DAFTAR TABEL

Tabel 3.1. Nama sampel yang digunakan 21
Tabel 3.2. Primer RAPD yang digunakan 22
Tabel 4.1. Keragaman genetik populasi 10 sampel yang digunakan berdasarkan marka morfologi 31
Tabel 4.2. Nilai koefisien similaritas karakter morfologi 10 sampel menggunakan indeks Jaccard 32
Tabel 4.3. Hasil uji kuantitatif DNA *whole genome* 38
Tabel 4.4. Keragaman genetik populasi 10 sampel yang digunakan berdasarkan marka molekuler 42
Tabel 4.5. Nilai koefisien similaritas karakter molekuler 10 sampel menggunakan indeks Jaccard 43
Tabel 4.6. Analisis Polimorfisme Hasil Amplifikasi Primer RAPD 44

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

DAFTAR GAMBAR

Gambar 2.1. Morfologi *Heliconia* 7
Gambar 2.2. Variasi batang semu (*pseudostem*) *Heliconia* 8
Gambar 2.3. Variasi daun *Heliconia* 8
Gambar 2.4. Sifat tumbuh *Heliconia* berdasarkan panjang tangkai (*petiole*) 9
Gambar 2.5. Karakteristik perbungaan *Heliconia* 10
Gambar 2.6. Penggunaan primer yang sama pada spesies berbeda menghasilkan DNA amplifikasi dengan panjang berbeda 18
Gambar 3.1. Cara penilaian pita dengan sistem *scoring* 25
Gambar 4.1. Karakter sinapomorfi subgenus *Heliconia* 28
Gambar 4.2. Karakter sinapomorfi subgenus *Griggsia* 29
Gambar 4.3. Karakter sinapomorfi subgenus *Stenochlamys* 29
Gambar 4.4. Karakter sinapomorfi spesies *outgroup* 30
Gambar 4.5. Karakter sinapomorfi dan ciri khusus subgenus *Griggsia* 33
Gambar 4.6. Karakter autapomorfi *H. rostrata* 33
Gambar 4.7. Karakter sinapomorfi dan ciri khusus subgenus *Heliconia* 34
Gambar 4.8. Karakter autapomorfi spesies *H. metallica* 35
Gambar 4.9. Dendogram spesies *Heliconia* dan *outgroup* berdasarkan subgenus menggunakan marka morfologi 36
Gambar 4.10. *Scatter plot* hasil analisis PCoA 8 spesies *Heliconia* dan 2 spesies *outgroup* berdasarkan marka morfologi 36
Gambar 4.11. Visualisasi DNA hasil isolasi 37
Gambar 4.12. Pita DNA hasil amplifikasi RAPD 40
Gambar 4.13. Dendogram spesies *Heliconia* dan *outgroup* berdasarkan subgenus menggunakan marka molekuler RAPD 44
Gambar 4.14. *Scatter plot* hasil analisis PCoA 8 spesies *Heliconia* dan 2 spesies *outgroup* berdasarkan marka molekuler 45

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

DAFTAR LAMPIRAN

Lampiran 1. Hasil Karakterisasi Morfologi 8 Spesies *Heliconia* dan 2 Spesies *Outgroup* 67
Lampiran 2. Hasil Karakterisasi Molekuler 8 Spesies *Heliconia* dan 2 Spesies *Outgroup* 73
Lampiran 3. Hasil Keragaman Genetik 8 Spesies *Heliconia* dan 2 Spesies *Outgroup* Secara Morfologi 78
Lampiran 4. Hasil Keragaman Genetik 8 Spesies *Heliconia* dan 2 Spesies *Outgroup* Secara Molekuler 81
Lampiran 5. Pita DNA Hasil Amplifikasi RAPD 84

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

DAFTAR ISTILAH

Istilah	Keterangan
Zigomorf	Simetri cermin pada bunga
Petiole	Tangkai daun
Peduncle	Tangkai bunga
Rachis	Ibu tangkai bunga
Resupinate	Berpilin
Non-resupinate	Tidak berpilin
Glabrous	Gundul; tidak berambut
Pubescent	Berambut
Very hairy	Sangat berambut
Erect	Tegak
Pendent	Menjuntai
Distichous	Berseling
Compact	Padat
Lax	Tidak padat; longgar
Oblique	Miring; helaian pada pangkal tidak simetris
Rounded	Bundar; membusur penuh
Acuminate	Meruncing; ujung menyempit memanjang
Cordate	Bangun jantung; pangkal helaian melekuk bentuk jantung
Oblong	Lonjong
Acute	Membentuk sudut runcing (<90º)

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

BAB I
PENDAHULUAN

1.1 Latar Belakang

Heliconia merupakan tanaman herba perenial yang dikenal sebagai cakar lobster (Malakar, dkk., 2015). *Heliconia* di Indonesia dikenal dengan sebutan pisang hias karena memiliki karakteristik morfologi seperti pisang dan sering dimanfaatkan sebagai tanaman hias (Hapsari, dkk., 2019). Karakteristik unik pada *Heliconia* menjadikan tanaman tersebut berpotensi untuk bersaing di pasar bunga internasional sehingga banyak dibudidayakan sebagai tanaman ornamental, baik berupa bunga potong maupun tanaman lanskap (Guimaraes, dkk., 2014).

Heliconia pada awalnya termasuk dalam Famili Musaceae dan banyak dikaitkan dengan Famili Strelitziaceae karena kemiripan morfologinya (Kress, 1990). Karakter perbungaan dan tipe buah pada *Heliconia* berbeda dengan kedua famili tersebut sehingga dipisahkan menjadi famili tersendiri yaitu Famili *Heliconia*ceae (Marouelli, dkk., 2010). *Heliconia* merupakan satu-satunya genus anggota Famili *Heliconia*ceae dalam Ordo Zingiberales dan memiliki sekitar 200 sampai 250 spesies (Kress, 1990; Andersson, 1998; Marouelli, dkk., 2010).

Asal mula *Heliconia* berasal dari daerah Amerika tropis dan Melanesia (Andersson, 1998). Namun, persebaran *Heliconia* banyak ditemukan di negara-negara tropis di dunia (Guimaraes, dkk., 2014), seperti Meksiko (Arrazate, dkk., 2017), Colombia (Isaza, dkk., 2012), Brazil (Marouelli, dkk., 2010) dan Indonesia (Hapsari, dkk., 2019). Persebaran *Heliconia* di Indonesia dapat ditemukan di Maluku, Jawa Timur, Jawa Barat (Hapsari, 2019), Bali (Zuraida, dkk, 2018), Yogyakarta (Basuki & Endah, 2015), Jakarta (Silalahi, 2016) dan Sulawesi (Flores, dkk., 2017).

Keragaman dan persebaran tumbuhan sebagai salah satu makhluk hidup di bumi merupakan bukti kekuasaan Allah SWT. Allah SWT menegaskan bahwa dalam penciptaan tumbuhan yang beraneka ragam terdapat hikmah bagi umat yang beriman kepada-Nya. Allah SWT telah menjelaskan dalam Q.S. Al-An'am ayat 99 sebagai berikut.

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

وَهُوَ الَّذِيْٓ اَنْزَلَ مِنَ السَّمَاۤءِ مَاۤءً فَاَخْرَجْنَا بِهٖ نَبَاتَ كُلِّ شَيْءٍ فَاَخْرَجْنَا مِنْهُ خَضِرًا نُّخْرِجُ مِنْهُ حَبًّا مُّتَرَاكِبًاۚ وَمِنَ النَّخْلِ مِنْ طَلْعِهَا قِنْوَانٌ دَانِيَةٌ وَّجَنّٰتٍ مِّنْ اَعْنَابٍ وَّالزَّيْتُوْنَ وَالرُّمَّانَ مُشْتَبِهًا وَّغَيْرَ مُتَشَابِهٍۗ اُنْظُرُوْٓا اِلٰى ثَمَرِهٖٓ اِذَآ اَثْمَرَ وَيَنْعِهٖۗ اِنَّ فِيْ ذٰلِكُمْ لَاٰيٰتٍ لِّقَوْمٍ يُّؤْمِنُوْنَ (٩٩)

Artinya : "*Dan Dialah yang menurunkan air 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 kurma, mengurai tangkai-tangkai yang menjulai, dan kebun-kebun anggur, dan (Kami keluarkan pula) zaitun dan delima yang serupa dan yang tidak serupa. Perhatikanlah buahnya pada waktu berbuah, dan menjadi masak. Sungguh, pada yang demikian itu ada tanda-tanda (kekuasaan Allah) bagi orang-orang yang beriman.*"

Penggalan ayat وَجَنّٰتٍ مِّنْ اَعْنَابٍ yang artinya "*dan kebun-kebun anggur*" menjelaskan keragaman tingkat ekosistem, وَالزَّيْتُوْنَ وَالرُّمَّانَ yang artinya "*dan (Kami keluarkan pula) Zaitun dan Delima,*" menjelaskan keragaman tingkat spesies dan مُشْتَبِهًا وَّغَيْرَ مُتَشَابِهٍ yang artinya "*yang serupa dan tidak serupa*" menjelaskan keragaman tingkat gen (Jazairi, 2008). Keragaman dari berbagai tingkatan tersebut penting dipelajari sebagai upaya manusia untuk memahami bukti kebesaran Allah. Keragaman pada tanaman mempermudah manusia dalam mengidentifikasi dan mengelompokkannya untuk keperluan pemberian nama ilmiah, konservasi dan pemuliaan plasma nutfah. *Heliconia* memiliki spesies yang beragam dengan karakter morfologi yang beragam pula sehingga perlu dijaga eksistensinya (Sidikka, 2014). Beberapa spesies *Heliconia* yang bernilai ekonomis dan dibudidayakan di Indonesia, yaitu *H. bihai, H. chartacea, H. latispatha, H. psittacorum* dan *H. rostrata* (Sidikka, 2014; Zuraida, dkk. 2014).

Heliconia sebagai bunga tropis yang indah menjadi tanaman yang mampu meningkatkan industri bunga potong di seluruh dunia karena memiliki daya tahan, warna dan tipe perbungaan yang beragam daripada tanaman lain (Gabriel, dkk., 2018). Namun, potensi *Heliconia* sebagai tanaman ornamental menjadi hal yang perlu diperhatikan karena memiliki keterkaitan dengan pentingnya upaya konservasi dan pemuliaan plasma nutfah *Heliconia* sehingga tetap dapat memenuhi ketersediaan tanaman tersebut di pasar bunga internasional (Loges, dkk., 2013). Selain itu, *Heliconia* mempunyai lebih banyak potensi yang belum dikembangkan secara maksimal, seperti sebagai obat, pangan sampai dekorasi

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

rumah (Rimando, 2001). Oleh karena itu, perlu dilakukan karakterisasi untuk mengetahui keragaman genetik *Heliconia* sehingga dapat memberikan informasi sebagai dasar referensi penelitian terkait *Heliconia* dalam hal konservasi maupun bidang lainnya.

Karakterisasi menjadi suatu alat fundamental dalam studi keragaman suatu organisme (Guimaraes, dkk., 2014). Karakterisasi dapat dilakukan menggunakan marka morfologi dan marka molekuler (Arrazate, dkk., 2017). Karakterisasi terdiri atas data-data yang dapat digunakan untuk mendeskripsikan, mengidentifikasi dan membedakan suatu spesies, genus atau kategori taksonomi lainnya (Guimaraes, dkk., 2014). Data yang digunakan dapat berupa nilai numerik, skala, kode dan jenis kata sifat (Arrazate, dkk., 2017).

Karakterisasi morfologi pada *Heliconia*, baik karakter vegetatif maupun generatif, diuraikan berdasarkan Guimaraes (2014) dan dimodifikasi menurut Hapsari (2019). Karakterisasi morfologi untuk mengetahui keragaman dan analisis pengelompokan pada *Heliconia* relatif mudah dilakukan (Arrazate, dkk., 2017). Namun, karakterisasi morfologi dinilai kurang valid karena bersifat bias dan bergantung kondisi lingkungan sehingga bisa berpengaruh pada validitas hasil (Probojati, dkk., 2019). Oleh karena itu, perlu dilakukan studi molekuler guna mendukung hasil karakterisasi berdasarkan karakter morfologi (Zulfahmi, 2013).

Studi molekuler menjadi suatu hal penting untuk memberikan informasi tentang adanya keragaman genetik suatu spesies dan mengatasi keterbatasan marka morfologi. Keragaman genetik sebagai keragaman terendah dalam organisasi biologi perlu diketahui untuk tujuan pemuliaan genetik tanaman (Zulfahmi, 2013). Keragaman genetik terjadi akibat migrasi, mutasi dan rekombinasi gen (Sembiring, dkk., 2015).

Marka molekuler yang umum dan dapat digunakan untuk mengetahui keragaman genetik suatu spesies diantaranya adalah RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*) (William, dkk., 1990; Mucciarelli, 2014; Costa, dkk., 2016; Han, 2017), AFLP (*Amplified Frament Length Polymorphism*) (Costa, dkk., 2016), ISSR (*Inter-Simple Sequence Repeats*) (Costa, dkk., 2016; Konar, dkk., 2018) dan DAMD (*Directed Amplification of Minisatellite DNA Regions*) (Singh, dkk., 2014). Namun, marka molekuler RAPD (*Random Amplified Polymorphic*

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

DNA) terbukti mampu mengungkapkan variasi genetik dan kekerabatan antar spesies serta lebih banyak digunakan karena kecepatan dan efisiensi analisis dalam mengungkapkan variasi genetik tingkat DNA pada berbagai spesies tanaman dibandingkan marka molekuler lainnya (Bardakci, 2001; Randriani, dkk., 2012).

RAPD merupakan teknik amplifikasi DNA berdasarkan PCR dengan menggunakan primer secara acak (Sundari, dkk., 2017). Penggunaan RAPD didasarkan pada proses yang cepat, tidak memerlukan informasi genom terlebih dahulu dan hanya menggunakan sedikit sampel DNA (0,5-50 ng) (Probojati, dkk., 2019). RAPD menjadi salah satu penanda molekuler yang telah diterapkan dalam studi variabilitas genetik bahkan sampai pada level antar dan intra spesifik dalam berbagai spesies tanaman (Bishoyi, dkk., 2016; Kalkisim, dkk., 2016; Sunar, dkk., 2016), seperti pada spesies pohon sengon (Siregar & Ranny, 2012), padi (Juansa, dkk., 2012), karet (Daslin, dkk., 2012), kakao (Rahmansyah, dkk., 2014), jeruk (Yulianti, dkk., 2016), kelapa sawit (Tarigan, 2016), cabai (Purnomo & Rejeki, 2018) dan pisang raja (Probojati, dkk., 2019). RAPD juga banyak digunakan untuk program pemuliaan tanaman, antara lain untuk analisis keragaman plasma nutfah tanaman jambu mete (Randriani, dkk., 2012), stroberi (Azizah, dkk., 2019) dan ceri (Antic, dkk., 2020).

RAPD terbukti telah digunakan dalam penelitian terkait studi filogenetik, pemetaan genetik, genetika populasi dan evolusi serta pemuliaan tanaman dan hewan (Bardakci, 2001; Zarei, dkk., 2018). Hal tersebut menunjukkan bahwa marka RAPD dapat digunakan untuk studi variabilitas genetik dan klarifikasi hubungan antar spesies *Heliconia*. Oleh karena itu akan dilakukan penelitian keragaman genetik spesies *Heliconia* koleksi Kebun Raya Purwodadi berdasarkan marka morfologi dan marka molekuler RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*).

1.2 Rumusan Masalah

Rumusan masalah dalam penelitian ini adalah sebagai berikut.

1. Bagaimana keragaman genetik spesies *Heliconia* koleksi Kebun Raya Purwodadi berdasarkan marka morfologi?

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

2. Bagaimana keragaman genetik spesies *Heliconia* koleksi Kebun Raya Purwodadi berdasarkan marka molekuler RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*)?
3. Bagaimana perbandingan keragaman genetik spesies *Heliconia* koleksi Kebun Raya Purwodadi berdasarkan marka morfologi dan marka molekuler RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*)?

1.3 Tujuan Penelitian

Tujuan penelitian ini adalah sebagai berikut.

1. Mengetahui keragaman genetik spesies *Heliconia* koleksi Kebun Raya Purwodadi berdasarkan marka morfologi.
2. Mengetahui keragaman genetik spesies *Heliconia* koleksi Kebun Raya Purwodadi berdasarkan marka molekuler RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*).
3. Mengetahui perbandingan keragaman genetik spesies *Heliconia* koleksi Kebun Raya Purwodadi berdasarkan marka morfologi dan marka molekuler RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*).

1.4 Manfaat Penelitian

Manfaat dari penelitian ini adalah sebagai berikut.

1. Sebagai referensi dalam upaya pemuliaan tanaman dan pengembangan *Heliconia*.
2. Sebagai salah satu acuan untuk penelitian selanjutnya.
3. Memberikan manfaat dalam pengembangan ilmu pengetahuan, khususnya terkait genetik *Heliconia*.

1.5 Batasan Masalah

Batasan masalah dalam penelitian ini adalah sebagai berikut.

1. Sampel yang digunakan yaitu daun 8 spesies *Heliconia* dan 2 spesies *outgroup* dari Famili Strelitziaceae koleksi Kebun Raya Purwodadi.
2. Spesies *Heliconia* yang digunakan dalam penelitian yaitu *Heliconia bihai*, *Heliconia wagneriana*, *Heliconia collinsiana*, *Heliconia chartacea*, *Heliconia rostrata*, *Heliconia metallica*, *Heliconia hirsuta* dan *Heliconia psittacorum*. Spesies *outgroup* yang digunakan yaitu *Ravenala madagascariensis* dan *Phenakospermum guyannense*

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

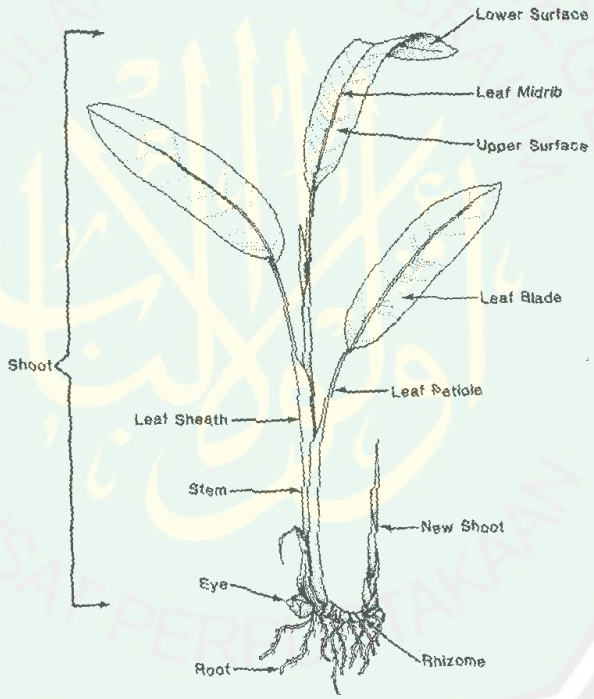
3. Marka molekuler yang digunakan adalah *Random Amplified Polymorphic DNA* (RAPD).
4. Primer yang digunakan adalah OPA-1, OPA-2, OPA-3, OPA-4, OPA-5, OPA-6, OPA-7, OPA-8, OPA-9, OPA-10, OPA-11, OPA-12, OPA-13, OPA-14, OPA-15, OPA-16, OPA-17, OPA-18, OPA-19 dan OPA-20.
5. Analisis yang digunakan dalam penelitian ini yakni analisis morfologi dan analisis molekuler. Analisis morfologi menggunakan 34 karakter kualitatif (organ vegetatif dan generatif) 8 spesies *Heliconia* dan 2 spesies *outgroup* koleksi Kebun Raya Purwodadi (Hapsari, dkk., 2019). Analisis molekuler meliputi PIC *(Polymorphism Information Content*), EMR *(Effective multiplex Ratio*), MI *(Marker Index)* dan RP *(Resolving power*) untuk mengetahui kekuatan primer, analisis keragaman genetik 8 spesies *Heliconia* dan 2 spesies *outgroup* koleksi Kebun Raya Purwodadi melalui *software* GenAlEx (*Genetic Analysis in Excel*) dan analisis pengelompokan menggunakan metode UPGMA pada *software* PAST v.3.0. (*PAleontological STatistics*).

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

BAB II
TINJAUAN PUSTAKA

2.1 Botani Umum *Heliconia*

Heliconia merupakan tanaman herba perenial dengan batang, daun dan bunga yang indah (Suriati, dkk., 2015; Malakar, dkk., 2015). *Heliconia* mempunyai sistem perakaran serabut dengan rimpang (*rhizome*) simpodial (Cronquist, 1981; Marouelli, dkk., 2010), yaitu rimpang dengan pertumbuhan menyebar (Gambar 2.1) (Wahyuni, dkk., 2013). *Heliconia* sebagai tanaman herba rhizomatous membentuk tunas berdaun tegak dalam jumlah sedikit (1-2) hingga banyak (>50) (Hapsari, dkk., 2019).



Gambar 2.1. Morfologi *Heliconia* (BIOL1051, 2007)

Heliconia memiliki batang semu (*pseudostem*) dengan ketinggian bervariasi antara 1-7 m dan diameter antara 1,5-4 cm yang tumbuh di permukaan tanah (Dahlgren, dkk., 1985). Batang semu dibentuk oleh petiol daun yang saling menutupi (Hapsari, dkk., 2019). Batang semu *Heliconia* memiliki beberapa karakter berbeda seperti perbedaan warna, ada tidaknya lilin (*wax*), rambut dan bintik (*blotches*) (Gambar 2.2) (Guimaraes, dkk., 2014).

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG



A B

Gambar 2.2. Variasi batang semu (*pseudostem*) *Heliconia*. a) warna hijau gelap, b) berlilin (*wax*)



A **B** **C**

Gambar 2.3. Variasi daun *Heliconia*. a) bentuk lanset, b) berlilin (*wax*), c) warna hijau hingga keungu-unguan

Daun *Heliconia* berbentuk lanset, berwarna hijau hingga keungu-unguan dan biasanya terdapat lilin pada permukaan daunnya (Gambar 2.3) (Guimaraes, dkk., 2014; Maria, dkk., 2014). Ujung helaian daun runcing, dengan tepian daun ada yang rata, robek dan robek berpilin (Hapsari, dkk., 2019). Daun memiliki pelepah yang saling bertumpuk membentuk batang semu dengan panjang antara 15-300 cm (Maria, dkk., 2014).

Daun *Heliconia* memiliki venasi melintang dan pangkal daun yang biasanya tidak sama di kedua sisi petiol (Hapsari, dkk., 2019). Petiol atau tangkai daun pada beberapa spesies *Heliconia* memiliki ukuran berbeda (Hapsari, dkk., 2019). Berdasarkan perbedaan ukuran dan bentuk petiol, sifat tumbuh *Heliconia* dibedakan menjadi tiga kelompok yaitu Musoid, Cannoid dan Zingiberoid (Gambar 2.4). Kelompok Musoid memiliki ukuran petiol panjang dan cenderung

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

tumbuh tegak seperti tanaman pisang. Kelompok Cannoid memiliki ukuran petiol medium dan membentuk sudut seperti tanaman kana, sedangkan kelompok Zingiberoid memiliki ukuran petiol pendek dan cenderung horizontal seperti tanaman jahe-jahean (zingiber) (Maria, dkk., 2014; Hapsari, dkk., 2019).



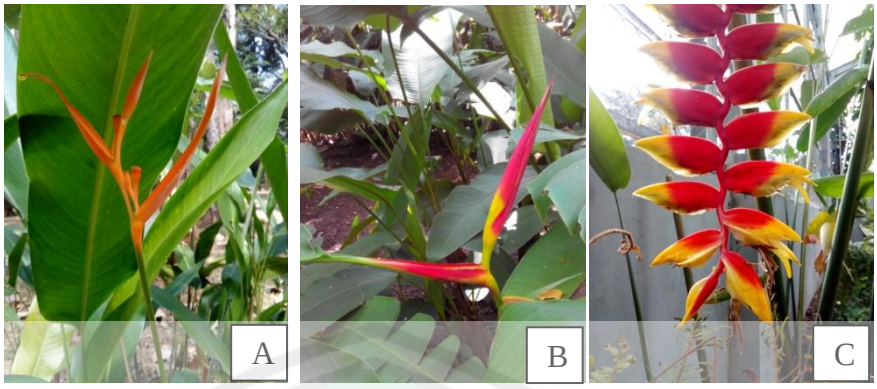
A **B** **C**

Gambar 2.4. Sifat tumbuh *Heliconia* berdasarkan ukuran dan bentuk tangkai (*petiole*). a) Musoid, b) Cannoid, c) Zingiberoid

Heliconia adalah tanaman unik dari hutan hujan tropis di dataran rendah Neotropis dan Melanesia dengan daun seperti pisang dan braktea perbungaan yang besar dan mencolok sehingga mudah dikenali (Iles, dkk., 2016). Braktea atau biasa disebut sebagai daun pelindung merupakan modifikasi daun dengan ukuran, warna dan jumlah berbeda (Cronquist, 1981). Warna braktea bunga yang bervariasi pada karakter perbungaan *Heliconia* menjadi hal penting dalam mengidentifikasi spesies dan kultivar *Heliconia* berdasarkan morfologi (Rocha, dkk., 2010; Guimaraes, dkk., 2014).

Karakter perbungaan *Heliconia* memiliki karakteristik unik yaitu tegak (*erect*) dan menjuntai (*pendent*) (Gambar 2.5). Susunan perbungaan *Heliconia* ada yang berseling (*distichous*) dan ada yang spiral, ada yang berpilin (*resupinate*) dan tidak berpilin (*non-resupinate*) (Hapsari, dkk., 2019). Bunga *Heliconia* termasuk jenis zigomorf dengan kelopak daun terpisah dari mahkota bunga (Rimando, 2001). Buah *Heliconia* bertipe drupe dan termasuk dalam karakter yang khas dari *Heliconia* (Kress, 1990; Iles, dkk., 2016).

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG



Gambar 2.5. Karakteristik perbungaan *Heliconia*. a) *erect & resupinate*, b) ***erect*** *& non-resupinate*, c) *pendant & non-resupinate*

2.2 Taksonomi *Heliconia*

Heliconia adalah genus monofiletik dalam Famili Heliconiaceae. *Heliconia* pada awalnya diklasifikasikan dalam Famili Musaceae (pisang-pisangan) dan berkerabat dengan Genus *Musa* dan *Ensete* (Santos, dkk., 2009). Klasifikasi tersebut didasarkan pada bentuk daun yang sama. *Heliconia* telah lama dikenal dalam hortikultura disebabkan oleh perbungaannya yang mencolok. Penamaan ilmiah tanaman *Heliconia* pertama kali dicetuskan oleh Karl Linnaeus pada tahun 1771 yang didasarkan pada nama sebuah gunung di Yunani, Gunung Helicon (Watson & Roberth, 1974). Allah SWT berfirman dalam Q.S. Al-Waqi'ah ayat 27-31 sebagai berikut.

وَأَصْحَابُ الْيَمِينِ مَا أَصْحَابُ الْيَمِينِ (٢٧) فِي سِدْرٍ مَخْضُودٍ (٢٨) وَطَلْحٍ مَنْضُودٍ (٢٩) وَظِلٍّ مَمْدُودٍ (٣٠) وَمَاءٍ مَسْكُوبٍ (٣١)

Artinya : "*Dan golongan kanan, siapakah golongan kanan itu. Berada di antara pohon bidara yang tidak berduri, dan pohon yang bersusun-susun (buahnya), dan naungan yang terbentang luas, dan air yang mengalir terus-menerus.*"

"*Pohon yang bersusun-susun*" sebagaimana telah disebutkan dalam Surah Al-Waqi'ah adalah pohon pisang. Hal tersebut merupakan pendapat mayoritas Ulama dari kalangan Sahabat dan Tabi'in yang disebutkan para ahli Tafsir, seperti Imam ath-Thabari, ar-Razi, al-Qurtubi, Ibnu Katsir dan asy-Syaukani rahimahumullah (Mandzur, 1993). Pisang hias atau dikenal dengan *Heliconia* memiliki keterkaitan berdasarkan taksonomi dan kemiripan morfologi dengan pisang buah (Musaceae) pada umumnya dan *Strelitzia* (Maria, dkk., 2014).

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

Sistem APG tahun 1998 dan sistem APG II tahun 2003 mengonfirmasi Famili Heliconiaceae sebagai famili berbeda dan menempatkannya dalam Ordo Zingiberales yang secara filogenetik dekat dengan Musaceae, Strelitziaceae, Marantaceae, Costaceae, Cannaceae, Zingiberaceae dan Lowiaceae (Simpson, 2006; Judd, 2007). Sebagian besar spesies telah dideskripsikan pada kuartal terakhir abad ke-20 sebagai hasil penelitian taksonomi besar yang dilakukan oleh Lennart Anderson dan John W. Kress pada tahun 1980-an sampai 1990-an. Andersson dan Kress menerbitkan analisis morfologi kladistik yang menginformasikan bahwa Genus *Heliconia* dibagi menjadi lima subgenera (Kress, 1984).

Heliconia dibagi menjadi lima subgenera, yaitu *Taeniostrobus* (Kuntze) Griggs, *Heliconia*, *Griggsia* L. Andersson, *Stenochlamys* Baker dan *Heliconiopsis* (Flores, dkk., 2017). Tiga dari lima subgenera *Heliconia* hasil analisis kladistik oleh Andersson dan Kress sesuai dengan taksa dengan sinapomorfi yang diduga berkaitan dengan orientasi bunga, baik memutarnya tangkai bunga (resupinasi) maupun kebiasaan perbungaan keseluruhan (tegak atau menjuntai) (Kress, 1984). *Heliconia* memiliki 23 *section*, diantaranya yaitu *Heliconia*, *Stenochlamys*, *Cannastrum, Zingiberastrum, Tortex, Pendulae, Rostratae, Novo I, Novo II, Lanea, Lasia, Proxichlamys* (Kress, 1990; Hapsari, dkk., 2019).

2.3 Persebaran dan Potensi *Heliconia*

Heliconia merupakan satu-satunya genus dalam Famili *Heliconia*ceae yang termasuk dalam Ordo Zingiberales (Kress, 1990; APG IV, 2016). *Heliconia* berasal dari Amerika tropis (Kepulauan Karibia, Meksiko, Amerika Tengah dan Amerika Selatan) dan Melanesia (Andersson, 1998). Namun, *Heliconia* banyak ditemukan di hutan hujan tropis, baik Neotropis maupun Paleotropis (Suriati, dkk., 2015). Persebaran *Heliconia* di daerah Neotropis, dimulai dari utara Meksiko ke selatan Brazil (Kress, 1990) dan dari Samoa, ke arah barat ke pulau Sulawesi tengah, Indonesia, sedangkan persebaran di daerah Paleotropis berada di Kepulauan Pasifik (Flores, dkk., 2017).

Persebaran *Heliconia* disebabkan oleh interaksinya dengan beberapa hewan penyerbuk, seperti burung kolibri dan kelelawar (Taylor & White, 2007). Panjang dan kelengkungan paruh burung kolibri terhadap bunga *Heliconia* merupakan cara

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

beradaptasi kedua spesies tersebut dalam memfasilitasi sumber daya timbal balik, yaitu nektar dan penyerbukan (Temeles, dkk., 2016). Interaksi *Heliconia* dengan berbagai spesies burung lain juga menyebabkan terjadinya persebaran warna buah, yaitu buah berwarna biru di Neotropik dan merah di Paleotropik (Taylor & White, 2007).

Heliconia mengandung keragaman spesies, kultivar dan hibrida yang potensial digunakan sebagai tanaman hias (Loges, dkk., 2013). Tanaman hias merupakan tanaman bernilai estetika tinggi dan memiliki karakteristik tertentu. Nama umum untuk *Heliconia* adalah lobster-cakar atau pisang liar karena bentuk tanamannya menyerupai pohon pisang dengan batang yang memiliki pelepah. *Heliconia* mulai digemari di Indonesia sekitar tahun 1997 (Suriati, dkk., 2015). Allah SWT berfirman dalam Q.S. Al-Baqarah ayat 22 sebagai berikut.

الَّذِي جَعَلَ لَكُمُ الْأَرْضَ فِرَاشًا وَالسَّمَاءَ بِنَاءً وَأَنْزَلَ مِنَ السَّمَاءِ مَاءً فَأَخْرَجَ بِهِ مِنَ الثَّمَرَاتِ رِزْقًا لَكُمْ ۖ فَلَا تَجْعَلُوا لِلَّهِ أَنْدَادًا وَأَنْتُمْ تَعْلَمُونَ

Artinya : "*Dialah yang menjadikan bumi sebagai hamparan bagimu dan langit sebagai atap, dan Dia menurunkan air (hujan) dari langit, lalu Dia menghasilkan dengan hujan itu segala buah-buahan sebagai rezeki untukmu; karena itu janganlah kamu mengadakan sekutu-sekutu bagi Allah, padahal kamu mengetahui*."

Penggalan ayat فَأَخْرَجَ بِهِ مِنَ الثَّمَرَاتِ رِزْقًا لَكُمْ yang artinya "*lalu Dia menghasilkan dengan hujan itu segala buah-buahan sebagai rezeki untukmu*" menjelaskan bahwa dengan hujan tersebut Allah mengeluarkan berbagai jenis buah-buahan dan tanaman untuk dapat dinikmati sampai batas tertentu (Humaid, 1998). Bermacam buah-buahan dan tanaman diciptakan oleh Allah sebagai rezeki bagi manusia, baik sebagai pangan, obat dan nilai ekonomis lainnya. *Heliconia* dapat dimanfaatkan sebagai obat (akar *H. brasiliensis*), obat diare (benih *H. brasiliensis*), bahan baku kertas (tangkai daun *H. bihai*), sebagai pangan (ujung tanaman muda *H. caribaea*) dan sebagai pembungkus makanan (Rimando, 2001). Penduduk Amerika tropis menggunakan *Heliconia* sebagai pelapis dinding dan atap rumah (Watson & Roberth, 1974). Tidak hanya bagi manusia, rezeki berupa buah-buahan tersebut juga menjadi rezeki bagi hewan seperti burung dan kelelawar.

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

Heliconia umumnya ditanam sebagai tanaman lanskap dan bunga potong. Hal itu dikarenakan warna dan daya tahan braktea bunga *Heliconia* yang cukup lama. Variasi luas dalam pertumbuhan vegetatif, ukuran, bentuk dan pengaturan braktea menjadikan perbungaan *Heliconia* dikategorikan sebagai bunga yang menarik (Malakar, dkk., 2015).

Heliconia merupakan salah satu tanaman hias yang dikenalkan oleh petani bunga kepada masyarakat di Bali. *Heliconia* di Bali dimanfaatkan sebagai penghias halaman (Zuraida, dkk., 2018). *Heliconia* di Brazil dibudidayakan karena mampu memberikan hasil yang menjanjikan terhadap perekonomian petani bunga dan tanaman hias (Rocha, dkk., 2010). *Heliconia* banyak dikembangkan di Costa Rica, Florida dan Hawai karena memiliki variabilitas alami dan populasi yang tinggi sehingga dapat dieksploitasi untuk tujuan pemeliharaan plasma nutfah atau pembibitan (Rocha, dkk., 2010; Sidikka, 2014). Allah SWT berfirman dalam Q.S. Al-A'raf ayat 56 sebagai berikut.

وَلَا تُفْسِدُوْا فِى الْاَرْضِ بَعْدَ اِصْلَاحِهَا وَادْعُوْهُ خَوْفًا وَّطَمَعًا ۗ اِنَّ رَحْمَتَ اللّٰهِ قَرِيْبٌ مِّنَ الْمُحْسِنِيْنَ

Artinya : "*Dan janganlah kamu berbuat kerusakan di bumi setelah (diciptakan) dengan baik. Berdoalah kepada-Nya dengan rasa takut dan penuh harap. Sesungguhnya rahmat Allah sangat dekat kepada orang yang berbuat kebaikan.*"

Mahalli (2007) menafsirkan bahwa manusia janganlah berbuat kerusakan di muka bumi dengan berbuat kemusyrikan dan kemaksiatan. Hal itu diwujudkan dengan tidak merusak lingkungan, melestarikan dan menjaga eksistensi dari berbagai individu sehingga keragaman dan keseimbangan alam tetap terjaga.

Perbanyakan tanaman *Heliconia* umumnya menggunakan *rhizome*. *Rhizome* membentuk batang semu yang muncul dari gulungan pelepah daun dengan pertumbuhan yang sama seperti pohon pisang (Isaza, dkk., 2012). *Heliconia* dapat tumbuh sampai ketinggian 2.000 mdpl dengan suhu 13-30ºC. Jika terkena sinar matahari langsung, *Heliconia* mudah tumbuh karena termasuk tumbuhan khas tropis. Pengaturan cahaya sangat diperlukan, terutama bibit yang baru ditanam. Tanaman muda hanya memerlukan cahaya sekitar 25-35%. Pada fase ini tanaman membutuhkan naungan sehingga kondisinya terlihat segar (Sidikka, 2014).

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

2.4 Keragaman Genetik

Keragaman menjadi salah satu parameter penting dalam seleksi populasi organisme (Dutoit, dkk., 2017). Keragaman suatu populasi dapat diketahui melalui analisis keragaman fenotipik dan genotipik (Probojati, dkk., 2019). Keragaman fenotipik merupakan keragaman yang teramati sebagai hasil adanya perbedaan genotip dan lingkungan tumbuhnya, sedangkan keragaman genotipik merupakan keragaman yang menyatakan keadaan genetik dan dapat menjadi pembilang dalam mengestimasi nilai heritabilitas suatu spesies (Orgogozo, dkk., 2015). Keragaman genotip dapat diestimasi berdasarkan keragaman fenotip spesies yang bersangkutan (Forsman, 2014). Sebagaimana telah dijelaskan dalam firman Allah SWT Q.S. Thaha ayat 53 sebagai berikut.

الَّذِي جَعَلَ لَكُمُ الْأَرْضَ مَهْدًا وَسَلَكَ لَكُمْ فِيهَا سُبُلًا وَأَنْزَلَ مِنَ السَّمَاءِ مَاءً فَأَخْرَجْنَا بِهِ أَزْوَاجًا مِنْ نَبَاتٍ شَتَّى

Artinya : "*Yang telah menjadikan bagimu bumi sebagai hamparan dan Yang telah menjadikan bagimu di bumi itu jalan-jalan dan menurunkan dari langit air hujan. Maka Kami tumbuhkan dengan air hujan itu berjenis-jenis dari tumbuh-tumbuhan yang bermacam-macam.*"

Ayat tersebut menjelaskan bahwa Allah sebenarnya telah menciptakan tumbuhan dengan bermacam-macam, termasuk dari segi morfologinya. Lafadz شَتَّى sebagai kata sifat dari lafadz أَزْوَاجًا bermaksud pada perbedaan warna, bentuk dan lain-lain (Mahalli, 2007). Morfologi merupakan ekspresi genetik dan sifat yang mudah diamati. Bermacam-macam ekspresi genetik suatu tumbuhan dapat menyebabkan tingginya keragaman genetik.

Keragaman genetik merupakan suatu ukuran kecenderungan karakter atau sifat untuk bervariasi secara genetik dari berbagai individu (Bindroo & Shunmugam, 2014). Keragaman genetik merupakan hasil dari genetik berbagai individu berbeda yang disebabkan oleh terjadinya proses biokimia dan berpengaruh terhadap karakteristik morfologi (seperti bentuk tanaman dan warna bunga) dan fisiologi (seperti tingkat pertumbuhan dan resistensi terhadap cekaman abiotik) (Bindroo & Shunmugam, 2014). Keragaman genetik muncul sebagai petunjuk adanya variasi genotip antar individu dalam suatu populasi. Variasi yang mendukung keragaman genetik dapat berasal dari mutasi, rekombinasi, seleksi,

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

penyimpangan genetik dan aliran gen (*gene flow*) pada alel yang ada di populasi berbeda (Dutoit, dkk., 2017).

Keragaman genetik menjadi faktor penting dalam keberhasilan pemuliaan tanaman, membangun hubungan genetik dan konservasi tanaman (Dutoit, dkk., 2017). Keragaman genetik memberikan gambaran terkait besarnya sumber genetik yang dibutuhkan dalam adaptasi ekologi dan evolusi (Irsyad, dkk., 2020). Hal itu berkaitan dengan keragaman genetik sebagai dasar untuk bertahan hidup, adaptasi dan memungkinkan dalam melanjutkan dan memajukan proses adaptif yang menjadi dasar keberhasilan evolusi (Bindroo & Shunmugam, 2014).

Keragaman genetik memiliki metode penilaian bervariasi dalam tipe data yang dihasilkan, cara menyelesaikan perbedaan genetik dan tingkat taksonomi paling tepat untuk diterapkan. Pendekatan berbeda dapat memberikan hasil yang berbeda (Nesbitt, dkk., 1995). Hal itu menunjukkan bahwa karakter atau ruang lingkup variasi yang ditunjukkan oleh masing-masing penanda mungkin berbeda (Dutoit, dkk., 2017).

2.4.1 Analisis Keragaman Genetik

Analisis keragaman genetik merupakan suatu metode untuk mengevaluasi perbedaan karakter tertentu suatu organisme yang diharapkan dapat memberikan informasi terkait adaptasi dan upaya menghindari kepunahan (Irsyad, dkk., 2020). Keragaman genetik dapat dianalisis berdasarkan marka morfologi maupun marka molekuler (Probojati, dkk., 2019). Keragaman genetik berdasarkan marka morfologi telah lama digunakan, namun sering diperoleh hasil yang kurang akurat. Hal itu dikarenakan terdapat sifat yang mungkin dikendalikan oleh gen tertentu yang dipengaruhi lingkungan (Maskromo, dkk., 2015).

Keragaman genetik melalui penggunaan marka molekuler dapat dilakukan dengan teknik berbasis PCR seperti RAPD (William, dkk., 1990), RFLP (Septiasari, dkk., 2017) dan AFLP (Vitales, dkk., 2014). Teknik berbasis PCR banyak digunakan dalam berbagai penelitian terkait studi keragaman genetik (Tanksley, dkk., 1995). Keragaman genetik dianalisis menggunakan metode molekuler berbasis DNA karena urutan DNA setiap individu berbeda. Informasi yang diperoleh dari urutan DNA tersebut dapat digunakan untuk mengetahui

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

hubungan kekerabatan dan perbedaan genetik suatu organisme (Weising, dkk., 1995).

Keragaman genetik suatu populasi dapat diketahui dari nilai keragaman genetik. Parameter untuk mengukur keragaman genetik dalam populasi adalah jumlah alel yang diamati (Na), jumlah alel efektif per lokus (Ne), heterozigositas harapan (He) dan keragaman genotipik berdasarkan indeks *Shannon's information index* (I) (Yulita & Tukirin, 2011). Semakin tinggi nilai Ne menunjukkan semakin tinggi pula jumlah individu heterozigot dalam suatu populasi. Tingkat heterozigositas semakin tinggi jika persentase lokus polimorfik juga semakin tinggi (Sulistyawati & Widyatmoko, 2017). Nilai He lebih dari 0,2 menunjukkan keragaman genetik tinggi (Hamrick & Godt, 1996).

2.4.2 Software Analisis Keragaman Genetik

Beberapa *software* yang digunakan dalam analisis keragaman genetik adalah sebagai berikut.

a. GenAlEx merupakan *software* dengan banyak fitur untuk menganalisis data genetik populasi (Blyton & Nichola, 2012). GenAlex umum digunakan dalam analisis keragaman genetik dengan beberapa parameter, seperti Na, Ne, He untuk menentukan tinggi rendahnya keragaman (Zedta, dkk., 2018).
b. PAST merupakan *software* dengan banyak fitur untuk berbagai analisis, salah satunya digunakan untuk menganalisis hubungan kekerabatan, klasifikasi dan keragaman genetik. Analisis keragaman genetik menggunakan data biner sebagai data input. Dendogram sebagai *output* analisis dapat dibuat melalui koefisien Jaccard dengan algoritma UPGMA *(Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*) (Hammer, dkk., 2001).

2.5 Marka RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*)

Marka molekuler adalah penanda DNA pada genom yang dapat diidentifikasi dan mampu diturunkan pada generasi selanjutnya dengan mengikuti hukum pewarisan sifat (Zulfahmi, 2013). Marka molekuler menjadi alat efektif dalam menganalisis keragaman genetik (Rimbawanto & Widyatmoko, 2006). Marka

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

molekuler merupakan daerah *conserve* karena tidak mudah dipengaruhi oleh faktor lingkungan dan aktivitas genetik (al-Samarai & Abdulkareem, 2015).

Keuntungan menggunakan marka molekuler adalah bersifat konsisten dan tingkat akurasi tinggi (Moulin, dkk., 2012; Zulfahmi, 2013). Penggunaan marka molekuler dapat membantu mengatasi keterbatasan marka morfologi dan memberikan informasi terkait program pemuliaan, seperti analisis keragaman dan pemetaan genetik, identifikasi genotip serta hubungan kekerabatan antar dan interspesies melalui studi filogenetiknya (Weising, dkk., 1995; Zulfahmi, 2013). Kriteria marka molekuler yang baik untuk digunakan penelitian mengenai studi filogenik dan konservasi tanaman yaitu teknik sederhana, biaya terjangkau dan kualitas reproduktivitasnya tinggi (Zulfahmi, 2013).

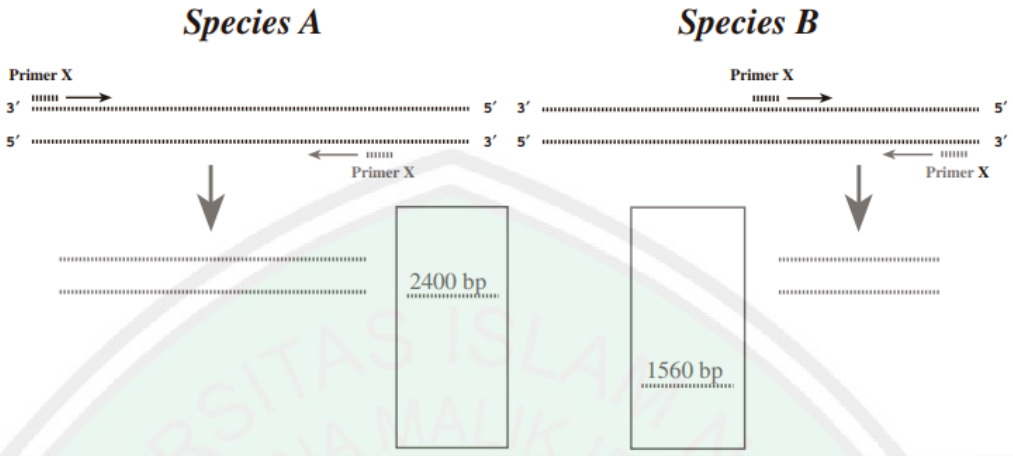
Penggunaan marka molekuler sangat beragam sehingga perlu disesuaikan dengan jenis organisme dan sekuen DNA yang dianalisis (al-Samarai & Abdulkareem, 2015). Penelitian molekuler tanaman yang didasari oleh teknik PCR (*Polymerase Chain Reaction*) bertujuan untuk menggandakan DNA tanaman yang dijadikan sampel penelitian. Kualitas DNA tanaman yang baik dibutuhkan untuk melakukan tahap PCR. Hal ini menjadi syarat mutlak untuk melakukan penelitian molekuler tanaman (Khikmah, dkk., 2018).

RAPD adalah teknik yang didasarkan pada amplifikasi daerah diskrit genom oleh PCR dengan primer oligonukleotida pendek secara acak (Gambar 2.3) (Wang, dkk., 2017; Simpson, 2006). RAPD terdiri dari 10 sekuen basa *arbitrary* dengan kandungan basa G dan C minimal 60% (Agisimanto & Supriyanto, 2007). Keberhasilan RAPD mengamplifikasi daerah gen tertentu dari suatu organisme menggunakan primer spesifik (sekuen oligonukelotida khusus) lebih didasarkan pada kesesuaian primer dan optimasi proses PCR (Latief & Amien, 2014).

Konsentrasi primer acak untuk amplifikasi DNA pada beberapa tanaman bervariasi, bergantung pada jenis primer dan tanaman yang digunakan. Faktor yang dapat mempengaruhi pola pita DNA hasil RAPD yaitu komponen reaksi PCR (konsentrasi primer, konsentrasi DNA *template*, konsentrasi enzim taq *polymerase*, dan jumlah siklus termal) dan suhu siklus PCR (*denaturation* dan *annealing*) (Latief & Amien, 2014). Faktor lainnya yaitu kondisi dNTP

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

(*deoxiribonucleotide triphosphate*), komposisi larutan *buffer* dan kontaminasi (Feranisa, 2016).



Gambar 2.6. Penggunaan primer yang sama pada spesies berbeda menghasilkan DNA amplifikasi dengan panjang berbeda (Simpson, 2006)

RAPD merupakan penanda non-spesifik (Probojati, dkk., 2019). Kelebihan RAPD adalah lebih murah, lebih cepat, membutuhkan sampel DNA dalam jumlah lebih sedikit (0,5-50 ng) dan menghasilkan banyak polimorfisme pita DNA (Gusmiaty, dkk., 2012). Teknik RAPD telah banyak diaplikasikan dalam analisis keragaman genetik tanaman (Minarsih, dkk., 2011), baik antarspesies maupun intraspesies (Langga, dkk., 2012). Teknik ini juga digunakan untuk identifikasi genotip dalam studi taksonomi tumbuhan, melihat perbedaan genetik masing-masing individu serta mengetahui hubungan kekerabatan (Nezhad, dkk., 2010; Randriani, dkk., 2012). Kelemahan dari teknik RAPD yaitu tingkat pengulangan yang rendah, namun hal ini dapat diatasi dengan konsistensi kondisi PCR yang sesuai, terutama suhu primer saat menempel pada DNA *template* (Agisimanto & Supriyanto, 2007).

Keberhasilan primer dalam mengamplifikasi DNA *template* ditentukan oleh homologi sekuen nukleotida primer dengan sekuen nukleotida DNA *template*. Pengaruh lainnya adalah kualitas dan kuantitas DNA, konsentrasi $MgCl_2$, enzim *Taq* DNA polimerase, dan suhu pelekatan primer (Anggraheni & Enung, 2018). Konsentrasi, urutan basa dan kandungan primer pada tiap reaksi berpengaruh terhadap intensitas produk PCR-RAPD (Gusmiaty, dkk., 2012). Konsentrasi primer yang tidak seusai menyebabkan tidak terjadinya amplifikasi. Rasio yang

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

rendah antara primer dengan DNA *template* dapat menyebabkan DNA hasil amplifikasi RAPD tidak konsisten (Khikmah, dkk., 2018).

Proses penempelan primer pada utas DNA yang sudah terbuka memerlukan suhu optimum. Suhu yang terlalu tinggi dapat menyebabkan amplifikasi tidak terjadi atau sebaliknya suhu yang terlalu rendah menyebabkan primer menempel pada sisi lain genom yang bukan sisi homolognya, akibatnya dapat teramplifikasi banyak daerah non-spesifik dalam genom tersebut. Suhu penempelan (*annealing*) ini ditentukan berdasarkan primer yang digunakan yang dipengaruhi oleh panjang dan komposisi primer (Sembiring, dkk., 2015). Pengaturan suhu fase *annealing* perlu dilakukan karena berpengaruh terhadap keberhasilan proses perlekatan primer (Gusmiaty, dkk., 2012).

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

BAB III
METODE PENELITIAN

3.1 Rancangan Penelitian

Penelitian ini merupakan penelitian deksriptif eksploratif kualitatif. Penelitian ini menggunakan 8 spesies *Heliconia* dan 2 spesies *outgroup* dari Famili Strelitziaceae koleksi Kebun Raya Purwodadi untuk mengetahui keragaman genetik spesies *Heliconia* koleksi Kebun Raya Purwodadi berdasarkan marka morfologi dan marka molekuler RAPD.

3.2 Waktu dan Tempat

Penelitian ini dilaksanakan pada bulan Desember 2019 - November 2020. Pengamatan morfologi dan pengambilan sampel dilaksanakan di Vak V.D.II koleksi Heliconiaceae dan Strelitziaceae, Kebun Raya Purwodadi, Kabupaten Pasuruan, Provinsi Jawa Timur. Proses analisis molekuler RAPD dilaksanakan 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 DNA, uji kuantitatif, uji kualitatif, amplifikasi PCR dan visualisasi hasil ekstraksi DNA. Alat untuk pengambilan sampel adalah gunting, plastik klip, *silica gel* dan kertas label. Tahap ekstraksi DNA menggunakan beberapa alat yaitu neraca analitik, mortar dan alu, mikropipet 0,5-1000 µl, *white tip*, *yellow tip*, *blue tip*, tube 2 ml, *freezer* dan *waterbath*. Tahap uji kualittatif menggunakan beberapa alat yaitu neraca analitik, gelas ukur 25 ml, erlenmeyer 100 ml, perangkat elektroforesis (BioRAD), Gel Doc/UV *transiluminator* (BioRAD), mikropipet 0,5-10 µl dan mikrotube 0.2 ml. Tahap uji kuantitatif menggunakan beberapa alat yaitu mikropipet 0,5 – 10 µl, *white tip* dan AE-Nano 200 *Nucleic Acid Analyze versi* 2,0 (Thermo Scientific, California, USA) .

Alat yang digunakan dalam amplifikasi dan visualisasi hasil PCR yaitu mikropipet 0,5 µl, mikrotube 0,5 ml, *white tip*, spindown dan *thermal cycler* (BioRAD). Alat yang digunakan pada tahap visualisasi hasil PCR yaitu neraca analitik, gelas ukur 25 ml, erlenmeyer 100 ml, mikropipet 0,5-10 µl, *white tip*, perangkat elektoforesis (BioRAD), dan Gel Doc/UV *transiluminator* (BioRAD).

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

3.3.2 Bahan

Bahan yang digunakan dalam penelitian ini adalah daun 8 spesies *Heliconia* sebagai *ingroup* dan 2 spesies *outgroup* dari Famili Strelitziaceae koleksi Kebun Raya Purwodadi (Tabel 3.1). Bahan ekstraksi sampel menggunakan *Wizard® Genomic DNA Purification Kit.* Bahan elektroforesis adalah agarose, *Ethidium bromide (Etbr)*, buffer TBE $\frac{1}{2}$ x (*Tris Boric EDTA*), *loading dye*, *nuclease-free water*, DreamTaq Green PCR Master Mix (Gene Direx), DNA ladder 100 bp dan 20 primer RAPD (Tabel 3.2).

Tabel 3.1. Nama sampel yang digunakan

No.	Kode Sampel	Nama Spesies	Subgen	Asal Daerah	Keterangan
1.	H1	*H. bihai* (L.) L.	*Heliconia*	East Java	*Ingroup*
2.	H2	*H. wagneriana* Petersen	*Heliconia*	East Java	*Ingroup*
3.	H3	*H. collinsiana* Griggs	*Griggsia* L. Anderss	Guatemala	*Ingroup*
4.	H4	*H. chartacea* Lane ex Barreiros	*Griggsia* L. Anderss	Brazil	*Ingroup*
5.	H5	*H. rostrata* Ruiz & Pav.	*Griggsia* L. Anderss	Trop. America	*Ingroup*
6.	H6	*H. metallica* Planch. & Linden ex Hook.	*Stenochlamys* Baker	Brazil, Venezuela	*Ingroup*
7.	H7	*H. hirsuta* L. f	*Stenochlamys* Baker	Seram Island, Mollucas	*Ingroup*
8.	H8	*H. psittacorum* L.f.	*Stenochlamys* Baker	Malagasy	*Ingroup*
9.	S1	*Ravenala madagascariensis* Sonn.	-	Malagasy	*Outgroup*
10.	S2	*Phenakospermum guyannense* (A.Rich.) Endl. ex Miq.	-	Brazil	*Outgroup*

(Hapsari, dkk., 2019)

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

Tabel 3.2. Primer RAPD yang digunakan

Primer	Sequence (5'-3')	TM (^{o}C)	TA (^{o}C)	Komposisi GC (%)
OPA-1	CAG GCC CTT C	36,4	41	70
OPA-2	TGC CGA GCT G	40,7	45	70
OPA-3	AGT CAG CCA C	34,3	39	60
OPA-4	AAT CGG GCT G	35,1	40	60
OPA-5	GAA ACG GGTG	32,6	37	60
OPA-6	GGT CCC TGAC	35,2	40	60
OPA-7	GAA ACG GGT G	33,2	38	60
OPA-8	GTG ACG TAG G	31,1	36	60
OPA-9	GGG TAA CGC C	37,4	42	70
OPA-10	GTG ATC GCA G	33,1	38	60
OPA-11	CAA TCG CCG T	36,7	41	60
OPA-12	TCG GCG ATA G	34,0	39	60
OPA-13	CAG CAC CCA C	37,7	42	70
OPA-14	TCT GTG CTGG	34,3	39	60
OPA-15	TTC CGA ACC C	34,2	39	60
OPA-16	AGC CAG CGA A	38,3	43	60
OPA-17	GAC CGC TTG T	35,7	40	60
OPA-18	AGG TGA CCG T	36,2	41	60
OPA-19	CAA ACG TCG G	34,2	39	60
OPA-20	GTT GCG ATC C	33,5	38	60

(Probojati, dkk., 2019)

3.4 Prosedur Penelitian

3.4.1 Karakter Morfologi

Pengamatan karakter morfologi dilakukan dengan menggunakan modifikasi deskriptor untuk *Heliconia* sp. (Guimaraes, dkk., 2014). Pengamatan dilakukan terhadap 34 karakter terpilih (karakter kualitatif) yaitu organ vegetatif (*pseudostem, leaf, petiole* dan *ligule*) dan generatif (*inflorescence, peduncle, rachis* dan *bract*) (*Lampiran 1*) (Hapsari, dkk., 2019).

3.4.2 Karakter Molekuler

3.4.2.1 Pengambilan Sampel

Sampel yang digunakan dalam penelitian ini diambil dari daun muda yang masih dalam keadaan menggulung (Tabel 3.1). Daun 10 sampel tersebut kemudian dimasukkan ke dalam plastik klip yang sudah diisi *silica gel* agar sampel yang didapatkan tidak mudah rusak dan bertahan lebih lama.

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

3.4.2.2 Ekstraksi dan Isolasi DNA

Isolasi DNA dilakukan dengan menggunakan *Wizard® Genomic DNA Purification Kit Promega*. Tahapan yang dilakukan adalah daun digerus menggunakan nitrogen cair dengan mortar dan alu hingga berbentuk serbuk. Serbuk daun diambil sebanyak 40 mg dan dimasukkan ke dalam tube 1,5 mL dan ditambahkan 600 mL larutan *Nuclei Lysis* kemudian divortex selama 1-5 detik. Suspensi yang terbentuk kemudian diinkubasi selama 15 menit pada suhu 65^{o}C. Tahapan selanjutnya adalah ditambahkan 3 µL larutan RNase ke dalam suspensi, dilanjutkan dengan menutup tube dan membolak-baliknya sebanyak 2-5 kali bertujuan agar suspensi tercampur rata. Suspensi diinkubasi kembali selama 15 menit pada suhu 37^{o}C, kemudian didiamkan selama 5 menit dalam suhu ruang.

Tahap presipitasi protein pada suspensi DNA dilakukan dengan cara menambahkan 200 µL *Protein Precipitation Solution* dalam tube dan divortex selama 20 detik. Kemudian disentrifuge suspensi DNA tersebut dengan kecepatan berkisar 13.000-16.000 rpm selama 3 menit yang bertujuan untuk memisahkan molekul berdasarkan beratnya. Selanjutnya diambil supernatannya dalam tube dan dipindahkan ke tube baru berukuran 1,5 µL dan ditambahkan 600 µL Isopropanol. Campuran antara DNA dan Isopropanol dihomogenkan dengan cara membolak-balikkan tube secara perlahan. Kemudian campuran tersebut disentrifuge selama 1 menit dalam suhu ruang dengan kecepatan 13.000-16.000 rpm.

Tahap selanjutnya yaitu purifikasi DNA dimana campuran antara DNA dan Isopropanol yang telah disentrifugasi dibuang supernatannya, kemudian bagian pelletnya ditambahkan 600 µL ethanol 70% (suhu ruang). Tube yang berisi larutan tersebut dibolak-balikkan perlahan beberapa kali bertujuan untuk mencuci DNA sampel. Kemudian larutan disentrifuge selama 1 menit dengan kecepatan 13.000-16.000 rpm pada suhu ruang. Langkah berikutnya bagian supernatan diambil menggunakan mikropipet dan dibuang (pada tahap ini perlu dilakukan secara hati-hati karena pellet DNA mudah lepas dari tube). Pellet yang telah bersih dari supernatan dikering-anginkan selama 15 menit kemudian ditambahkan DNA *Rehydration Solution* sebanyak 100 µL lalu dihomogenkan dengan cara mengetuk tube 1-5 kali. Tahapan isolasi DNA yang terakhir yaitu larutan DNA

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

diinkubasi selama 1 jam pada suhu 65 ^{o}C, kemudian disimpan dalam lemari pendingin pada suhu 4 ^{o}C agar dapat digunakan dalam kurun waktu yang lama.

3.4.2.3 Uji Kuantitatif dan Kualitatif DNA

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

Uji kualitatif DNA hasil isolasi dilakukan dengan elektroforesis gel agarose 1% (200 mg agarose dalam 20 mL TBE $^{1}/_{2}$ x) yang telah ditambah 1 µg/ml *Ethidium bromide (Etbr).* Proses elektroforesis dilakukan dengan tegangan 70 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 100 bp (Thermo Scientific, California, USA).

3.4.2.4 Amplifikasi PCR dan Visualisasi DNA

Proses amplifikasi PCR dilakukan dengan membuat larutan pada tube PCR dengan komponen sebanyak 10 µL (volume total) yang terdiri dari 1 µL (25 ng) sampel DNA, 1 µL (10 pmol) primer, 3 µL *nuclease-free water* dan 5 µL DreamTaq DNA polymerase; 2x DreamTaq Green Buffer; 0,4 mM dNTPs dan 4 mM $MgCl_2$. Protocol siklus termal yang digunakan berdasarkan Marouelli (2010) yaitu 40 siklus denaturasi pada suhu 92^{o}C selama 1 menit, kemudian diikuti *annealing* suhu sesuai tabel primer RAPD (Tabel 3.2), ekstensi pada suhu 72°C selama 2 menit dan post ekstensi pada 72°C selama 7 menit. Keberhasilan amplifikasi dapat dikonfirmasi menggunakan elektroforesis dengan komposisi gel agarose 1% dalam buffer TBE ½ x, ditambah 1 µg/ml *Ethidium bromide* (Etbr) dan divisualisasi di bawah UV pada Gel Doc/UV *transiluminator* (BioRAD) dengan marker 100 bp DNA ladder.

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

3.5 Analisis Data

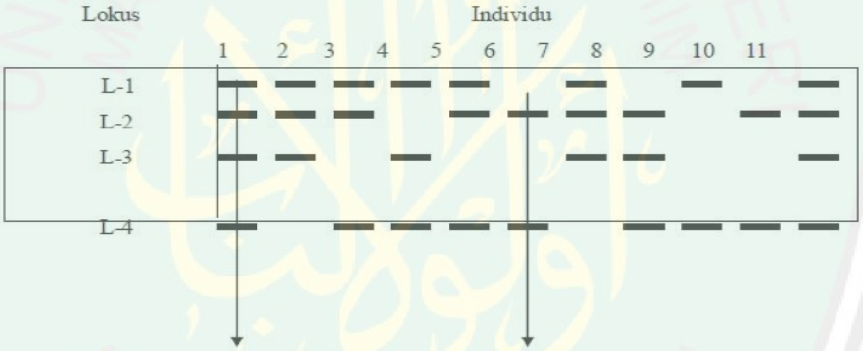
3.5.1 Skoring Data

3.5.1.1 Marka Morfologi

Pemberian nilai (skoring) pada data karakter morfologi yang digunakan pada penelitian ini dilakukan dengan memberi skor 1 (karakter yang muncul) dan 0 (karakter tidak muncul). Tidak ada pembobotan dalam pemberian skor. Data karakter morfologi dianalisis melalui *software* PAST v.3.0 (*Paleontological Statistics*).

3.5.1.2 Marka Molekuler

Pemberian nilai pada pita DNA hasil amplifikasi bertujuan untuk memperkirakan tingkat polimorfisme. Pemberian nilai dilakukan dengan memberikan skor "1" jika pita DNA muncul dan nilai "0" jika pita DNA tidak muncul (Gambar 3.1) (Marouelli, dkk., 2010; Isaza, dkk., 2012; Yunanto, 2006).



Lokus	Individu										
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11
L-1	1	1	1	1	1	0	1	0	1	0	1
L-2	1	1	1	0	1	1	1	1	0	1	1
L-3	1	1	0	1	0	0	1	1	0	0	1
L-4	1	0	1	1	1	1	0	1	1	1	1

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 RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*) yang paling informatif diketahui dari beberapa parameter, yaitu *Polymorphic Information Content* (PIC), *Marker Indeks* (MI), *Resolving Power* (RP) dan *Effective Multiplex Ratio* (EMR) (Laurentin dan Karlovsky, 2007).

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

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, dkk., 2000):

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

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 (Medhi, dkk., 2014):

$$EMR = \mathrm{np}(\tfrac{\mathrm{np}}{\mathrm{n}}) \quad (2)$$

Keterangan:

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

np = jumlah pita DNA polimorfik

Marker Indeks (MI) merupakan salah satu parameter yang digunakan untuk mengetahui indeks suatu primer dalam menghasilkan pita DNA polimorfik. Nilai MI dapat diperoleh dengan menggunakan rumus MI = PIC × EMR (Varshney, dkk., 2007). *Resolving Power* (RP) pada tiap primer dapat dihitung menggunakan rumus RP = ΣIb. Ib menunjukkan informasi pita DNA yang diwakilkan dengan skala antara 0-1. Ib didapatkan dari rumus: Ib = 1- [2 × (0,5 - P)], dengan P adalah nilai proporsi dari 10 genotipe yang mengandung pita DNA (McGregor, dkk., 2000). *Resolving power* bertujuan untuk menunjukkan kemampuan primer paling informatif dalam membedakan pita DNA antar genotipe (Prevost & Wilkinson, 1999).

3.5.3 Analisis Keragaman Genetik dan Pengelompokan

Keragaman genetik dianalisis berdasarkan data biner dengan parameter jumlah alel yang diamati (Na), jumlah alel efektif per lokus (Ne), heterozigositas harapan (He) dan keragaman genotipik berdasarkan indeks *Shannon's information*

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

index (I) menggunakan *software* GenAlEx (*Genetic Analysis in Excel*) (Tanavar, dkk., 2014). Nilai Ne diperoleh menggunakan rumus Ne = 1/(1 – h) = 1/∑pi2, dimana pi = frekuensi alel ke-i dalam lokus; h = 1-∑pi2 = heterozigositas dalam lokus. Nilai He diperoleh dengan rumus : He = 2*p*q, dimana untuk data diploid biner dan dengan asumsi Hardy-Weinberg Equilibrium, q = (1 - Band Freq.) ^ 0,5 dan p = 1 – q (Nei, 1978).

Analisis pengelompokan diolah melalui algoritma UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*) indeks similaritas Jaccard pada *software* PAST v.3.0 (Jaccard, 1991) :

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

Keterangan:

Sjac = indeks similaritas Jaccard

Pi = skor 1 (muncul pita DNA)

Qi = skor 0 (tidak muncul pita DNA)

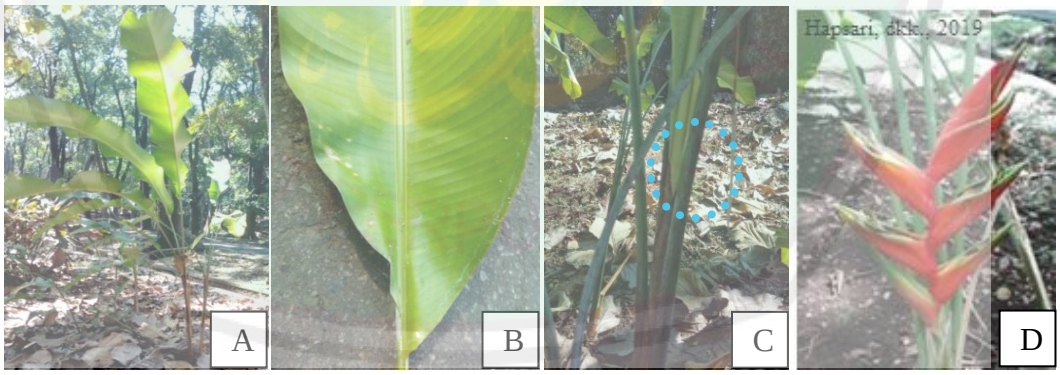
Analisis *multivariate* yaitu analisis koordinat utama dilakukan untuk menentukan zona pengelompokan spesies *Heliconia* dan *outgroup*. Analisis koordinat utama dilakukan dengan menggunakan *multivariate-ordination*-PcoA (*Principal Coordinates Analysis*) pada *software* PAST v.3.0 (Hammer, dkk., 2001).

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

BAB IV
HASIL DAN PEMBAHASAN

4.1 Karakterisasi Spesies *Heliconia* Berdasarkan Marka Morfologi

Delapan spesies *Heliconia* koleksi Kebun Raya Purwodadi memiliki variasi morfologi, baik pada organ vegetatif dan organ generatif (*Lampiran 1*). Delapan spesies *Heliconia* terbagi dalam 3 subgenus dan tiap subgenus memiliki karakter seragam yang disebut karakter sinapomorfi. Karakter sinapomorfi merupakan karakter atau sifat yang diwariskan dan dikembangkan oleh kelompok takson tertentu (Simpson, 2006). Karakter sinapomorfi hanya dimiliki oleh dua atau lebih takson keturunan (Arbi, 2016). Spesies *Heliconia* anggota subgenus *Heliconia*, yaitu *H. bihai* dan *H. wagneriana* memiliki 21 karakter sinapomorfi yaitu sifat tumbuh bertipe Musoid, *pseudostem* berwarna hijau, berlilin dengan bintik berwarna cokelat, bentuk pangkal helai daun *oblique*, warna helaian bawah daun hijau pucat, kedua permukaan helai daun tidak berlilin, helai daun tidak ada robekan, tangkai daun berwarna hijau, susunannya tidak menyerupai kipas dan bertekstur gundul (*glabrous*), ligula berwarna hijau dengan bintik berwarna cokelat, tipe perbungaan tegak, tekstur tangkai bunga (*peduncle*) dan ibu tangkai bunga (*rachis*) gundul serta braktea berbentuk *deeply boat-shaped*, susunannya berseling dan tampilannya padat (*compact*) (Gambar 4.1; *Lampiran 1*).

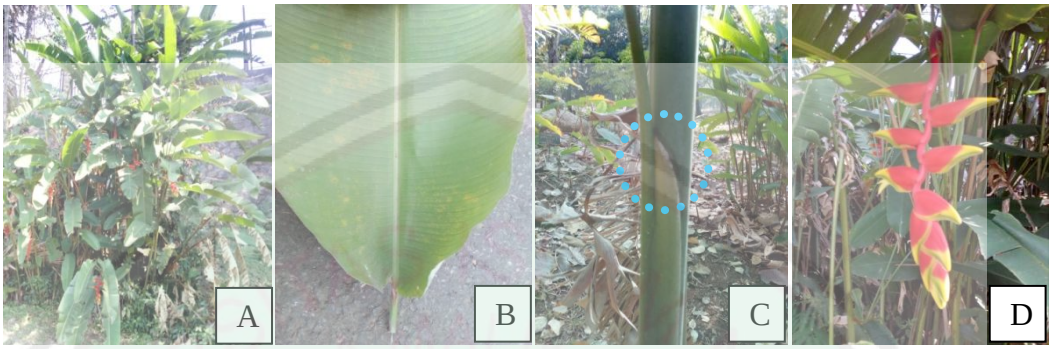


Gambar 4.1. Karakter sinapomorfi subgenus *Heliconia*. a) Sifat tumbuh Musoid, b) bentuk pangkal helai daun *oblique*, c) warna ligula hijau, d) tipe perbungaan tegak (*erect*)

Spesies *Heliconia* dari subgenus *Griggsia*, yaitu *H. chartacea*, *H. collinsiana* dan *H. rostrata* memiliki 15 karakter sinapomorfi yaitu sifat tumbuh bertipe Musoid, *pseudostem* berwarna hijau, berlilin dengan bintik kecil berwarna cokelat, bentuk pangkal helai daun *rounded*, bentuk ujung helai daun *acuminate*,

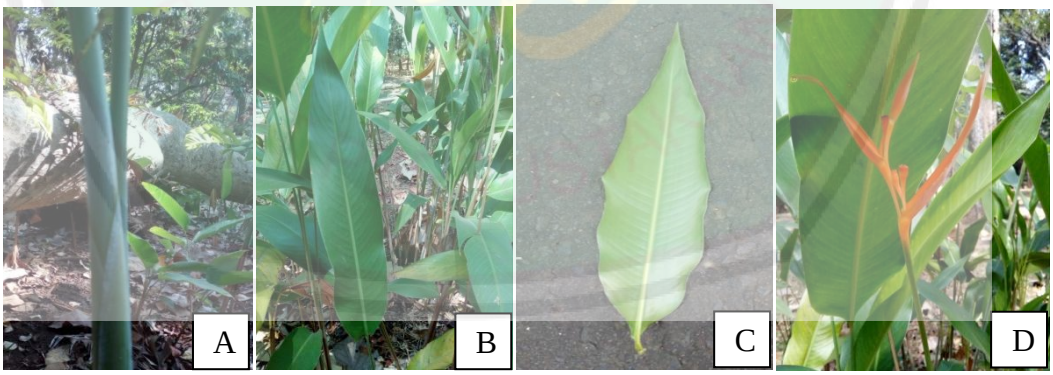
CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

warna helaian bawah daun hijau pucat, bagian atas permukaan daun mengkilat dan tidak berlilin, helai daun terdapat robekan, warna tangkai daun hijau dan susunannya tidak menyerupai kipas, warna ligula hijau serta tipe perbungaan menjuntai (Gambar 4.2; *Lampiran 1*).



Gambar 4.2. Karakter sinapomorfi subgenus *Griggsia*. a) Sifat tumbuh Musoid, b) bentuk pangkal helai daun *rounded*, c) warna ligula hijau, d) tipe perbungaan menjuntai (*pendent*)

Spesies *Heliconia* dari subgenus *Stenochlamys*, yaitu *H. metallica*, *H. hirsuta* dan *H. psittacorum* memiliki 10 karakter sinapomorfi, yaitu *pseudostem* berwarna hijau dan berlilin, helai daun tidak ada robekan, bagian bawah permukaan daun tidak berlilin dan mengkilat, tangkai daun berwarna hijau dan susunannya tidak menyerupai kipas, tipe perbungaan tegak, susunan braktea berseling dan bentuk braktea *shallow and narrow boat-shaped* (Gambar 4.3; *Lampiran 1*).

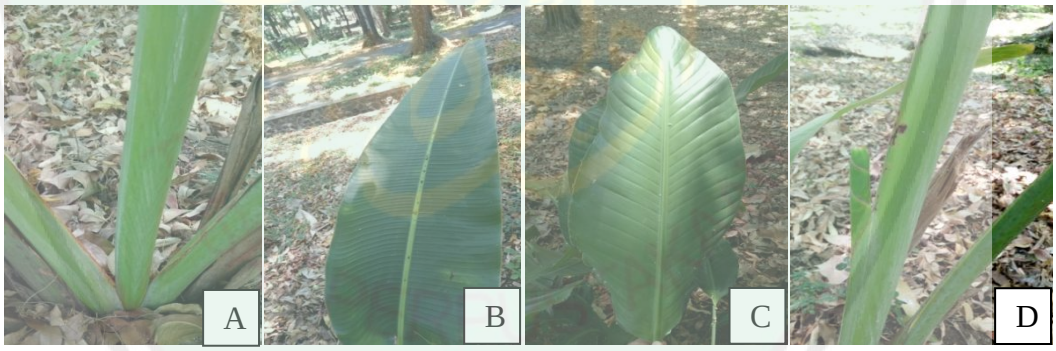


Gambar 4.3. Karakter sinapomorfi subgenus *Stenochlamys*. a) warna *pseudostem* hijau dan berlilin, b) helai daun tidak ada robekan c) bagian bawah helai daun tidak berlilin dan mengkilat, d) tipe perbungaan tegak (*erect*)

Data morfologi spesies *outgroup* yang digunakan dalam penelitian ini yaitu *R. madagascariensis* dan *P. guyannense* juga menunjukkan adanya karakter

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

sinapomorfi. Spesies *outgroup* memiliki 29 karakter sinapomorfi, diantaranya sifat tumbuh bertipe Musoid *and Palm-like* (*pseudostem*nya tebal, tidak bercabang, seperti pohon palem; helaian daun lebar seperti daun pisang), *pseudostem* berwarna hijau pucat, tidak berbintik dan tidak berlilin, warna helaian atas daun hijau gelap, sedangkan bagian bawah berwarna hijau dan bentuk helai daun *oblong*, bentuk pangkal daun *cordate*, bentuk ujung daun *rounded*, kedua permukaan daun tidak berlilin dan mengkilat, tangkai daun memiliki susunan seperti kipas dan bertekstur gundul, warna ligula hijau muda, tipe perbungaan tegak, tangkai bunga dan *rachis* bertekstur gundul, braktea berbentuk *stiff-boat shaped*, tampilan tidak padat (*lax*) dan susunannya berseling, braktea bagian *base* dan *tip* berwarna hijau muda, bagian *cheek* dan *keel* berwarna hijau serta permukaan braktea berlilin (Gambar 4.4). Hal ini sesuai dengan pernyataan Handique (2017) bahwa *Ravenala madagascariensis* merupakan tanaman herba dengan helai daun berkilau (*glossy*), tangkai daun *glabrous* dengan warna braktea hijau kekuningan. Kress & Donald (1993) menyatakan bahwa *Phenakospermum guyannense* merupakan tanaman dengan *pseudostem* seperti palem, daun berwarna hijau, perbungaan tegak dengan susunan braktea *distichous*.



Gambar 4.4. Karakter sinapomorfi spesies *outgroup*. a) warna *pseudostem* hijau pucat, tidak berbintik dan tidak berlilin, b) helai daun bagian atas berwarna hijau gelap c) helai daun tidak berlilin dan mengkilat d) ligula berwarna hijau muda

Analisis keragaman genetik menghasilkan keragaman genetik populasi antar individu bervariasi. Keragaman genetik 124 lokus memiliki persentase lokus polimorfik sebesar 100%. Nilai heterozigositas (He) berkisar antara 0,097-0,495 dengan rata-rata sebesar 0,221 (Tabel 4.1; *Lampiran 4*). Hal itu menunjukkan 10 sampel yang digunakan memiliki keragaman genetik tinggi. Menurut Irsyad

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

(2020), nilai He >0,2 termasuk dalam kategori tinggi. Nilai keragaman genetik suatu populasi dikatakan tinggi jika nilai P% dan He juga tinggi.

Tabel 4.1. Keragaman genetik populasi 10 sampel yang digunakan berdasarkan marka morfologi

N	Na	Ne	JLP	PLP	I	He
10.000	2.000	1.339	124	100%	0.362	0.221

Keterangan : N (jumlah sampel), Na (jumlah alel yang diamati), Ne (jumlah alel efektif), JLP (jumlah lokus polimorfik), PLP (persentase lokus polimorfik), I (indeks Shannon), He (Heterozigositas harapan)

Nilai koefisien similaritas Jaccard pada 10 sampel yang digunakan berdasarkan karakter morfologi berkisar antara 0,11-0,74 (Tabel 4.2). Nilai koefisien similaritas tertinggi yakni sebesar 0,74 terdapat pada 2 spesies *outgroup* yaitu *R. madagascariensis* dan *P. guyannense* dengan 29 karakter yang sama. Hal itu menunjukkan bahwa hubungan kekerabatan kedua spesies dekat. Nilai koefisien terendah sebesar 0,11 ditemukan pada spesies *H. rostrata* dan *R. madagascariensis* dengan 11 karakter yang sama. Nilai koefisien terendah sebesar 0,11 juga terdapat pada spesies *H. rostrata* dan *P. guyannense* dengan 12 karakter yang sama (Tabel 4.2). Hal itu menunjukkan bahwa antara spesies *H. rostrata* dengan kedua spesies *outgroup* yaitu *R. madagascariensis* dan *P. guyannense* memiliki hubungan kekerabatan yang jauh. Hubungan kekerabatan semakin jauh apabila nilai koefisien similaritas semakin kecil (mendekati 0) dan sebaliknya, hubungan kekerabatan semakin dekat apabila nilai koefisien similaritas semakin besar (mendekati 1) (Wijayanto, dkk., 2013).

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

Tabel 4.2. Nilai koefisien similaritas karakter morfologi 10 sampel menggunakan indeks Jaccard

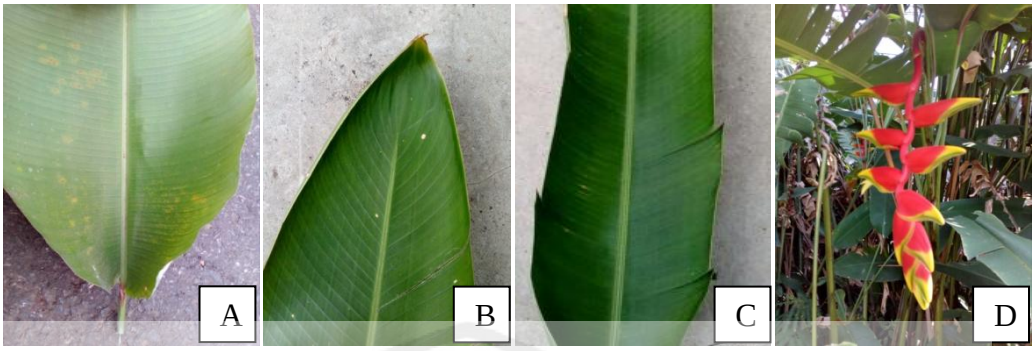
	H1	H2	H3	H4	H5	H6	H7	H8	S1	S2
H. bihai	1									
H. wagneriana	0.42	1								
H. collinsiana	0.24	0.26	1							
H. chartacea	0.26	0.33	0.45	1						
H. rostrata	0.28	0.33	0.31	0.33	1					
H. metallica	0.19	0.31	0.15	0.24	0.19	1				
H. hirsuta	0.31	0.36	0.31	0.26	0.33	0.24	1			
H. psittacorum	0.39	0.39	0.24	0.31	0.24	0.28	0.33	1		
R. madagascariensis	0.17	0.21	0.13	0.17	**0.11**	0.19	0.19	0.19	1	
P. guyannense	0.21	0.28	0.13	0.17	**0.11**	0.24	0.21	0.26	**0.74**	1

Keterangan : H1 (*Heliconia bihai*), H2 (*Heliconia wagneriana*), H3 (*Heliconia collinsiana*), H4 (*Heliconia chartacea*), H5 (*Heliconia rostrata*), H6 (*Heliconia metallica*), H7 (*Heliconia hirsuta*), H8 (*Heliconia psittacorum*), S1 (*R. madagascariensis*), S2 (*P. guyannense*)

Berdasarkan karakter morfologi, seluruh sampel terbagi ke dalam 3 *cluster* (Gambar 4.9). *Cluster* 1 terdiri dari 3 spesies *Heliconia* yaitu *H. chartacea* (H4), *H. collinsiana* (H3) dan *H. rostrata* (H5) dengan nilai similaritas berkisar antara 0,31-0,45. *Cluster* 2 terdiri dari 4 spesies *Heliconia* yaitu *H. bihai* (H1), *H. wagneriana* (H2), *H. psittacorum* (H8) dan *H. hirsuta* (H7) dengan nilai similaritas berkisar antara 0,31-0,42. *Cluster* 3 terdiri dari 2 spesies *outgroup* yaitu *R. madagascariensis* (S1) dan *P. guyannense* (S2) dengan nilai similaritas 0,74. Spesies *H. metallica* (H6) terpisah dari kelompok (subgenus *Stenochlamys*) dengan nilai similaritas sebesar 0,24 (Tabel 4.2).

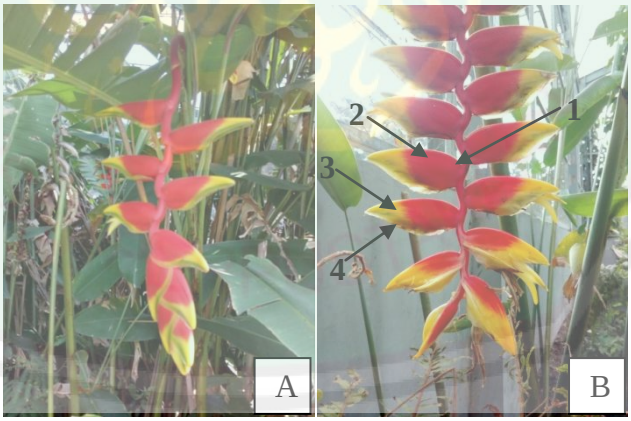
Pengelompokan spesies *Heliconia* berdasarkan subgenusnya dan spesies *outgroup* berdasarkan familinya dalam satu kelompok disebabkan adanya karakter yang sama dan karakter khusus yang tidak terdapat pada spesies lain. Pada *cluster* 1, spesies *H. chartacea*, *H. collinsiana* dan *H.rostrata* mengelompok sesuai subgenusnya, yaitu subgenus *Griggsia* (Gambar 4.9). Ketiga spesies tersebut memiliki 15 karakter seragam dan memiliki ciri khusus yang tidak terdapat pada subgenus lain, yaitu bintik *pseudostem* kecil, pangkal daun *rounded*, ujung daun *acuminate*, helai daun ada robekan dan tipe perbungaan menjuntai (Gambar 4.5).

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG



Gambar 4.5. Karakter sinapomorfi dan ciri khusus subgenus *Griggsia*. a) pangkal daun *rounded*, b) ujung daun *acuminate*, c) helai daun ada robekan, d) tipe perbungaan menjuntai (*pendent*)

Spesies *H. rostrata* juga memiliki karakter pembeda jenis dari spesies lainnya yang disebut karakter autapomorfi. Karakter autapomorfi merupakan karakter spesifik yang hanya dimiliki oleh satu takson keturunan (Matzke & Randall, 2018). Karakter autapomorfi pada *H. rostrata* adalah tangkai bunga dan ibu tangkai bunga bertekstur sangat berambut (*very hairy*), bentuk braktea *claw-shaped*; *like a lobster claw*, warna braktea *base* dan *keel* merah, *tip* kuning dan *margin* kuning-hijau muda (Gambar 4.9). Hal itu sesuai dengan pernyataan Hapsari (2019) bahwa subgenus *Griggsia* memiliki karakter kunci yaitu tipe perbungaan *pendent* dengan bentuk braktea *boat-shaped* atau *claw-shaped*.

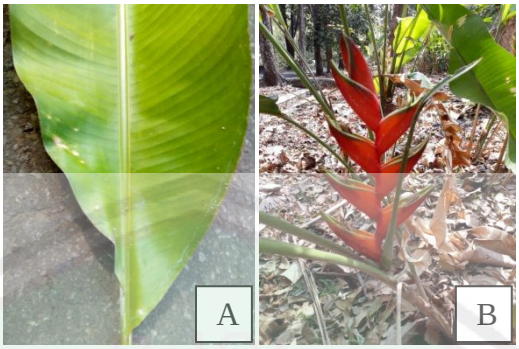


Gambar 4.6. Karakter autapomorfi *H. rostrata*. a) bentuk braktea *claw-shaped*; *like a lobster claw*, b) warna braktea 1. *Base* merah, 2. *Keel* merah, 3.*Tip* kuning, 4. *Margin* kuning-hijau muda

Cluster 2 terdiri dari spesies anggota subgenus *Heliconia* dan *Stenochlamys* (Gambar 4.9). Spesies anggota subgenus *Heliconia* yang mengelompok sesuai subgenusnya adalah spesies *H. bihai* dan *H. wagneriana* dengan 21 karakter seragam dan karakter khusus yang tidak terdapat pada subgenus lain. Karakter

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

khusus tersebut adalah pangkal daun *oblique* dan bentuk braktea *deeply-boat shaped* (Gambar 4.7).



Gambar 4.7. Karakter sinapomorfi dan ciri khusus subgenus *Heliconia*. a) pangkal daun *oblique*, b) bentuk braktea *deeply-boat shaped*

Spesies anggota subgenus *Stenochlamys* pada *cluster* 2 adalah *H. psittacorum* dan *H. hirsuta* (Gambar 4.9). Berdasarkan karakter morfologinya, kedua spesies tersebut memiliki 8 karakter seragam dengan karakter spesies anggota subgenus *Heliconia*. Namun, masing-masing spesies anggota subgenus *Stenochlamys* pada *cluster* 2 memiliki karakter khusus yang tidak terdapat pada spesies lain. Pada spesies *H. psittacorum* terdapat 8 karakter autapomorfi yaitu warna bintik *pseudostem* cokelat kemerah-merahan, ujung daun berbentuk *acute*, warna *rachis* jingga, warna braktea *base*, *cheek* dan *keel* jingga, warna braktea *tip* jingga kekuningan serta braktea *margin* berwarna kuning. Pada spesies *H. hirsuta* memiliki 7 karakter autapomorfi, yaitu sifat tumbuh bertipe Zingiberoid, *rachis* berwarna kuning kehijau-mudaan dengan tekstur berbulu, braktea *base*, *cheek*, *keel* dan *margin* berwarna kuning pucat. Pengelompokan keempat spesies berbeda subgenus dalam satu *cluster* tersebut menunjukkan bahwa karakterisasi berdasarkan marka morfologi dapat memberikan hasil berbeda dengan penelitian sebelumnya. Hal itu disebabkan karakterisasi berdasarkan marka morfologi cenderung bersifat terbatas karena menyesuaikan karakter yang ditemukan saat pengamatan di lapangan (Gusmiati, dkk., 2018).

Spesies *H. metallica* merupakan satu-satunya anggota subgenus *Stenochlamys* yang tidak mengelompok mengikuti pembagian subgenusnya (Gambar 4.9). Spesies tersebut memiliki 11 karakter pembeda jenis, yaitu bintik *pseudostem* berwarna cokelat keunguan, sifat tumbuh bertipe Cannoid, pangkal helai daun

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

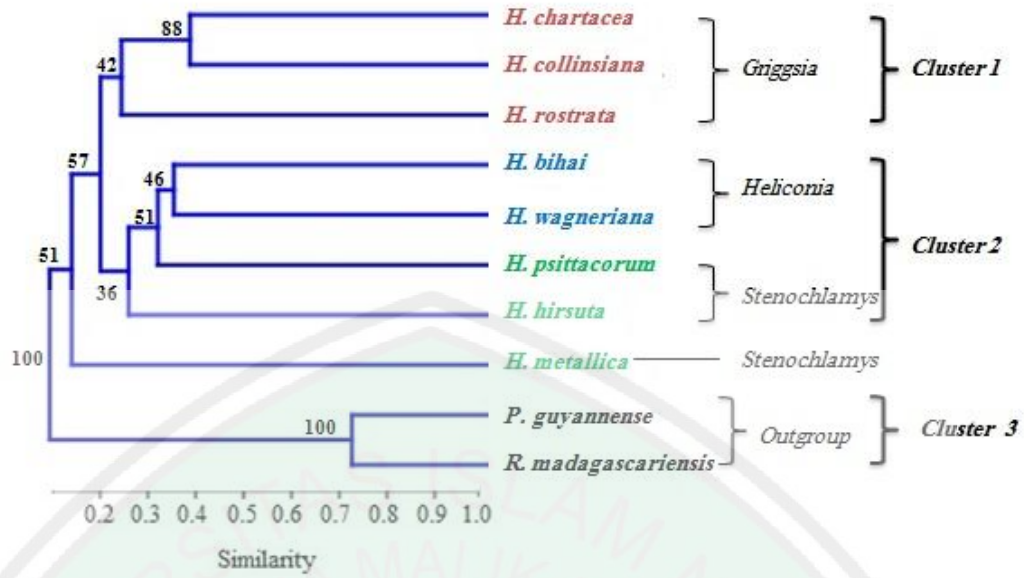
berbentuk *acute*, warna helai daun bagian atas hijau gelap keunguan, sedangkan bagian bawah berwarna hijau muda keunguan, bagian atas helai daun berlilin, warna ligula cokelat dan kering, *peduncle* dan *rachis* berwarna hijau muda, warna braktea *keel* hijau muda, *tip* berwarna krem dan *margin* berwarna cokelat muda (Gambar 4.8).



Gambar 4.8. Karakter autapomorfi spesies *H. metallica*. a) sifat tumbuh tipe Cannoid, b) warna helai daun bagian bawah hijau muda keunguan, c) warna braktea *keel hijau muda*

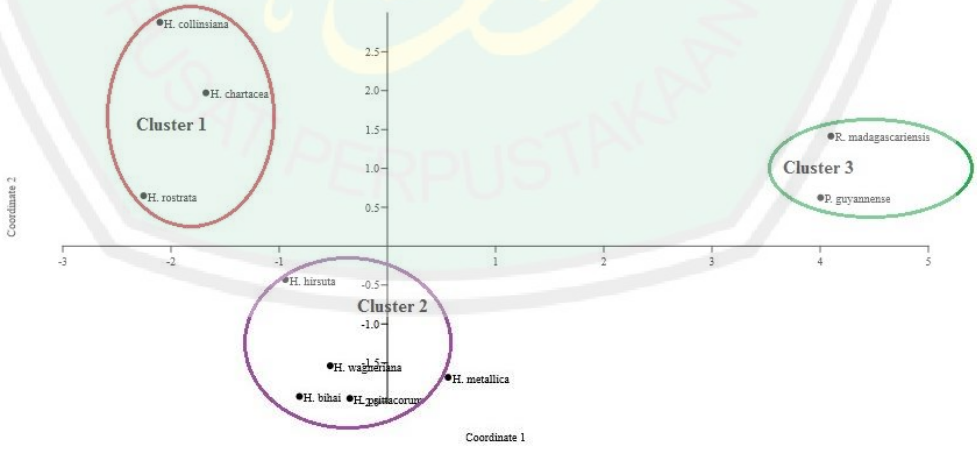
Cluster 3 terdiri dari 2 spesies *outgroup*, yaitu *R. madagascariensis* dan *P. guyannense* membentuk suatu kelompok tersendiri, Famili Strelitziaceae (Gambar 4.9). Kedua spesies *outgroup* memiliki 29 karakter seragam dan karakter khusus yang tidak terdapat pada spesies anggota Famili Heliconiaceae. Karakter khusus pada spesies *outgroup* adalah sifat tumbuh bertipe Musoid *and Palm-like*, *pseudostem* berwarna hijau pucat, tidak berbintik dan tidak berlilin, ujung daun berbentuk *rounded*, susunan *petiole* seperti kipas, warna ligula hijau muda, bentuk braktea *stiff-boat shaped* (Gambar 4.4).

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG



Gambar 4.9. Dendogram spesies *Heliconia* dan *outgroup* berdasarkan marka morfologi

Hasil analisis *clustering* kemudian dikonfirmasi dengan PCoA (*Principal Coordinate Analysis*) untuk memperjelas hasil pengelompokan. Hasil analisis PCoA menunjukkan pengelompokan yang sama dengan dendogram (Gambar 4.10). Hal tersebut menimbulkan dugaan bahwa pada seluruh sampel terdapat diferensiasi genetik yang dapat disebabkan oleh mutasi dan rekombinasi gen (Sembiring, dkk., 2015).



Gambar 4.10. *Scatter plot* hasil analisis PCoA spesies *Heliconia* dan *outgroup* berdasarkan marka morfologi

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

4.2 Karakterisasi Spesies *Heliconia* Berdasarkan Marka Molekuler RAPD

Uji kualitatif hasil isolasi DNA sampel menghasilkan pita DNA dengan ketebalan bervariasi, yaitu tipis hingga tebal (Gambar 4.11). Pita DNA tebal dengan *smear* terdapat pada sampel H5, sedangkan pita DNA tipis dengan *smear* terdapat pada sampel H4 dan H6. Pada sampel H1, H2, H3, H7, H8, S1 dan S2 pendaran pita DNA yang dihasilkan sangat tipis dan tanpa *smear* (Gambar 4.11). Perbedaan ketebalan pita DNA dapat menunjukkan konsentrasi DNA dari tiap sampel. Pita DNA tebal menunjukkan konsentrasi DNA tinggi, sedangkan pita DNA tipis menunjukkan konsentrasi DNA rendah (Tabel 4.3). Perbedaan hasil uji kualitatif dan uji kuantitatif dapat disebabkan oleh ketelitian saat pengerjaan, seperti pada proses *pipetting* dan homogenasi sampel yang memungkinkan DNA sampel menempel pada *tube*.



Gambar 4.11. Visualisasi DNA hasil isolasi. H1 (*H.bihai*), H2 (*H. wagneriana*), H3 (*H. collinsiana*), H4 (*H. chartacea*), H5 (*H. rostrata*), H6 (*H. metallica*), H7 (*H. hirsuta*), H8 (*H. psittacorum*), S1 (*Ravenala madagascariensis*), S2 (*Phenakospermum guyannense*)

Hasil isolasi DNA dalam penelitian ini menunjukkan masih terdapat *smear* (Gambar 4.11). *Smear* pada DNA hasil isolasi menunjukkan adanya kontaminasi, baik RNA, protein maupun kontaminan lainnya, seperti fenol atau etanol dari ekstraksi fenol-kloroform (Armbrecht, 2013). Faktor lain yang dapat memengaruhi hasil visualisasi pita DNA yaitu panjang gelombang dan waktu

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

elektroforesis, reagen yang digunakan serta ketelitian teknik pengerjaan (Lee, dkk., 2012).

Kemurnian DNA hasil isolasi berkisar antara 0,72 sampai 2,73 (Tabel 4.3). Kemurnian terendah (0,72) terdapat pada sampel H3, sedangkan kemurnian tertinggi (2,73) terdapat pada sampel H1 (Tabel 4.3). Tingkat kemurnian DNA dikatakan baik jika nilai rasio *Optical Density* (OD) 260/280 nm antara 1,8-2,0 (Pereira, dkk., 2011). Nilai OD sampel di bawah 1,8 menunjukkan DNA terkontaminasi protein, sedangkan nilai OD sampel di atas 2,0 menunjukkan DNA terkontaminasi RNA (Inglis, dkk., 2015; Pandey & Sushma, 2015).

Sampel H6 (*H. metallica*) memiliki tingkat kemurnian DNA terbaik (OD antara 1,8-2,0) dengan nilai OD sebesar 1,94 (Tabel 4.3). Namun, hasil visualisasi DNA sampel H6 menunjukkan pada pendaran pita DNA yang dihasilkan masih terdapat *smear*. Konsentrasi DNA pada sampel H6 masih tergolong tinggi yaitu sebesar 104,69 ng/µL. Sampel H5 (*H. rostrata*) dengan kemurnian DNA kurang baik (1,24) memiliki konsentrasi DNA tertinggi sebesar 628,01 ng/µL (Tabel 4.3). Hal tersebut menunjukkan bahwa nilai konsentrasi DNA tidak dipengaruhi oleh nilai kemurnian DNA.

Tabel 4.3 Hasil uji kuantitatif DNA *whole genome*

No.	Kode	Nama Sampel	Kemurnian (260/280)	Konsentrasi (ng/µL)
1.	H1	*H. bihai* (L.) L.	**2,73**	**27,06**
2.	H2	*H. wagneriana* Petersen	1,63	29,81
3.	H3	*H. collinsiana* Griggs	**0,72**	261,12
4.	H4	*H. chartacea* Lane ex Barreiros	0,81	134,31
5.	H5	*H. rostrata* Ruiz & Pav.	1,24	**628,01**
6.	H6	*H. metallica* Planch. & Linden ex Hook.	1,94	104,69
7.	H7	*H. hirsuta* L. f	0,85	46,66
8.	H8	*H. psittacorum* L.f.	1,00	43,38
9.	S1	*Ravenala madagascariensis* Sonn.	1,73	50,38
10.	S2	*Phenakospermum guyannense* (A.Rich.) Endl. ex Miq.	1,16	67,78

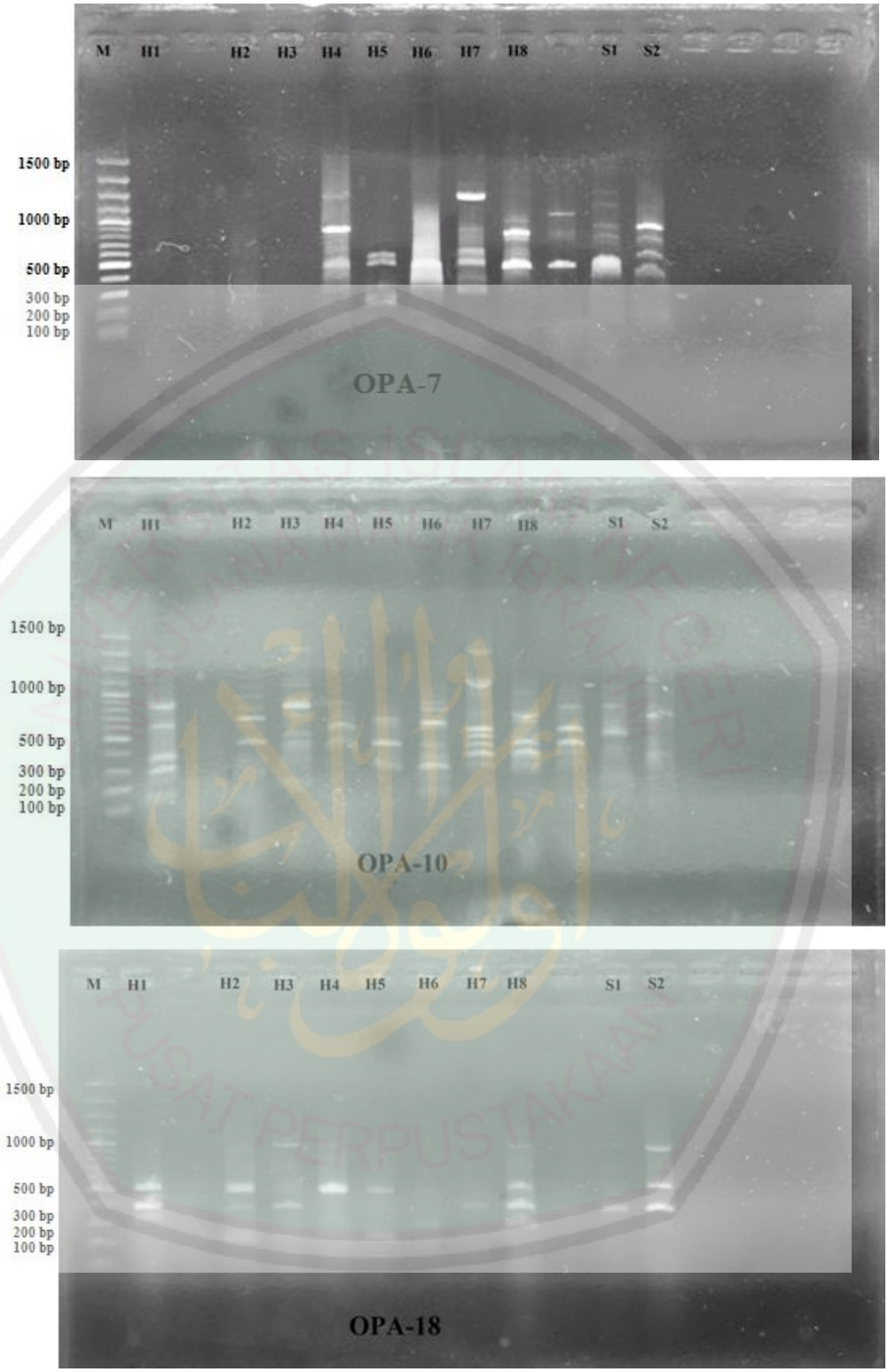
CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

Konsentrasi DNA sampel yang didapatkan telah memenuhi standar minimal kebutuhan RAPD, yaitu 1 µL (25 ng) (Tabel 4.3). Konsentrasi DNA berkisar antara 27,06-628,01 ng/µL. Konsentrasi DNA terendah (27,06 ng/µL) terdapat pada sampel H1, sedangkan konsentrasi DNA tertinggi (628,01 ng/µL) terdapat pada sampel H5. Hal ini sesuai dengan pernyataan Ningsih (2017) bahwa konsentrasi minimal sampel untuk digunakan amplifikasi PCR adalah 25 ng/ µL.

Screening primer dilakukan untuk mengetahui primer yang efektif dalam mengamplifikasi 10 sampel. Hasil *screening* 20 primer menunjukkan terdapat 17 primer yang mampu mengamplifikasi pita polimorfik DNA pada 10 sampel yang digunakan, yaitu OPA-1, OPA-2, OPA-3, OPA-4, OPA-5, OPA-6, OPA-7, OPA-8, OPA-9, OPA-10, OPA-11, OPA-13, OPA-15, OPA-17, OPA-18, OPA-19 dan OPA-20. Panjang pita DNA yang dihasilkan tiap primer berkisar antara 150-1400 bp (Gambar 4.12). Pita yang dihasilkan oleh 17 primer tersebut dapat digunakan untuk analisis keragaman genetik pada 8 spesies *Heliconia* dan 2 spesies *outgroup*. Hal itu disebabkan pita tersebut dapat terlihat jelas sehingga memudahkan proses skoring (Gambar 4.12).

Amplifikasi PCR RAPD dalam penelitian ini tidak menghasilkan pita monomorfik. Pita DNA yang terbentuk hanya pita polimorfik. Pita polimorfik merupakan pita yang hanya terbentuk pada beberapa sampel. Hal itu menunjukkan adanya keragaman genetik pada 10 sampel sehingga dapat menjadi indikator dalam mengelompokkan spesies *Heliconia* berdasarkan subgenus dan spesies *outgroup* berdasarkan familinya. Pita yang tidak muncul pada tiap primer dapat disebabkan oleh ketidaksesuaian antara informasi genetik sampel dengan informasi sekuen primer. Penyebab lainnya adalah berat molekul DNA sangat besar sehingga pita tidak dapat muncul (Shenghe, dkk., 2016).

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG



Gambar 4.12. Pita DNA hasil amplifikasi RAPD. H1 (*H. bihai*), H2 (*H. wagneriana*), H3 (*H. collinsiana*), H4 (*H. chartacea*), H5 (*H. rostrata*), H6 (*H. metallica*), H7 (*H. hirsuta*), H8 (*H. psittacorum*), S1 (*R. madagascariensis*), S2 (*P. guyannense*)

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

Total number of bands (TNB) yang terbentuk dari 17 primer adalah 97 *band* (Tabel 4.4) dengan ukuran bervariasi antara 150-1400 bp (Gambar 4.8). Total pita yang terbentuk paling banyak terdapat pada primer OPA-10 sebanyak 13 pita (Tabel 4.4; Gambar 4.12). Menurut Frianto (2018), keragaman genetik yang tinggi pada suatu organisme dapat diketahui dari banyaknya pita DNA polimorfik yang dihasilkan.

Persentase *polymorphic bands* (PB) dari keseluruhan primer adalah 100% sehingga diperoleh rata-rata persentase PB sebesar 100%. Hal itu menunjukkan bahwa ke 17 primer tersebut tepat digunakan sebagai penanda untuk mendeteksi keragaman genetik pada spesies *Heliconia* dan spesies *outgroup*. Menurut Frianto (2018), tingkat polimorfisme dikatakan tinggi jika persentase polimorfisme >50%.

Nilai PIC (*Polymorphic Information Content*) yang diperoleh pada penelitian ini berkisar antara 0,20-0,50 dengan rata-rata 0,372 (Tabel 4.4). Nilai PIC terendah (0,20) terdapat pada primer OPA-9, sedangkan nilai PIC tertinggi (0,50) terdapat pada primer OPA-18 (Tabel 4.4). PIC merupakan informasi untuk mendeteksi primer yang mampu menghasilkan pita polimorfik. Nilai PIC berkisar antara 0-0,5, semakin tinggi nilai PIC maka semakin baik primer tersebut digunakan untuk mengetahui adanya variasi genetik (Roldan-Ruiz, dkk., 2000).

Nilai EMR (*Effective Multiplex Ratio*) dari DNA hasil amplifikasi berkisar antara 1-169 dengan rata-rata sebesar 40,41. Nilai EMR terendah (1) terdapat pada primer OPA-2 DAN OPA-13, sedangkan nilai EMR tertinggi (169) terdapat pada primer OPA-10 (Tabel 4.4). Analisis EMR dilakukan untuk mengetahui rasio efektif dari keseluruhan jumlah pita DNA yang terbentuk pada setiap primer dan jumlah pita DNA polimorfik (Medhi, dkk., 2014).

Nilai MI (*Marker Index*) pada tiap primer berkisar antara 0,32-76,05 dengan rata-rata sebesar 15,76 (Tabel 4.4). Nilai MI terendah (0,32) terdapat pada primer OPA-2, sedangkan nilai MI tertinggi (76,05) terdapat pada primer OPA-10. Nilai MI dapat dipengaruhi oleh jumlah total pita yang terbentuk pada tiap primer. Nilai MI berfungsi untuk mengetahui primer yang informatif dalam menghasilkan pita DNA polimorfik (Medhi, dkk., 2014).

Nilai RP (*Resolving Power*) yang diperoleh dalam penelitian ini berkisar antara 0,4-9,0 dengan rata-rata 3,16 (Tabel 4.4). Nilai RP terendah (0,4) terdapat

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

pada primer OPA-2, sedangkan nilai RP tertinggi (9,0) terdapat pada primer OPA-10. Analisis RP dilakukan untuk mengetahui primer yang efektif dalam menghasilkan pita DNA yang jelas sehingga dapat menganalisis hubungan kekerabatan suatu individu berdasarkan genotipnya (Prevost & Wilkinson, 1999).

Berdasarkan perhitungan dari nilai TNB, PIC, EMR, MI dan RP menunjukkan bahwa primer paling efektif adalah OPA-10 karena memiliki nilai tertinggi diantara primer lainnya. Nilai PIC primer OPA-10 yaitu sebesar 0,45 berada pada peringkat ke-5 setelah primer OPA-18, OPA-20, OPA-11 dan OPA-17 masih tergolong baik karena mendekati 0,5 (Roldan-Ruiz, dkk., 2000). Selain OPA 10, primer lain yang efektif digunakan untuk analisis keragaman genetik *Heliconia* pada penelitian ini adalah OPA-11, OPA-7, OPA-5, OPA-19, OPA-9, OPA-17, OPA-18 dan OPA-20.

Tabel 4.4. Analisis Polimorfisme Hasil Amplifikasi Primer RAPD

No.	Primer	TNB	NPB	PB (%)	PIC	EMR	MI	RP
1	OPA 1	5	5	100	0.30	25	7.50	1.8
2	OPA 2	1	1	100	0.32	1	0.32	0.4
3	OPA 3	6	6	100	0.30	36	10.80	2.2
4	OPA 4	3	3	100	0.23	9	2.07	0.8
5	OPA 5	7	7	100	0.41	49	20.09	4
6	OPA 6	6	6	100	0.39	36	14.04	3.2
7	OPA 7	9	9	100	0.39	81	31.59	5.4
8	OPA 8	4	4	100	0.26	16	4.16	1.2
9	OPA 9	8	8	100	0.20	64	12.80	1.8
10	OPA 10	13	13	100	0.45	169	76.05	9
11	OPA 11	7	7	100	0.46	49	22.54	5
13	OPA 13	1	1	100	0.42	1	0.42	0.6
15	OPA 15	5	5	100	0.34	25	8.50	2.2
17	OPA 17	6	6	100	0.46	36	16.56	4.2
18	OPA 18	5	5	100	0.50	25	12.50	4.6
19	OPA 19	7	7	100	0.41	49	20.09	4
20	OPA 20	4	4	100	0.49	16	7.84	3.4
Total		97	97	1700	6.33	706	275.28	53.4
Rata-rata		5.706	5.706	100	0.3724	40,41	15.76	3.16

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

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

Analisis keragaman genetik berdasarkan marka molekuler menghasilkan keragaman genetik populasi antar individu bervariasi. Keragaman genetik 97 lokus memiliki persentase polimorfisme 100% dengan nilai heterozigositas (He) berkisar antara 0,097-0,495 (*Lampiran 3*). Rata-rata nilai heterozigositas populasi 8 spesies *Heliconia* dan 2 spesies *outgroup* sebesar 0,237 (Tabel 4.5). Menurut Zedta (2018), nilai He umumnya diidentikkan dengan keragaman genetik. Nilai He >0,2 tergolong dalam keragaman genetik tinggi (Hamrick & Godt, 1996). Menurut Irsyad (2020), nilai heterozigositas dapat menunjukkan kelangkaan variasi genetik organisme dalam populasi liar, sehingga dapat menjadi parameter penting dalam menentukan strategi konservasi spesies tumbuhan.

Tabel 4.5. Keragaman genetik populasi 10 sampel yang digunakan berdasarkan marka molekuler

N	Na	Ne	JLP	PLP	I	He
10.000	2.000	1.351	97	100%	0.388	0.237

Keterangan : N (jumlah sampel), Na (jumlah alel yang diamati), Ne (jumlah alel efektif), JLP (jumlah lokus polimorfik), PLP (persentase lokus polimorfik), I (indeks Shannon), He (Heterozigositas harapan)

Nilai koefisien similaritas pada 10 sampel yang digunakan berdasarkan marka molekuler RAPD berkisar antara 0,09-0,39 (Tabel 4.6). Nilai koefisien similaritas tertinggi (0,39) terdapat pada spesies *R. madagascariensis* (S1) dan *P. guyannense* (S2) yang keduanya merupakan spesies *outgroup* dalam penelitian ini. Nilai koefisien similaritas terendah (0,09) terdapat pada spesies *H. rostrata* (H5) dan *R. madagascariensis* (S1). Nilai koefisien similaritas berkisar antara 0 hingga 1. Apabila nilai koefisien similaritas semakin besar (mendekati 1), berarti antar spesies tersebut semakin identik secara genetik. Sebaliknya, apabila nilai koefisien similaritas semakin kecil (mendekati 0), berarti antar spesies tersebut semakin berbeda secara genetik (Wijayanto, dkk., 2013).

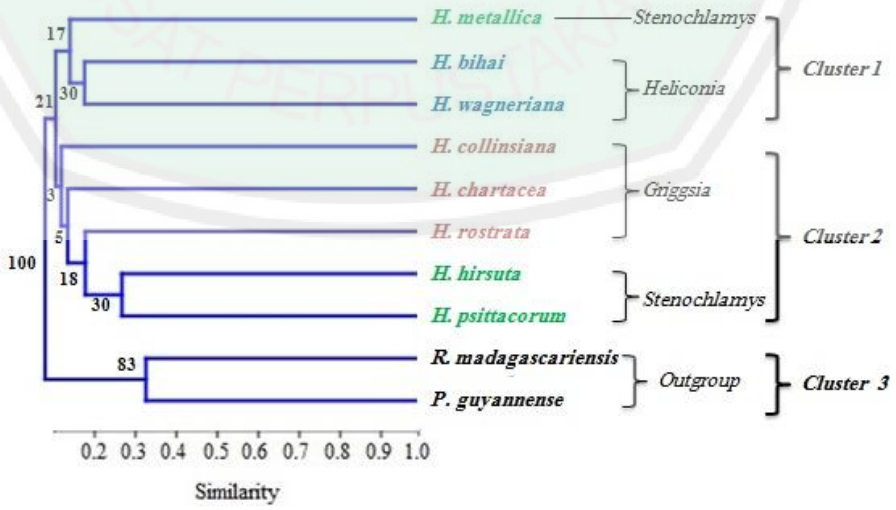
CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

Tabel 4.6. Nilai koefisien similaritas karakter molekuler 10 sampel menggunakan indeks Jaccard

	H1	H2	H3	H4	H5	H6	H7	H8	S1	S2
H bihai	1									
H. wagneriana	0.26	1								
H. collinsiana	0.16	0.14	1							
H. chartacea	0.18	0.25	0.21	1						
H. rostrata	0.23	0.20	0.13	0.21	1					
H. metallica	0.20	0.25	0.22	0.18	0.16	1				
H. hirsuta	0.17	0.14	0.17	0.19	0.22	0.20	1			
H. psittacorum	0.20	0.22	0.32	0.27	0.30	0.30	0.34	1		
R. madagascariensis	0.13	0.15	0.13	0.25	**0.09**	0.11	0.26	0.19	1	
P. guyannense	0.15	0.23	0.17	0.19	0.12	0.17	0.12	0.28	**0.39**	1

Keterangan : H1 (*Heliconia bihai*), H2 (*Heliconia wagneriana*), H3 (*Heliconia collinsiana*), H4 (*Heliconia chartacea*), H5 (*Heliconia rostrata*), H6 (*Heliconia metallica*), H7 (*Heliconia hirsuta*), H8 (*Heliconia psittacorum*), S1 (*R. madagascariensis*), S2 (*P. guyannense*)

Pengelompokan 8 spesies *Heliconia* dan 2 spesies *outgroup* berdasarkan karakter molekuler terbagi menjadi 3 *cluster* (Gambar 4.13). Sampel yang mengelompok pada *cluster* 1 adalah *H. metallica* (H6), *H. bihai* (H1) dan *H. wagneriana* (H2). Sampel yang mengelompok pada *cluster* 2 adalah *H. collinsiana* (H3), *H. chartacea* (H4), *H. rostrata* (H5), *H. hirsuta* (H7) dan *H. psittacorum* (H8). Sampel yang mengelompok pada *cluster* 3 adalah spesies *outgroup*, yaitu *R. madagascariensis* (S1) dan *P. guyannense* (S2) (Gambar 4.13).



Gambar 4.13. Dendogram spesies *Heliconia* dan *outgroup* berdasarkan marka molekuler RAPD

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

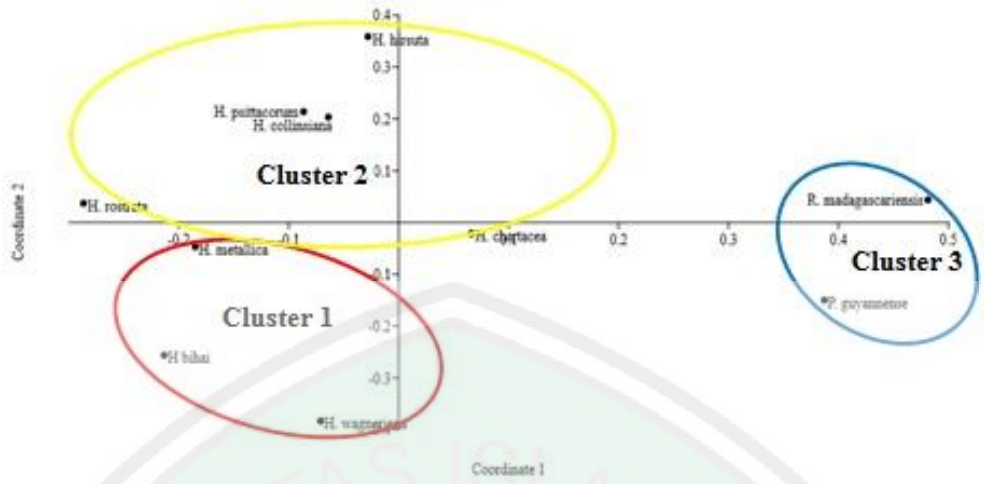
Sampel *H. metallica* (H6) mengelompok dalam satu klad dengan sampel *H. bihai* (H1) dan *H. wagneriana* (H2) dengan nilai koefisien similaritas masing-masing sebesar 0,20 dan 0,25 (Tabel 4.6). Hal itu menunjukkan bahwa antar spesies tersebut memiliki kemiripan secara genetik. Namun, *H. metallica* (H6) merupakan sampel dari subgenus berbeda dengan kedua sampel lainnya, yaitu subgenus *Stenochlamys*. *H.bihai* (H1) dan *H.wagneriana* (H2) memiliki nilai koefisien similaritas sebesar 0,26 (Tabel 4.6). Kedua sampel tersebut memiliki subgenus yang sama, yaitu subgenus *Heliconia*.

Sampel *H. hirsuta* (H7) dan *H. psittacorum* (H8) mengelompok dalam satu klad dengan nilai koefisien similaritas sebesar 0,34 (Tabel 4.6). Nilai koefisien similaritas tersebut merupakan yang tertinggi diantara spesies *Heliconia* lainnya. Kedua sampel tersebut membentuk satu klad karena memiliki subgenus yang sama, yaitu subgenus *Stenochlamys*.

Sampel *R. madagascariensis* (S1) dan *P. guyannense* (S2) mengelompok dalam satu klad karena memiliki kemiripan secara genetik. Hal itu dapat diketahui dari kesamaan famili yang dimiliki, yaitu Strelitziaceae. Kedua sampel tersebut memiliki nilai koefisien similaritas tertinggi yaitu 0,39 (Tabel 4.6). Hasil analisis *clustering* menggunakan marka molekuler berkaitan dengan hasil karakterisasi morfologi kedua sampel yang memiliki karakter morfologi seragam sebanyak 29 dari 34 karakter. Karakter yang membedakannya dengan subgenus lain adalah sifat tumbuh bertipe Musoid *and Palm-like, pseudostem* berwarna hijau muda, tidak berbintik dan tidak berlilin, ujung daun berbentuk *rounded*, susunan *petiole* seperti kipas, warna ligula hijau muda, bentuk braktea *stiff-boat shaped*.

Analisis PCoA dilakukan untuk mengkonfirmasi hasil analisis *clustering*. Hasil analisis PCoA menunjukkan keseluruhan sampel yang diteliti memiliki pengelompokan yang sama dengan dendogram (Gambar 4.13; Gambar 4.14). Hasil analisis menunjukkan pembagian *cluster* yang sesuai, yaitu pengelompokan spesies *Heliconia* berdasarkan subgenusnya dan memisahkan *outgroup* sesuai familinya, yakni Strelitziaceae.

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG



Gambar 4.14. *Scatter plot* hasil analisis PCoA spesies *Heliconia* dan *outgroup* berdasarkan marka molekuler

Hasil penelitian ini menunjukkan bahwa terdapat keteraturan di alam semesta, bahkan dari hal yang sangat kecil hingga molekuler, seperti gen. Gen tersusun atas DNA yang berada dalam kromosom. DNA merupakan informasi genetik pada organisme hidup yang akan diturunkan pada keturunannya. DNA pada tiap organisme berbeda. Hal itu sebagai bukti keesaan, kebesaran, dan keagungan Allah. Allah SWT telah menjelaskan dalam Q.S. Al-Qamar ayat 49 sebagai berikut.

إِنَّا كُلَّ شَيْءٍ خَلَقْنَٰهُ بِقَدَرٍ(٤٩)

Artinya : "*Sungguh, Kami menciptakan segala sesuatu menurut ukuran*."

Allah SWT menciptakan segala sesuatu dalam takaran yang telah ditakdirkan dan ditetapkan, ilmu Allah SWT telah ada lebih dulu dan tertulis di Lauhul Mahfuzh (Humaid, 1998). Allah telah menetapkan suatu ukuran dan memberikan petunjuk kepada semua makhluk-Nya. Oleh karena itu, para imam dari kalangan Ahlus Sunnah menyimpulkan bahwa dalil dari ayat tersebut yang membuktikan kebenaran dari takdir Allah yang terdahulu terhadap makhluk-Nya (ad-Dimasyqi, 2006). Ukuran tersebut membentuk suatu sistem dan ketentuan terhadap semua makhluk di bumi, sehingga dengan kekuasaan-Nya semuanya tampak rapi dan sempurna.

Bentuk keteraturan yang diciptakan Allah SWT salah satunya adalah adanya keragaman genetik yang terdapat pada *Heliconia*. Hal itu dapat diketahui melalui

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

hasil penelitian ini yang menunjukkan bahwa *Heliconia* memliki keragaman genetik baik secara morfologi maupun molekuler. Keragaman tersebut berkaitan dengan peran manusia sebagai *khalifah fil 'ardh*, yang sudah semestinya manusia memiliki cara yang baik dalam relasinya dengan makhluk yang lain, yaitu dengan tidak berbuat kerusakan di bumi dan tetap menjaga kelestariannya. Allah SWT berfirman dalam Q.S. Al-Baqarah ayat 205 yang berbunyi :

وَاِذَا تَوَلّٰى سَعٰى فِى الْاَرْضِ لِيُفْسِدَ فِيْهَا وَيُهْلِكَ الْحَرْثَ وَالنَّسْلَۗ وَاللّٰهُ لَا يُحِبُّ الْفَسَادَ

Artinya : "*Dan apabila dia berpaling (dari engkau), dia berusaha untuk berbuat kerusakan di bumi, serta merusak tanam-tanaman dan ternak, sedang Allah tidak menyukai kerusakan.*"

Mahalli (2007) menafsirkan kerusakan di muka bumi yang disebabkan oleh perilaku manusia, Allah tidak akan meridhainya. Manusia diberi amanah dalam menjaga kelestarian alam. Apabila telah terjadi kerusakan terhadap alam, maka hal itu merupakan bentuk kezaliman yang dilakukan manusia. Allah menciptakan manusia sebagai khalifah dengan arti pengelola dunia. Perjalanan manusia dari waktu ke waktu, generasi ke generasi, adalah untuk menjamin kondisi dunia agar tetap baik-baik saja. Segala bentuk upaya terkait kerusakan dunia yang dilakukan oleh manusia seperti eksploitasi alam berlebihan dan merusak ekosistem tanpa bertanggung jawab, akan menjadi amal yang tidak diridhai oleh Allah SWT.

Salah satu pengertian kata 'khalifah' adalah wakil, artinya manusia akan bertindak sebagai wakil Allah di bumi. Jika Allah adalah Sang Pencipta bumi dan jagat raya ini, maka manusia sebagai wakil Allah harus memelihara ciptaan-Nya tersebut. Allah SWT menyerahkan seluruh potensi di bumi ini kepada manusia untuk membantu tugas kekhalifahan manusia itu sendiri. Manusia sebagai wakil Allah di bumi memiliki tugas khusus disertai tanggung jawab yang spesifik. Salah satunya adalah dengan berusaha semaksimal mungkin dalam menjaga kehidupan agar seimbang melalui proses berfikir. Manusia akan dapat menemukan dan mengerti pesan Sang Pencipta, salah satunya dengan mengapresiasi sumber daya alam. Manusia diharapkan menjaga eksistensi dari keanekaragaman di bumi dalam segala tingkat kehidupan, termasuk dengan mempelajari keragaman tumbuhan

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

Penggunaan marka morfologi dan molekuler RAPD untuk mengetahui keragaman genetik pada *Heliconia* menjadi salah satu upaya dalam memahami keteraturan yang telah ditetapkan oleh Allah SWT sekaligus upaya untuk menjaga kelestarian alam. Manusia perlu bertadabbur lil 'alam dan mengambil hikmah atas segala sesuatu yang diciptakan Allah SWT dengan menyadari bahwa tidak ada yang dapat menyerupai ciptaan-Nya. Hal itu berkaitan dengan peran manusia sebagai khalifah di muka bumi ini. Allah SWT berfirman dalam Q.S. Al-An'am ayat 165 sebagai berikut.

وَهُوَ ٱلَّذِى جَعَلَكُمْ خَلَٰٓئِفَ ٱلْأَرْضِ وَرَفَعَ بَعْضَكُمْ فَوْقَ بَعْضٍ دَرَجَٰتٍ لِّيَبْلُوَكُمْ فِى مَآ ءَاتَىٰكُمْ ۗ إِنَّ رَبَّكَ سَرِيعُ ٱلْعِقَابِ وَإِنَّهُۥ لَغَفُورٌ رَّحِيمٌ

Artinya : "*Dan Dialah yang menjadikan kamu penguasa-penguasa di bumi dan Dia meninggikan sebahagian kamu atas sebahagian (yang lain) beberapa derajat, untuk mengujimu tentang apa yang diberikan-Nya kepadamu. Sesungguhnya Tuhanmu amat cepat siksaan-Nya dan sesungguhnya Dia Maha Pengampun lagi Maha Penyayang.*"

Mahalli (2007) menafsirkan bahwa jamak dari kata khalifah yaitu sebagian diantara manusia mengganti sebagian lainnya di dalam masalah kekhalifahan ini. Konsep khalifah dalam ajaran Islam memiliki relevansi terhadap konsep lingkungan hidup dan ekologis, sehingga peranan manusia sebagai *khalifah fil 'ardh* sangatlah penting untuk menjaga keseimbangan alam dan lingkungan hidup, yaitu dengan mempelajari keragaman genetik pada *Heliconia*. Studi terkait keragaman genetik menggunakan marka morfologi dan molekuler RAPD dalam penelitian ini dapat memberikan informasi sebagai referensi untuk penelitian lebih lanjut, khususnya dalam upaya konservasi dan pemuliaan plasma nutfah *Heliconia*. Hasil penelitian ini juga dapat menjadi langkah awal dalam mengeksplor manfaat *Heliconia*, selain sebagai tanaman hias. Manfaat lain yang dapat dieksplor dari *Heliconia* adalah sebagai pangan, obat-obatan dan dekorasi perabot rumah. Kebermanfaatan yang terdapat pada *Heliconia* tersebut diharapkan dapat membantu menyelesaikan problematika manusia.

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

4.3 Perbandingan Keragaman Genetik Spesies *Heliconia* Berdasarkan Marka Morfologi dan Marka Molekuler RAPD

Nilai koefisien similaritas 8 spesies *Heliconia* dengan 2 spesies *outgroup* berdasarkan marka morfologi berkisar antara 0,11-0,74 (Tabel 4.3), sedangkan nilai koefisien similaritas berdasarkan marka molekuler berkisar antara 0,09-0,39 (Tabel 4.4). Nilai koefisien similaritas tertinggi (0,74) secara morfologi terdapat pada spesies *outgroup* yaitu *R. madagascariensis* dan *P. guyannense* dengan 29 karakter sama (*Lampiran 1*). Nilai koefisien similaritas tertinggi (0,39) secara molekuler juga terdapat pada spesies *outgroup* (Tabel 4.4). Hal tersebut menunjukkan bahwa secara morfologi dan molekuler, kedua spesies *outgroup* memiliki hubungan kekerabatan yang dekat.

Nilai koefisien similaritas terendah secara morfologi (0,11) terdapat pada spesies *H. rostrata* dan *R. madagascariensis* dengan 11 karakter yang sama, juga spesies *H. rostrata* dan *P. guyannense* dengan 12 karakter yang sama (*Lampiran 1*). Hal tersebut menunjukkan bahwa hubungan kekerabatan antar kedua spesies masing-masing adalah jauh. Nilai koefisien similaritas terendah (0,09) secara molekuler ditemukan pada spesies *H. rostrata* dan *R. madagascariensis*. Hal itu mengindikasikan bahwa kedua spesies memiliki hubungan kekerabatan yang jauh. Nilai koefisien terendah secara morfologi dan molekuler terdapat pada spesies *Heliconia* yang sama dan saling berkaitan dengan spesies *outgroup*.

Analisis *clustering* pada 10 sampel yang digunakan berdasarkan marka morfologi dan molekuler memberikan hasil pengelompokan berbeda (Gambar 4.9; Gambar 4.13). Berdasarkan marka morfologi, analisis *clustering* mampu mengelompokkan spesies *Heliconia* dari subgenus *Heliconia* dan *Griggsia* dalam satu klad (Gambar 4.9). Berdasarkan marka molekuler RAPD, analisis *clustering* mampu mengelompokkan spesies *Heliconia* dari subgenus *Heliconia* dan *Stenochlamys* dalam satu klad (Gambar 4.13). Namun, analisis *clustering* berdasarkan kedua marka tersebut mampu mengelompokkan spesies *Heliconia* berdasarkan subgenusnya dan spesies *outgroup* berdasarkan familinya, yaitu Famili Strelitziaceae.

Hasil analisis *clustering* berdasarkan kedua marka menunjukkan Famili Heliconiaceae sebagai kelompok monofiletik, memisahkan spesies anggota Genus

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

Heliconia dengan spesies *outgroup* dari Famili Strelitziaceae. Genus *Heliconia* merupakan kelompok parafiletik, dimana terdapat spesies yang tidak berada dalam satu klad alami. Hal ini secara tidak langsung menunjukkan bahwa RAPD mendukung monofiletik dari Famili Heliconiaceae dan Famili Strelitziaceae karena dapat membedakan kedua Famili tersebut dari spesies yang digunakan. Menurut Topik (2015), kelompok monofiletik adalah kelompok organisme dimana semua keturunan berasal dari satu nenek moyang yang sama. Anggota kelompok monofiletik biasanya memiliki kesamaan karakter turunan yang membedakannya dengan organisme lain.

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

BAB V
PENUTUP

5.1 Kesimpulan

Kesimpulan dari penelitian ini yaitu :

1. Keragaman genetik berdasarkan marka morfologi menghasilkan rata-rata nilai He tinggi yaitu 0,221 serta mampu mengelompokkan spesies *Heliconia* dari subgenus *Heliconia* dan *Griggsia* dalam satu klad.
2. Keragaman genetik berdasarkan marka molekuler menghasilkan rata-rata nilai He tinggi, yaitu 0,237 serta mampu mengelompokkan spesies *Heliconia* dari subgenus *Heliconia* dan *Stenochlamys* dalam satu klad. Primer paling efektif dalam mengamplifikasi pita polimorfik DNA *Heliconia* adalah OPA-10, OPA-11, OPA-7, OPA-5, OPA-19, OPA-9, OPA-17, OPA-18 dan OPA-20. Hal itu menunjukkan primer RAPD dapat digunakan untuk mengetahui keragaman genetik *Heliconia*.
3. Perbandingan keragaman genetik berdasarkan marka morfologi dan molekuler menunjukkan rata-rata nilai He secara morfologi lebih rendah dibandingkan rata-rata nilai He secara molekuler. Kedua marka mampu mengelompokkan spesies *Heliconia* berdasarkan subgenusnya dan spesies *outgroup* berdasarkan familinya, yaitu Famili Strelitziaceae.

5.2 Saran

Saran dari penelitian ini antara lain :

1. Penelitian lebih lanjut terkait keragaman genetik *Heliconia* sebaiknya menggunakan primer OPA-10, OPA-11, OPA-7, OPA-5, OPA-19, OPA-9, OPA-17, OPA-18 dan OPA-20 karena primer-primer tersebut menjadi primer terefektif dan informatif dalam mengamplifikasi pita DNA pada penelitian ini.
2. Perlu dilakukan cek data lapang untuk kelengkapan data morfologi.
3. Perlu dilakukan penelitian lebih lanjut untuk upaya konservasi dan strategi pemuliaan plasma nutfah *Heliconia.*
4. Perlu dilakukan konservasi jenis-jenis *Heliconia* yang lain untuk meningkatkan keragaman koleksi *ex situ*.

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

DAFTAR PUSTAKA

ad-Dimasyqi, al-Imam Abul Fida Isma'il Ibnu Katsir. 2006. **Tafsir Ibnu Katsir Jilid 2.** Darul Kutub Ilmiyah. Beirut.

Agisimanto, D. & A. Supriyanto. 2007. Keragaman Genetik Pamelo Indonesia Berdasarkan Primer *Random Amplifed Polymorphic DNA*. *J. Hort.* 17(1):1-7.

al-Samarai, F.R. & Abdulkareem A.A. 2015. Molecular Markers: An Introduction and Applications. *Eur. J. Mol. Biotechnol*. 9(3):118-130.

Andersson, L. 1998. *Heliconia*ceae. In: Kubitzki K. (Ed) **Flowering Plants. Monocotyledons**. Springer-Verlag. Berlin. hal. 226-231.

Anggraheni, Y.G.D. & Enung S.M. 2018. Evaluasi Keragaman Genetik Sembilan Varietas Rambutan (*Nephelium lappaceum)* dengan Marka RAPD. *Biopropal Ind.* 9(1):1-8.

Angiosperm Phylogeny Group. 2016. An Update of The Angiosperm Phylogeny Group Classification for The Orders and Families of Flowering Plants : APG IV. *Bot. J. Linn. Soc.* 181:1-20.

Antic, M., Mirela K.Z. & Gordana, D. 2020. Diversity Assessment of Wild Cherry Germplasm by Using RAPD Markers. *Bulg. J. Agric. Sci.* 26(2):404-408.

Arbi, U.Y. 2016. Analis Kladistik Berdasar Karakter Morfologi untuk Studi Filogeni: Contoh Kasus pada Conidae (Gastropoda: Mollusca). *Oseana.* 41(3):54-69.

Armbrecht, M. 2013. Detection of Contamination in DNA and Protein Samples by Photometric Measurements. *Application Note*. (279): 1-6.

Arrazate, C.H.A., J.A.A. Argueta, S.O. Curiel, E.M. Perez, L.I. Donjuan, D.R. Lopez, M.G. Solis, M.M. Bolanos & M.C. Cruz. 2017. Morphological Characterization in Wild Species of *Heliconia*s (*Heliconia* spp) in Mexico. *Am. J. Plant Sci.* 8:1210-1223.

Azizah, U.D.L., F. Yulianti, A.L. Adiredjo & Sitawati. 2019. Analisis Kekerabatan Plasma Nutfah Tanaman Stroberi (*Fragaria* sp.) Berdasarkan Karakter Morfologi dan *Random Amplified Polymorphic DNA* (RAPD). *J. Agric. Sci.* 4(1):77-85.

Bardakci, F. 2001. *Random Amplified Polymorphic DNA* (RAPD) Markers. *Turk. J. Biol.* 25: 185-196.

Basuki, M. & Endah B.I. 2015. Seleksi Tanaman Pisang Hias di Kebun Plasma Nutfah Giwangan Daerah Istimewa Yogyakarta. *Prosiding LPPM UPN Veteran Yogyakarta 82-88.*

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

Bindroo, B.B. & Shunmugam M.M. 2014. Genetic Divergence, Implication of Diversity, and Conservation of Silkworm, *Bombyx mori*. *Int. J. Biodiserv*. 14:1-15.

BIOL1051. 2007. Plants of The Eastern Carribean : Diversity and Classification of *Heliconia*. http://ecflora.cavehill.uwi.edu/ Diakses pada 21 Januari 2019.

Bishoyi, A.K., A. Sharma, A. Kavane & K.A. Geetha. 2016. Varietal Discrimination and Genetic Variability Analysis of Cymbopogon Using RAPD and ISSR Markers Analysis. *Appl. Biochem. Biotechnol*. 179(4):659-670.

Blyton, M.D.J. & Nichola S.F. 2012. **A Comprehensive Guide to GenAlEx 6.5.** Australian National University. Australia.

Costa, M.G., B.S.G. Leite, V. Loges, E.B.S. Silva, A.S. Costa, W.N.R., Guimaraes & A.C.B, Vidal. 2016. Chromosome Markers Confirm Origin of *Heliconia* Hybrids and Triploids. *Euphytica* 212(3):501-514.

Cronquist, A. 1981. **An Integrated System of Classifcation of Flowering Plants**. Columbia University Press. New York.

Dahlgren, R.M.T, H.T. Clifford & P.F. Yeo. 1985. **The Families of The Monocotyledons**. Springer-Verlag. Berlin.

Daslin, A. 2012. Kekerabatan Genetik 15 Aksesi Plasma Nutfah Karet Hasil Ekspedisi 1981 Berdasarkan Penanda Molekuler. *Agrium*. 17(3):186-192.

Dutoit, L., Reto B., Alexander N., Carina F.M. & Hans G. 2017. Genomic Distribution and Estimation of Nucleotide Diversity in Natural Populations: Perspectives From The Collared Flycatcher (Ficedula Albicollis) Genome. *Mol. Ecol. Resour*. 17:586-597.

Feranisa, A. 2016. Komparasi antara *Polymerase Chain Reaction* (PCR) dan *Loopmediated Isothermal Amplification* (LAMP) dalam Diagnosis Molekuler. *ODONTO Dental J*. 3(2):145-151.

Forsman, A. 2014. Effects of Genotypic and Phenotypic Variation on Establishment are Important for Conservation, Invasion, and Infection Biology. *PNAS*. 111(1):302-307.

Flores, R., C. Black & A. Ibanez. 2017. A New Species of *Heliconia* (*Heliconia*ceae) with Pendent Inflorescence, from Chucanti Private Nature Reserve, Eastern Panama. *PhytoKeys*. 77:21-32.

Frianto, D., Aslim, R. & Dewi I. 2018. Keanekaragaman Genetik *Scorodocarpus borneensis* di Riau Berdasarkan Penanda Molekuler RAPD. *JPKS*. 2(1):27-38.

Gabriel, A.L., Catalino J.L.C., Mario A.H.C., Joel V. & Gustavo, L.R. 2018. Application of Soil Amendment and Their Effect in The Growth of Heliconia. *Ornam. Hotic*. 24(3):248-254.

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

Guimaraes, W.N.R., L.S.S. Martins, C.E.F. Castro, J.L.S. Carvalho F. & V.V. Loges. 2014. *Heliconia* Phenotypic Diversity Based on Qualitative Descriptors. *Genet. Mol. Res.* 13(2):3128-3142.

Gusmiati, L.H., Lia H. & Didik W. 2018. Keberagaman dan Pengelompokan Morfologi 10 Pisang Olahan (*Musa* cv. Grup Abb) Koleksi Kebun Raya Purwodadi – LIPI. *Floribunda*. 5(8):299-314.

Gusmiaty, M. Restu, & I. Pongtuluran. 2012. Seleksi Primer Untuk Analisis Keragaman Genetik Jenis Bitti (*Vitex coffassus*). *J. Perennial*. 8(1):25-29.

Hammer, O., D.A.T. Harper & P.D Ryan. 2001. PAST : Paleontological Statistics Software Package for Education and Data Analysis. *Paleontol Electron*. 4(1):1-9.

Hamrick, J.L. & Godt M.J.W. 1996. Effects of Life History Traits on Genetic Diversity in Plant Species. *Phil. Trans. R. Soc. Lond. B.* 351:1291-1298.

Han Y., Y. Liu, H. Wang & X. Liu. 2017. The Evolution of *Vicia ramuliflora* (Fabaceae) at Tetraploid and Diploid Levels Revealed with FISH and RAPD. *PLoS ONE*. 12(1):1-20.

Handique, L., Vipin P. & Arumina D.H. 2013. Phylogeny of *Musa paradisiaca*, *Ravenala madagascariensis* and *Heliconia rostrata* based on Morphological, Biochemical, Amino Acid Sequences of rbcL Protein and matK DNA Sequences. *Int. J. Theor Appl.* 5(2):69-78.

Hapsari, L. 2011. Dua Dasawarsa Koleksi Pisang (Musaceae) di Kebun Raya Purwodadi (1990-2010). *Berk. Penel. Hayati*. Edisi Khusus 5A: 147-151.

Hapsari, L., Trimanto & Didik W. 2019. Species Diversity and Phylogenetic Analysis of *Heliconia* spp. Collections of Purwodadi Botanic Garden (East Java, Indonesia) Inferred by *rbc*L Gene Sequences. *Biodiversitas.* 20(5): 1266-1283.

Hodgkin, T., Roviglioni R., de Vicente M.C. & N. Dudnik. 2001. Molecular Methods in The Conservation and Use of Plant Genetic Resources. *Acta Hortic.* 546:107-118.

Humaid, Shalih bin Abdullah. 1998. **Tafsir Al-Mukhtashar**. Markaz Tafsir Lid Diraasatil Qur'aniyyah. Riyadh.

Iles, W.J., C. Sass, L. Lagomarsino, G.C. Martin, H. Driscoll & C. D. Specht. 2016. The Phylogeny of *Heliconia* (*Heliconia*ceae) and The Evolution of Floral Presentation. *Mol. Phylogenetics Evol.* 1-52.

Inglis, P.W., Mariliade C.R.P., Lucileide V.R. & Dario G. 2015. Fast and Inexpensive Protocols for Consistent Extraction of High Quality DNA and RNA from Challenging Plant and Fungal Samples for High Troughput SNP Genotyping and Sequencing Applications. *PLOS One.* 13(10):1-14.

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

Irsyad, A.F., Ridesti R., Titut Y., Agung S.D. & Budi S.D. 2020. Genetic Variation of Agarwood Producing Tree (*Gyrinops Versteegii*) From Pongkor, Manggarai District, Flores Island, Indonesia Using ISSR Molecular Markers. *Biodiversitas*. 21(2):485-491.

Isaza, L., Marulanda M.L. dan A.M. Lopez. 2012. Genetic Diversity and Molecular Characterization of Several *Heliconia* Species in Colombia. *Genet. Mol. Res.* 11(4):4552-4563.

Jaccard, P. 1901. Etude Comparative De La Distribution Florale Dans Une Portion Des Alpes Et Des Jura. *Bull. Soc. Vaud. Sci. Nat.* 37:547-579.

Jazairi, Syaikh Abu Bakar Jabir. 2008. **Tafsir al-Qur'an Al-Aisar Jilid 4**. Terjemahan Suratman & Fityan Amali. Darus Sunnah Press. Jakarta.

Juansa, A., A. Purwantoro & P. Basunanda. 2012. Keanekaragaman Padi (*Oryza sativa* L.) Berdasar Karakteristik Botani Morfologi dan Penanda RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*). *Vegetalika*. 1(2):1-11.

Judd, W. 2007. **Plant Systematics: A Phylogenetic Approach**. 3rd Edition. Sinauer Associates, Inc. Sunderland.

Kalkisim, O., M. Okcu, Z. Okcu, B. Karabulut, N. Yildirim & G. Agar. 2016. Relationships Among Some Pears Genotypes (*Pyrus communis* L.) Based on ISSR and RAPD Analysis. *Erwerbs Obstbau*. 58(4):259-264.

Karsinah, Sudarsono, L. Setyobudi & H. Aswindinoor. 2002. Keragaman Genetik Plasma Nutfah Jeruk Berdasarkan Analisis Penanda RAPD. *J. Bioteknologi Pertanian* 7(1):8-16.

Khikmah, U.N., E. Yulianti, I. Sartika, Ratnawati, Djukri, dan L. Sugiarto. 2018. Analisis Variasi Genetik Anggrek *Rhynchostylis retusa* (L.) Blume dengan Marka Molekuler RAPD. *J. Prodi Biologi*. 7(6):410-415.

Konar, S., J. Karmakar, A. Ray, S. Adhikari & T.K. Bandyopadhyay. 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):1-17

Kress, W.J. 1984. Systematics of Central American *Heliconia* (*Heliconia*ceae) with Pendant Inflorescences. *J. Arnold Arbor.* 65(4).

Kress, W.J. 1990. The Diversity and Distribution Of *Heliconia* (*Heliconia*ceae) in Brazil. *Acta. Bot. Bras.* 4(1):159-167.

Kress, W.J. & Donald E.S. 1993. Morphology and Floral Biology of Phenakospermum (Strelitziaceae), an Arborescent Herb of The Neotropics. *Biotropica*. 25(3):290-300.

Langga, I.F., Muh. R. & Tutik K. 2012. Optimalisasi Suhu dan Lama Inkubasi dalam Ekstraksi DNA Tanaman Bitti (*Vitex Cofassus* Reinw) Serta Analisis

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

Keragaman Genetik dengan Teknik RAPD-PCR. *J. Sains & Teknologi*. 12(3):265-276.

Latief, W. & Amien S. 2014. Studi Awal Pemanfaatan Marka Molekuler RAPD Untuk Penentuan Kebenaran Tiga Kultivar Nilam. *Bionatura Jurnal Ilmu-Ilmu Hayati dan Fisik*. 16(2):109-113.

Laurentin, H. & Petr K. 2007. AFLP Fingerprinting of Sesame (*Sesamum indicum* L.) Cultivars : Identification, Genetic Relationship and Comparison of AFLP Informativeness Parameters. *Genet. Resour. Crop. Evol.* 54:1437-1446.

Lee, P.Y., John C., Chih-Yuan H. & Yong H.K. 2012. Agarose Gel Electrophoresis for the Separation of DNA Fragments. *J. Vis. Exp.* (62): 1-5.

Loges, V., A.S. Costa, K.P. Leite, T.L.A. Lima, S.A.C.G. da Silva, S.R.V.L. Maranhao, C.C.F. de Soza & W.N.R. Guimaraes. 2013. *Heliconia raulin**iana* as Cut Flower and Ornamental Plant. *Acta. Hort.* 123-130.

Mahalli, Imam Jalaluddin & as-Suyuthi. 2007. **Tafsir Jalalain**. Terjemah Bahrun Abubakar. Sinar Baru Algensindo. Bandung.

Malakar, M., Pinaki A. & Sukanta B. 2015. Evaluation of *Heliconia* Species Based on Agro-Morphological Traits. *IJAEB* 8(4):957-964.

Mandzur, Asy-Syekh Abil Fadl Jamaluddin Muhammad bin Mukrom. 1993. **Lisanul 'Arob**. Darul Kutub. Beirut. Libanon.

Maria, C., Singureanu V., Hort D. & Buta E. 2014. *Heliconia*s-Novelties and Applicability in Floral Art. *J. Hort. For. Biotech.* 18(1):22-27.

Marouelli, L.P., P.W. Inglis, M.A. Ferreira & G.S.C. Buso. 2010. Genetic Relationship among *Heliconia* (*Heliconia*ceae) Species Based on RAPD Markers. *Genet. Mol. Res.* 9(3):1377-1387.

Maskromo, I., Elsje, T.T., Meity A.T., Hengky N., Dewi S., Sukendah & Sudarsono. 2015. Keragaman Fenotipe dan Genetik Tiga Varietas Kelapa Genjah Kopyor Asal Pati Jawa Tengah. *J. Littri.* 21(1):1-8.

Matzke, N.J. & Randall, B.I. 2018. Including Autapomorphies is Important for Paleontological Tip-Dating With Clocklike Data, But Not With Non-Clock Data. *PeerJ*. 6:1-16.

McGregor, C.F., C.A. Lambert, M.M. Greyling, J.H. Louw & L. Warnich. 2000. A Comparative Assessment of DNA Fingerprinting Techniques (RAPD, ISSR, AFLP and SSR) in Tetraploid Potato (*Solanum tuberosum L.)* Germplasm. *Euphytica*. 113:135-144.

Medhi, K., D.K. Sarmah, M. Deka & B.S. Bhau. 2014. High Gene Flow and Genetic Diversity in Three Economically Important *Zanthoxylum* spp. of Upper Brahmaputra Valley Zone of NE India using Molecular Markers. *Meta Gene*. 2:706-721.

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

Minarsih, H., Dyah L.N.P., T.W. Darmono & Herliyana, E.N. 2011. Analisis Keragaman Genetik *Ganoderma* spp. yang Berasosiasi dengan Tanaman Kakao dan Tanaman Pelindungnya Menggunakan *Random Amplified Polymorphic DNA* (RAPD). *Menara Perkebunan.* 79(1):6-14.

Mohan, M., Suresh N., A. Bhagwat, T.G. Krishna, Masahiro Y., C.R. Bhatia & Takuji S. 1997. Genome Mapping, Molecular Markers and Marker-Assisted Selection in Crop Plants. *Mol. Breed.* 3(2):87-103.

Moulin, M.M. Rosana R., Leandro S.A.G., Sudre C.P. & Pereira M.G. 2012. A Comparison of RAPD and ISSR Markers Reveals Genetic Diversity among Sweet Potato Landraces (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.). *Maringa.* 34(2):139-147.

Mucciarelli, M., Diana F. & Piero B. 2014. Genetic Variability and Population Divergence in the Rare *Fritillaria tubiformis* subsp. *Moggridgei* Rix (Liliaceae) as Revealed by RAPD Analysis. *Plos ONE*. 9(7):1-8.

Nei, M. 1978. Estimation Of Average Heterozygosity and Genetic Distance From a Small Number of Individuals. *Genetics.* 89:583-590.

Nesbitt, K.A., Potts B.M., R.E. Vaillancourt, A.K. West & J.B. Reid. 1995. Partitioning and Distribution of RAPD Variation in A Forest Tree Species. *Eucalyptus Globulus* (Myrtaceae). *Heredity.* 74:628–637.

Nezhad, N.M., Solouki, M. & Siasar B. 2010. The Comparison of Long and Short Primers Used For Rapd Technique in Grape. *TJS* 8(1):38-41.

Ningsih, H.U., Tatag B.P.P. & Endang T.M. 2017. Koleksi DNA dan Konfirmasi Marka ETH10 Pengkode Sifat Pertumbuhan pada Sapi Pasundan. *Biotropic*. 1(1):18-25.

Orgogozo, V., Baptiste M. & Arnaud M. 2015. The Differential View of Genotype–Phenotype Relationships. *Front. Genet*. 6:1-14.

Pandey, A. & Sushma T. 2015. High Molecular Weight DNA Extraction from Six Quercus Species of Kumaun Himalaya, India. *International Journal of Advanced Research.* 3 (7): 30-34.

Peakall, R. & Peter E.S. 2012. GenAlEx 6: Genetic Analysis in Excel. Population Genetic Software for Teaching and Research. *Mol. Ecol. Notes.* 6:288-295.

Pereira, J.C., Raquel C., Estela B., Alexandra L., & Henrique B.P. 2011. An Efficient Method for Genomic DNA Extraction from Different Molluscs Species. *Int. J. Mol. Sci.* 12: 8086-8095.

Prevost, A. & M.J. Wilkinson. 1999. A New System of Comparing PCR Primers Applied to ISSR Fingerprinting of Potato Cultivars. *Theor. Appl. Genet*. 98:107-112.

Probojati, R.T., Didik W. & Lia H. 2019. Clustering Analysis and Genome Inference of Pisang Raja Local Cultivars (*Musa* spp.) from Java Island by

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD) Marker. *J. Trop. Biodivers. Biotechnol.* 4(2):42-53.

Purnomo, E. & Rejeki S.F. 2018. Polimorfisme Cabai Rawit dan Cabai Gendot dengan Penanda RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*) Menggunakan Primer OPA-8. *Berkala Bioteknol.* 1(1):1-5.

Rahmansyah, Mutmainah, Muslimin & I Nengah S. 2014. Variasi Genetik Klon Kakao (*Theobroma Cacao* L.) di Desa Sausu Peore Kab. Parigi Moutong. *J. Nat. Sci.* 3(3):239-246.

Randriani, E., Cici T. & Syafaruddin. 2012. Pemanfaatan Teknik *Random Amplified Polymorphic DNA* (RAPD) Untuk Pengelompokan Secara Genetik Plasma Nutfah Jambu Mete (*Anacardium occidentale* L.). *Buletin RISTRI.* 3(1):1-6.

Rimando, T.J. 2001. **Ornamental Horticulture a Little Giant in The Tropic.** Seameo Searca and UPLB. Philippines.

Rimbawanto, A. & AYPBC Widyatmoko. 2006. Keragaman Genetik Empat Populasi *Intsia Bijuga* Berdasarkan Penanda RAPD dan Implikasinya Bagi Program Konservasi Genetik. *J. Penelitian Hutan Tanaman.* 3(3):149-154.

Rocha, F.H.A., Vivian L., Andreza S. C., Fernando A.S.A & Venezia S.F. 2010. Genetic Study with *Heliconia psittacorum* and Interspecific Hybrids. *Crop. Breed. Appl.Biot.* 10:282-288.

Roldan-Ruiz, I., J. Dendauw, E. Van Bockstaele, A. Depicker & M.D. Loose. 2002. AFLP Markers Reveal High Polymorphic Rates in Ryegrasses (*Lolium* spp.). *Mol. Breed.* 6:125-134.

Santos, B.A., Rafael L. & Julieta, B.M. 2009. New Records of *Heliconia* (*Heliconia*ceae) for The Region of Chajul, Southern Mexico, and Their Potential Use in Biodiversity-Friendly Cropping Systems. *J. Rev. Mex. Biodivers.* 80:857-860.

Sembiring, I.M.S., Lollie A.P.P & , H. Setiado. 2015. Aplikasi Penanda Lima Primer RAPD (*Random Amplified Polimorphic DNA*) untuk Analisis Keragaman Genetik Andaliman (*Zanthoxylum acanthopodium* DC) Sumatera Utara. *J. Agroekoteknol.* 4(1):1748-1755.

Septiasari, N.P.S., Junitha I.K. & Wirasiti N.N. 2017. Ragam Alel DNA Mitokondria Masyarakat *Soroh* Pande di Bali dengan Metode PCR-RFLP. *J. Metamorfosa*. 4(2): 210-217.

Shenghe, C., Sun W., Zhou Z., Li J., Dai M. & Shu H. 2016. A Weird DNA Band in PCR and Its Cause. *JPMB.* 5(2):1-6.

Sidikka, F.L. 2014. **Budidaya *Heliconia* (*Heliconia* sp.) Secara Organik di Sekar Bumi Tropical Farm Gianyar-Bali.** Fakultas Pertanian IPB. Bogor. Skripsi.

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

Silalahi, M. 2016. Keanekaragaman dan Distribusi Tumbuhan Bermanfaat di Pekarangan Kampus Universitas Kristen Indonesia (UKI) Cawang, Jakarta Timur. *J. Biologi*. 20(2):75- 82.

Simpson, M.G. 1953. **Plant Systematics**. Elsevier Academic Express. London.

Singh, N., Rajesh B., Mahar, K.S., Vandana T., D.K. Upreti & 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.

Siregar, U.J. & Ranny D.O. 2012. Keragaman Genetik Populasi Sengon *Paraserianthes falcataria* (L) Nielsen) pada Hutan Rakyat di Jawa Berdasarkan Penanda RAPD. *J.Silvikultur Trop.* 3(2):1-7.

Sulistyawati, P. & Widyatmoko AYPBC. 2017. Keragaman Genetik Populasi Kayu Merah (*Pterocarpus indicus* Willd) Menggunakan Penanda *Random Amplified Polymorphism Dna*. JPTH. 11(1):67-76.

Sunar, S., Nalan Y. Maryam S. & Gurelay A. 2016. Genetic Diversity and Relationships Detected by ISSR And RAPD Analysis Among Aethionema Species Growing in Eastern Anatolia (Turkey). *C.R.Biol.* 339(4):147-151.

Sundari, Estri L.A., Luchman H., Rodiyati A. & Didik W. 2017. Genetic Variability of Local Durian (*Durio zibethinus* Murr.) in Ternate Island Based on RAPD Markers. *PCBMB.* 18(1&2):68-75.

Suriati, N.N, Ratna K.D. & A.A.A. Wulandira S.D. 2015. Pola Kemitraan Antara Petani *Heliconia* dengan Sekar Bumi Farm di Desa Kerta Kecamatan Payangan Kabupaten Gianyar. *JAA.* 4(4):241-249.

Tanavar, M., Ali R.A. K. & Sead A.H. 2014. Software Programs for Analyzing Genetic Diversity. *Intl. J. Farm. & Alli Sci.* 3(5):462-466.

Tanksley, S.D., Martin W.G. & Gregory B.M. 1995. Chromosome Landing : A Paradigm for Map-Based Gene Cloning in Plants with Large Genomes. *Trends. Genet.* 11(2):63-68.

Tarigan, S.M. 2016. Penggunaan Marka Molekuler RAPD untuk Identifikasi Hibrida F1 Kelapa Sawit (*Elaeis guineensis* Jacq). *J. Penelitian Pertanian BERNAS.* 12(2):30-44.

Temeles, E.J., JulIA T.N., Jennifer H.N., Se Yeon C., Alexandra R.M. & W. John K. 2016. Pollinator Competition As A Driver Of Floral Divergence: An Experimental Test. *PLoS One.* 11(1):1-17.

Topik, H. & Adi P. 2015. Kajian Filogenetika Molekuler dan Peranannya dalam Menyediakan Informasi Dasar untuk Meningkatkan Kualitas Sumber Genetik Anggrek. *J. Agro Biogen*. 4(1):35-40.

Varshney, R.K., Kamel C., Prasad S.H., Ramesh K.A. & Anderas G. 2007. Comparative Assessment of EST-SSR, EST-SNP and AFLP Markers for

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

Evaluation of Genetic Diversity and Conservation of Genetic Resources Using Wild, Cultivated and Elite Barleys. *Plant Sci*. 173.638–649.

Vitales, D., Alfredo G.F., Jauce P., Joan V., Arnoldo S.G., Robyn S.C., Micahel F.F., Oriane H. & Teresa G. 2014. Key Processes for Cheirolophus (Asteraceae) Diversification on Oceanic Islands Inferred from AFLP Data. *Plos ONE*. 9(11):1-15.

Wahyuni, S., Nurliani, B. & Natalini, N.K. 2013. Karakteristik Morfologi, Potensi Produksi dan Komponen Utama Rimpang Sembilan Nomor Lempuyang Wangi. *J. Littri*. 19(3):99-107.

Wang, X., Lin L., Jiain Z., Fangliang L., Wei G. & Xia, C. 2017. Effects of Different Preservation Methods on ISSR and RAPD. *C.R. Biologies*. 30:1-10.

Watson, D.P. & Roberth R.S. 1974. **Ornamental *Heliconia*s**. Cooperative Exective Service. Hawaii.

Weising, K., Hilde N., Kirsten W. & Gunter K. 1995. **DNA Fingerprinting in Plants and Fungi : Principle, Methods and Applications**. CRC Press. Florida.

Wijayanto, T., Dirvamena & La E. 2013. Hubungan Kekerabatan Aksesi Pisang Kepok (*Musa Paradisiaca* Formatypica) di Kabupaten Muna Berdasarkan Karakter Morfologi dan Penanda RAPD. *J. Agroteknos*. 3(3): 163-170.

Williams, J.G.K., Anne R.K., Kenneth J.L., J. Antoni R. & Scott V.T. 1990. DNA Polymorphisms Amplified by Arbitrary Primers are Useful as Genetic Markers. *Nucleic Acids Res*. 8(22):6531-6536.

Yulianti, F., Norry E. P. & Dita A. 2016. Keragaman Jeruk Fungsional Indonesia Berdasarkan Karakter Morfologis dan Marka RAPD. *J. Agro Biogen.* 12(2): 91-100.

Yulita, K.S. & Tukirin P. 2011. Keragaman Genetika Populasi Pelahlar (*Dipterocarpus littoralis* (Bl.) Kurz) di Pulau Nusakambangan Berdasarkan Profil *Enhanced Random Amplified Polymorphic DNA*. *Berita Biologi*. 10(4):541-548.

Yunanto, T. 2006. **Implikasi Genetik Sistem Silvikultur Tebang Pilih Tanam Jalur (TPTJ) pada Jenis *Shorea johorensis* Berdasarkan Metode RAPD (*RandomAmplified Polymorphic DNA*)**. Departemen Silvikultur Fakultas Kehutanan Institut Pertanian Bogor. Bogor. Skripsi.

Zarei, A., Javad E.M. & Mohsen M. 2018. Phylogenetic Analysis Among Some Pome Fruit Trees of Rosaceae Family Using RAPD Markers. *Biotechnol. Biotechnol. Equip*. 31(2):289-298.

Zedta, R.R., Irwan J. & Abram B. 2018. Keragaman Genetik Tuna Mata Besar (*Bigeye tuna, Thunnus obesus*) di Samudra Hindia Barat Sumatera dan Selatan Jawa. *JPPI*. 24(2):97-104.

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

Zulfahmi. 2013. Penanda DNA Untuk Analisis Genetik Tanaman. *J. Agroteknol.* 3(2):41-52.

Zuraida, A., A.A. Gde Raka D. & Martin J. 2018. Inventarisasi Jenis-Jenis Tanaman Hias Introduksi di Desa Penglipuran, Kabupaten Bangli, Bali. *J. Simbiosis.* 6(1):25-2.

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

LAMPIRAN

Lampiran 1. Hasil Karakterisasi Morfologi 8 Spesies *Heliconia* dan 2 Spesies *Outgroup*

		H. bihai	H. wagneriana	H. chartacea	H. collinsiana	H. rostrata	H. metallica	H. hirsuta	H. psittacorum	R. madagascariensis	P. guyannense
Pseudostem color	Pale green	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
	Green	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0
Pseudostem blotches	No blotches	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
	Small	0	0	1	1	1	0	1	0	0	0
	Medium	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
	Large	1	0	0	0	0	1	0	1	0	0
Pseudostem blotches color	No blotches color	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
	Brown	1	1	1	1	1	0	1	0	0	0
	Brown-purplish	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
	Reddish-brown	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Pseudostem wax	Not waxy	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
	Waxy	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0
Leaf form	Musoid-type	1	1	1	1	1	0	0	1	0	0
	Cannoid-type	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
	Zingiberoid-type	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
	Musoid-type; Palm like-type	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
Leaf blade shape	Narrowly oblong	0	1	1	0	1	1	0	1	0	0

UNIVERSITAS ISLAM NEGERI MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG LIBRARY

	Oblong	1	0	0	1	0	0	1	0	1	1
Leaf blade base	Acute	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
	Oblique	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0
	Rounded	0	0	1	1	1	0	1	1	0	0
	Cordate	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
Leaf blade apex	Acute	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
	Acuminate	0	1	1	1	1	1	1	0	0	0
	Mucronate	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	Rounded	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
Leaf color	Green; pale green	0	1	1	1	0	0	1	1	0	0
	Dark green; pale green	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	Dark green; green	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1
	Dark green purplish; light green purplish	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Wax on leaf upper	Not waxy	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1
	Waxy	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Wax on leaf lower	Not waxy	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1
	Waxy	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Leaf surface texture upper	Dull	1	0	0	0	0	0	0	1	0	0
	Shiny	0	1	1	1	1	1	1	0	1	1
Leaf surface texture lower	Dull	1	0	1	0	1	0	0	0	0	0
	Shiny	0	1	0	1	0	1	1	1	1	1

UNIVERSITY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF
LIBRARY

Leaf surface ripped	Not ripped	1	1	0	0	0	1	1	1	0	1
	Ripped	0	0	1	1	1	0	0	0	1	0
Petiole arrangement	Not fan-like shaped	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0
	Fan-like shaped	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
Petiole color	Light green	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
	Green	1	1	1	1	1	1	1	1	0	1
Petiole texture	Glabrous	1	1	1	1	0	0	0	1	1	1
	Pubescent	0	0	0	0	1	1	1	0	0	0
Ligule color	Light green	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
	Green	1	1	1	1	1	0	1	1	0	0
	Brown and dry	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
Ligule blotches	No blotches	0	0	1	0	0	1	0	0	1	1
	Brown	1	1	0	0	1	0	1	1	0	0
	Brown-red	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Inflorescence type	Erect	1	1	0	0	0	1	1	1	1	1
	Pendent	0	0	1	1	1	0	0	0	0	0
Peduncle color	Yellow; light green	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0
	Light green	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
	Green	0	1	0	0	0	0	0	1	0	1
	Pink	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
	Red	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0
	Red; orange	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0

LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF

Peduncle texture	Glabrous	1	1	1	0	0	1	0	1	1	1
	Pubescent	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0
	Very hairy	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Rachis form	Slightly flexuosus	0	1	1	1	0	1	0	0	0	0
	Straight	1	0	0	0	1	0	1	1	1	1
Rachis color	Yellow; light green	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
	Light green	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
	Green; light green	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
	Green	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1
	Pink	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
	Red; orange	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	Red	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0
	Orange	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Rachis texture	Glabrous	1	1	1	0	0	1	0	1	1	1
	Slightly pubescent	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
	Pubescent	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
	Very hairy	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Bract shape	Shallow and narrow boat-shaped	0	0	0	0	0	1	1	1	0	0
	Boat-shaped	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0
	Stiff boat-shaped	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
	Deeply boat-shaped	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0

UNIVERSITI ISLAM MALAYSIA PERPUSTAKAAN
LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF

	Claw-shaped; like a lobster claw	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
Bract arrangement	Spirally arranged	0	0	1	1	0	0	0	0	0	0
	Distichously arranged	1	1	0	0	1	1	1	1	1	1
Bract appearance	Lax	0	0	1	1	0	1	0	1	1	1
	Compact	1	1	0	0	1	0	1	0	0	0
Bract base color	Pale yellow	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
	Light green	0	0	0	0	0	1	0	0	1	1
	Light green; green	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
	Pale pink	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
	Red	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
	Red; orange	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0
	Orange	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Bract cheek color	Pale yellow	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
	Green	0	0	0	0	0	1	0	0	1	1
	Pale pink	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
	Red	1	1	0	0	1	0	0	0	0	0
	Red; orange	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
	Orange	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Bract keel color	Pale yellow	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
	Light green	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
	Green	0	1	0	0	0	0	0	0	1	1

UNIVERSITAS ISLAM NEGERI MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG LIBRARY

	Pale pink	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
	Red	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
	Red; orange	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0
	Orange	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Bract tip color	Cream	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
	Yellow	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
	Yellow; Light green	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
	Light green	0	1	0	0	0	0	1	0	1	1
	Green	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	Red; orange	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
	Orange; yellow	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
Bract margin color	Cream; light green	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
	Pale yellow	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
	Yellow	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
	Yellow; Light green	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
	Yellow; green	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
	Light brown	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
	Green; light green	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
	Green	0	1	0	0	0	0	0	0	1	0
	Red	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
Bract surface waxy	Not waxy	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0
	Waxy	1	0	1	1	0	0	1	1	1	1

LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF

Lampiran 2. Hasil Karakterisasi Molekuler RAPD 8 Spesies *Heliconia* dan 2 spesies *outgroup*

OPA 1

Ukuran pita (bp)	H5	H4	H11	H15	H12	H14	H2	H7	S1	S2
1300	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
1000	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
900	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
500	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0
350	1	0	1	0	1	0	0	1	0	0
5	3	0	4	0	1	0	0	1	0	0

OPA 2

Ukuran pita (bp)	H5	H4	H11	H15	H12	H14	H2	H7	S1	S2
300	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0
1	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0

OPA 3

Ukuran pita (bp)	H5	H4	H11	H15	H12	H14	H2	H7	S1	S2
1300	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
1000	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
500	1	0	0	0	1	0	1	0	0	0
400	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0
350	1	0	0	1	0	0	0	0	0	0
300	1	1	0	0	0	0	0	0	0	0
6	6	2	0	1	1	0	1	0	0	0

OPA 4

Ukuran pita (bp)	H5	H4	H11	H15	H12	H14	H2	H7	S1	S2
1200	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
900	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
700	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
3	0	0	0	0	0	0	0	0	1	3

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

OPA 5

Ukuran pita (bp)	H5	H4	H11	H15	H12	H14	H2	H7	S1	S2
1300	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0
1200	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
1000	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0
900	1	0	1	0	0	1	1	1	0	0
800	1	0	0	0	1	0	1	0	1	0
500	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1
450	0	0	0	1	1	0	1	1	0	0
7	2	0	1	2	3	1	5	3	2	1

OPA 6

Ukuran pita (bp)	H5	H4	H11	H15	H12	H14	H2	H7	S1	S2
800	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0
700	0	1	0	0	0	1	0	0	0	0
600	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0
500	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
400	0	1	0	0	1	0	1	1	1	1
350	0	1	0	0	0	1	0	1	0	0
6	0	5	0	0	1	4	2	2	1	1

OPA 7

Ukuran pita (bp)	H5	H4	H11	H15	H12	H14	H2	H7	S1	S2
1300	0	0	0	1	0	0	1	0	1	0
1200	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
1000	0	0	0	1	0	0	0	1	1	1
900	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1
700	0	0	0	0	0	0	1	1	0	0
600	0	0	0	0	1	0	0	0	0	1
500	0	0	0	1	1	1	1	1	1	1
400	0	0	0	0	0	0	1	0	1	0
300	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0
9	0	0	0	3	3	1	6	4	6	4

OPA 8

Ukuran pita (bp)	H5	H4	H11	H15	H12	H14	H2	H7	S1	S2
1200	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
1000	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0
700	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
500	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0
4	3	0	0	0	3	0	0	0	0	0

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

OPA 9

Ukuran pita (bp)	H5	H4	H11	H15	H12	H14	H2	H7	S1	S2
1200	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
1100	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
1000	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
700	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
600	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
500	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
400	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0
350	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
8	3	2	0	0	3	0	0	1	0	0

OPA 10

Ukuran pita (bp)	H5	H4	H11	H15	H12	H14	H2	H7	S1	S2
1400	0	0	1	0	0	0	1	0	0	0
1100	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
1000	0	1	1	0	0	0	0	0	0	0
900	1	1	0	0	0	1	0	0	0	1
800	0	0	1	1	0	1	0	0	1	0
700	0	1	0	0	1	1	0	1	0	1
600	1	1	0	1	0	0	1	1	1	0
550	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
500	0	1	1	1	1	1	1	1	0	0
450	0	0	1	0	0	1	1	1	0	1
350	1	0	0	0	1	1	1	1	0	0
300	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0
150	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
13	5	5	5	3	3	7	7	5	2	3

OPA 11

Ukuran pita (bp)	H5	H4	H11	H15	H12	H14	H2	H7	S1	S2
1300	0	0	1	0	0	0	0	1	0	1
1000	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
800	1	1	1	1	0	1	0	1	1	1
600	1	1	0	0	0	1	0	0	0	1
400	0	0	0	1	0	1	0	0	1	0
300	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0
250	0	1	0	1	0	0	0	0	0	0
7	3	4	2	3	0	4	0	2	3	4

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

OPA 13

Ukuran pita (bp)	H5	H4	H11	H15	H12	H14	H2	H7	S1	S2
1000	0	1	0	1	0	0	1	0	0	0
1	0	1	0	1	0	0	1	0	0	0

OPA 15

Ukuran pita (bp)	H5	H4	H11	H15	H12	H14	H2	H7	S1	S2
1000	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0
800	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
700	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
600	0	1	0	0	0	1	1	0	0	0
500	0	0	1	0	0	1	1	1	0	0
5	0	1	1	1	0	3	3	1	0	1

OPA 17

Ukuran pita (bp)	H5	H4	H11	H15	H12	H14	H2	H7	S1	S2
1200	1	0	0	0	0	0	1	0	1	0
1000	1	0	0	0	1	1	1	1	0	0
900	0	1	0	0	0	0	0	0	1	1
700	1	1	0	1	1	0	0	0	0	0
500	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
400	1	0	1	1	1	1	0	0	0	0
6	4	2	1	2	4	2	2	1	2	1

OPA 18

Ukuran pita (bp)	H5	H4	H11	H15	H12	H14	H2	H7	S1	S2
1000	0	0	1	1	0	0	0	1	0	1
500	1	1	0	1	1	1	0	1	0	1
400	1	1	1	0	0	0	1	1	1	1
300	1	0	0	0	0	1	0	1	0	0
250	0	1	0	0	1	0	0	0	0	0
5	3	3	2	2	2	2	1	4	1	3

OPA 19

Ukuran pita (bp)	H5	H4	H11	H15	H12	H14	H2	H7	S1	S2
1000	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
700	1	1	0	0	0	0	0	0	0	1
600	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
500	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
350	1	0	0	0	0	0	0	0	0	1
300	1	1	0	1	0	0	0	0	1	1
200	0	0	1	0	0	1	0	0	1	1
7	3	2	1	1	0	1	0	0	5	7

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

OPA 20

Ukuran pita (bp)	H5	H4	H11	H15	H12	H14	H2	H7	S1	S2
500	1	1	1	1	1	0	1	1	1	1
400	1	1	1	1	1	0	0	1	0	0
350	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
300	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0
4	3	2	2	2	2	1	1	2	1	1

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

Lampiran 3. Ragam Genetik Molekuler 8 Spesies *Heliconia* dan 2 Spesies *Outgroup*

Locus	Band Freq.	p	q	N	Na	Ne	I	He	uHe
Locus1	0.100	0.051	0.949	10.000	2.000	1.108	0.202	0.097	0.102
Locus2	0.100	0.051	0.949	10.000	2.000	1.108	0.202	0.097	0.102
Locus3	0.100	0.051	0.949	10.000	2.000	1.108	0.202	0.097	0.102
Locus4	0.200	0.106	0.894	10.000	2.000	1.233	0.337	0.189	0.199
Locus5	0.400	0.225	0.775	10.000	2.000	1.537	0.534	0.349	0.368
Locus6	0.200	0.106	0.894	10.000	2.000	1.233	0.337	0.189	0.199
Locus7	0.100	0.051	0.949	10.000	2.000	1.108	0.202	0.097	0.102
Locus8	0.100	0.051	0.949	10.000	2.000	1.108	0.202	0.097	0.102
Locus9	0.300	0.163	0.837	10.000	2.000	1.376	0.445	0.273	0.288
Locus10	0.200	0.106	0.894	10.000	2.000	1.233	0.337	0.189	0.199
Locus11	0.200	0.106	0.894	10.000	2.000	1.233	0.337	0.189	0.199
Locus12	0.200	0.106	0.894	10.000	2.000	1.233	0.337	0.189	0.199
Locus13	0.100	0.051	0.949	10.000	2.000	1.108	0.202	0.097	0.102
Locus14	0.200	0.106	0.894	10.000	2.000	1.233	0.337	0.189	0.199
Locus15	0.100	0.051	0.949	10.000	2.000	1.108	0.202	0.097	0.102
Locus16	0.200	0.106	0.894	10.000	2.000	1.233	0.337	0.189	0.199
Locus17	0.100	0.051	0.949	10.000	2.000	1.108	0.202	0.097	0.102
Locus18	0.200	0.106	0.894	10.000	2.000	1.233	0.337	0.189	0.199
Locus19	0.500	0.293	0.707	10.000	2.000	1.707	0.605	0.414	0.436
Locus20	0.400	0.225	0.775	10.000	2.000	1.537	0.534	0.349	0.368
Locus21	0.200	0.106	0.894	10.000	2.000	1.233	0.337	0.189	0.199
Locus22	0.400	0.225	0.775	10.000	2.000	1.537	0.534	0.349	0.368
Locus23	0.200	0.106	0.894	10.000	2.000	1.233	0.337	0.189	0.199
Locus24	0.200	0.106	0.894	10.000	2.000	1.233	0.337	0.189	0.199
Locus25	0.200	0.106	0.894	10.000	2.000	1.233	0.337	0.189	0.199
Locus26	0.100	0.051	0.949	10.000	2.000	1.108	0.202	0.097	0.102
Locus27	0.600	0.368	0.632	10.000	2.000	1.869	0.658	0.465	0.489
Locus28	0.300	0.163	0.837	10.000	2.000	1.376	0.445	0.273	0.288
Locus29	0.300	0.163	0.837	10.000	2.000	1.376	0.445	0.273	0.288
Locus30	0.100	0.051	0.949	10.000	2.000	1.108	0.202	0.097	0.102
Locus31	0.400	0.225	0.775	10.000	2.000	1.537	0.534	0.349	0.368
Locus32	0.400	0.225	0.775	10.000	2.000	1.537	0.534	0.349	0.368
Locus33	0.200	0.106	0.894	10.000	2.000	1.233	0.337	0.189	0.199
Locus34	0.200	0.106	0.894	10.000	2.000	1.233	0.337	0.189	0.199
Locus35	0.700	0.452	0.548	10.000	2.000	1.982	0.689	0.495	0.522
Locus36	0.200	0.106	0.894	10.000	2.000	1.233	0.337	0.189	0.199
Locus37	0.200	0.106	0.894	10.000	2.000	1.233	0.337	0.189	0.199
Locus38	0.100	0.051	0.949	10.000	2.000	1.108	0.202	0.097	0.102
Locus39	0.200	0.106	0.894	10.000	2.000	1.233	0.337	0.189	0.199
Locus40	0.100	0.051	0.949	10.000	2.000	1.108	0.202	0.097	0.102
Locus41	0.200	0.106	0.894	10.000	2.000	1.233	0.337	0.189	0.199
Locus42	0.100	0.051	0.949	10.000	2.000	1.108	0.202	0.097	0.102
Locus43	0.100	0.051	0.949	10.000	2.000	1.108	0.202	0.097	0.102

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

Locus44	0.100	0.051	0.949	10.000	2.000	1.108	0.202	0.097	0.102
Locus45	0.100	0.051	0.949	10.000	2.000	1.108	0.202	0.097	0.102
Locus46	0.100	0.051	0.949	10.000	2.000	1.108	0.202	0.097	0.102
Locus47	0.100	0.051	0.949	10.000	2.000	1.108	0.202	0.097	0.102
Locus48	0.200	0.106	0.894	10.000	2.000	1.233	0.337	0.189	0.199
Locus49	0.100	0.051	0.949	10.000	2.000	1.108	0.202	0.097	0.102
Locus50	0.200	0.106	0.894	10.000	2.000	1.233	0.337	0.189	0.199
Locus51	0.100	0.051	0.949	10.000	2.000	1.108	0.202	0.097	0.102
Locus52	0.200	0.106	0.894	10.000	2.000	1.233	0.337	0.189	0.199
Locus53	0.400	0.225	0.775	10.000	2.000	1.537	0.534	0.349	0.368
Locus54	0.400	0.225	0.775	10.000	2.000	1.537	0.534	0.349	0.368
Locus55	0.500	0.293	0.707	10.000	2.000	1.707	0.605	0.414	0.436
Locus56	0.600	0.368	0.632	10.000	2.000	1.869	0.658	0.465	0.489
Locus57	0.100	0.051	0.949	10.000	2.000	1.108	0.202	0.097	0.102
Locus58	0.700	0.452	0.548	10.000	2.000	1.982	0.689	0.495	0.522
Locus59	0.500	0.293	0.707	10.000	2.000	1.707	0.605	0.414	0.436
Locus60	0.500	0.293	0.707	10.000	2.000	1.707	0.605	0.414	0.436
Locus61	0.200	0.106	0.894	10.000	2.000	1.233	0.337	0.189	0.199
Locus62	0.100	0.051	0.949	10.000	2.000	1.108	0.202	0.097	0.102
Locus63	0.300	0.163	0.837	10.000	2.000	1.376	0.445	0.273	0.288
Locus64	0.200	0.106	0.894	10.000	2.000	1.233	0.337	0.189	0.199
Locus65	0.800	0.553	0.447	10.000	2.000	1.978	0.688	0.494	0.520
Locus66	0.400	0.225	0.775	10.000	2.000	1.537	0.534	0.349	0.368
Locus67	0.300	0.163	0.837	10.000	2.000	1.376	0.445	0.273	0.288
Locus68	0.300	0.163	0.837	10.000	2.000	1.376	0.445	0.273	0.288
Locus69	0.200	0.106	0.894	10.000	2.000	1.233	0.337	0.189	0.199
Locus70	0.300	0.163	0.837	10.000	2.000	1.376	0.445	0.273	0.288
Locus71	0.200	0.106	0.894	10.000	2.000	1.233	0.337	0.189	0.199
Locus72	0.100	0.051	0.949	10.000	2.000	1.108	0.202	0.097	0.102
Locus73	0.100	0.051	0.949	10.000	2.000	1.108	0.202	0.097	0.102
Locus74	0.300	0.163	0.837	10.000	2.000	1.376	0.445	0.273	0.288
Locus75	0.400	0.225	0.775	10.000	2.000	1.537	0.534	0.349	0.368
Locus76	0.300	0.163	0.837	10.000	2.000	1.376	0.445	0.273	0.288
Locus77	0.500	0.293	0.707	10.000	2.000	1.707	0.605	0.414	0.436
Locus78	0.300	0.163	0.837	10.000	2.000	1.376	0.445	0.273	0.288
Locus79	0.400	0.225	0.775	10.000	2.000	1.537	0.534	0.349	0.368
Locus80	0.100	0.051	0.949	10.000	2.000	1.108	0.202	0.097	0.102
Locus81	0.500	0.293	0.707	10.000	2.000	1.707	0.605	0.414	0.436
Locus82	0.400	0.225	0.775	10.000	2.000	1.537	0.534	0.349	0.368
Locus83	0.700	0.452	0.548	10.000	2.000	1.982	0.689	0.495	0.522
Locus84	0.700	0.452	0.548	10.000	2.000	1.982	0.689	0.495	0.522
Locus85	0.300	0.163	0.837	10.000	2.000	1.376	0.445	0.273	0.288
Locus86	0.200	0.106	0.894	10.000	2.000	1.233	0.337	0.189	0.199
Locus87	0.200	0.106	0.894	10.000	2.000	1.233	0.337	0.189	0.199
Locus88	0.300	0.163	0.837	10.000	2.000	1.376	0.445	0.273	0.288
Locus89	0.200	0.106	0.894	10.000	2.000	1.233	0.337	0.189	0.199

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

Locus90	0.200	0.106	0.894	10.000	2.000	1.233	0.337	0.189	0.199
Locus91	0.200	0.106	0.894	10.000	2.000	1.233	0.337	0.189	0.199
Locus92	0.500	0.293	0.707	10.000	2.000	1.707	0.605	0.414	0.436
Locus93	0.400	0.225	0.775	10.000	2.000	1.537	0.534	0.349	0.368
Locus94	0.900	0.684	0.316	10.000	2.000	1.762	0.624	0.432	0.455
Locus95	0.600	0.368	0.632	10.000	2.000	1.869	0.658	0.465	0.489
Locus96	0.100	0.051	0.949	10.000	2.000	1.108	0.202	0.097	0.102
Locus97	0.100	0.051	0.949	10.000	2.000	1.108	0.202	0.097	0.102

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

Lampiran 4. Ragam Genetik Morfologi 8 Spesies *Heliconia* dan 2 Spesies *Outgroup*

Locus	Band Freq.	p	q	N	Na	Ne	I	He	uHe
Locus1	0.200	0.106	0.894	10.000	2.000	1.233	0.337	0.189	0.199
Locus2	0.800	0.553	0.447	10.000	2.000	1.978	0.688	0.494	0.520
Locus3	0.200	0.106	0.894	10.000	2.000	1.233	0.337	0.189	0.199
Locus4	0.400	0.225	0.775	10.000	2.000	1.537	0.534	0.349	0.368
Locus5	0.100	0.051	0.949	10.000	2.000	1.108	0.202	0.097	0.102
Locus6	0.300	0.163	0.837	10.000	2.000	1.376	0.445	0.273	0.288
Locus7	0.200	0.106	0.894	10.000	2.000	1.233	0.337	0.189	0.199
Locus8	0.600	0.368	0.632	10.000	2.000	1.869	0.658	0.465	0.489
Locus9	0.100	0.051	0.949	10.000	2.000	1.108	0.202	0.097	0.102
Locus10	0.100	0.051	0.949	10.000	2.000	1.108	0.202	0.097	0.102
Locus11	0.200	0.106	0.894	10.000	2.000	1.233	0.337	0.189	0.199
Locus12	0.800	0.553	0.447	10.000	2.000	1.978	0.688	0.494	0.520
Locus13	0.600	0.368	0.632	10.000	2.000	1.869	0.658	0.465	0.489
Locus14	0.100	0.051	0.949	10.000	2.000	1.108	0.202	0.097	0.102
Locus15	0.100	0.051	0.949	10.000	2.000	1.108	0.202	0.097	0.102
Locus16	0.200	0.106	0.894	10.000	2.000	1.233	0.337	0.189	0.199
Locus17	0.500	0.293	0.707	10.000	2.000	1.707	0.605	0.414	0.436
Locus18	0.500	0.293	0.707	10.000	2.000	1.707	0.605	0.414	0.436
Locus19	0.100	0.051	0.949	10.000	2.000	1.108	0.202	0.097	0.102
Locus20	0.200	0.106	0.894	10.000	2.000	1.233	0.337	0.189	0.199
Locus21	0.500	0.293	0.707	10.000	2.000	1.707	0.605	0.414	0.436
Locus22	0.200	0.106	0.894	10.000	2.000	1.233	0.337	0.189	0.199
Locus23	0.100	0.051	0.949	10.000	2.000	1.108	0.202	0.097	0.102
Locus24	0.600	0.368	0.632	10.000	2.000	1.869	0.658	0.465	0.489
Locus25	0.100	0.051	0.949	10.000	2.000	1.108	0.202	0.097	0.102
Locus26	0.200	0.106	0.894	10.000	2.000	1.233	0.337	0.189	0.199
Locus27	0.500	0.293	0.707	10.000	2.000	1.707	0.605	0.414	0.436
Locus28	0.100	0.051	0.949	10.000	2.000	1.108	0.202	0.097	0.102
Locus29	0.300	0.163	0.837	10.000	2.000	1.376	0.445	0.273	0.288
Locus30	0.100	0.051	0.949	10.000	2.000	1.108	0.202	0.097	0.102
Locus31	0.900	0.684	0.316	10.000	2.000	1.762	0.624	0.432	0.455
Locus32	0.100	0.051	0.949	10.000	2.000	1.108	0.202	0.097	0.102
Locus33	0.900	0.684	0.316	10.000	2.000	1.762	0.624	0.432	0.455
Locus34	0.100	0.051	0.949	10.000	2.000	1.108	0.202	0.097	0.102
Locus35	0.200	0.106	0.894	10.000	2.000	1.233	0.337	0.189	0.199
Locus36	0.800	0.553	0.447	10.000	2.000	1.978	0.688	0.494	0.520
Locus37	0.300	0.163	0.837	10.000	2.000	1.376	0.445	0.273	0.288
Locus38	0.700	0.452	0.548	10.000	2.000	1.982	0.689	0.495	0.522
Locus39	0.600	0.368	0.632	10.000	2.000	1.869	0.658	0.465	0.489
Locus40	0.400	0.225	0.775	10.000	2.000	1.537	0.534	0.349	0.368
Locus41	0.800	0.553	0.447	10.000	2.000	1.978	0.688	0.494	0.520
Locus42	0.200	0.106	0.894	10.000	2.000	1.233	0.337	0.189	0.199
Locus43	0.100	0.051	0.949	10.000	2.000	1.108	0.202	0.097	0.102

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

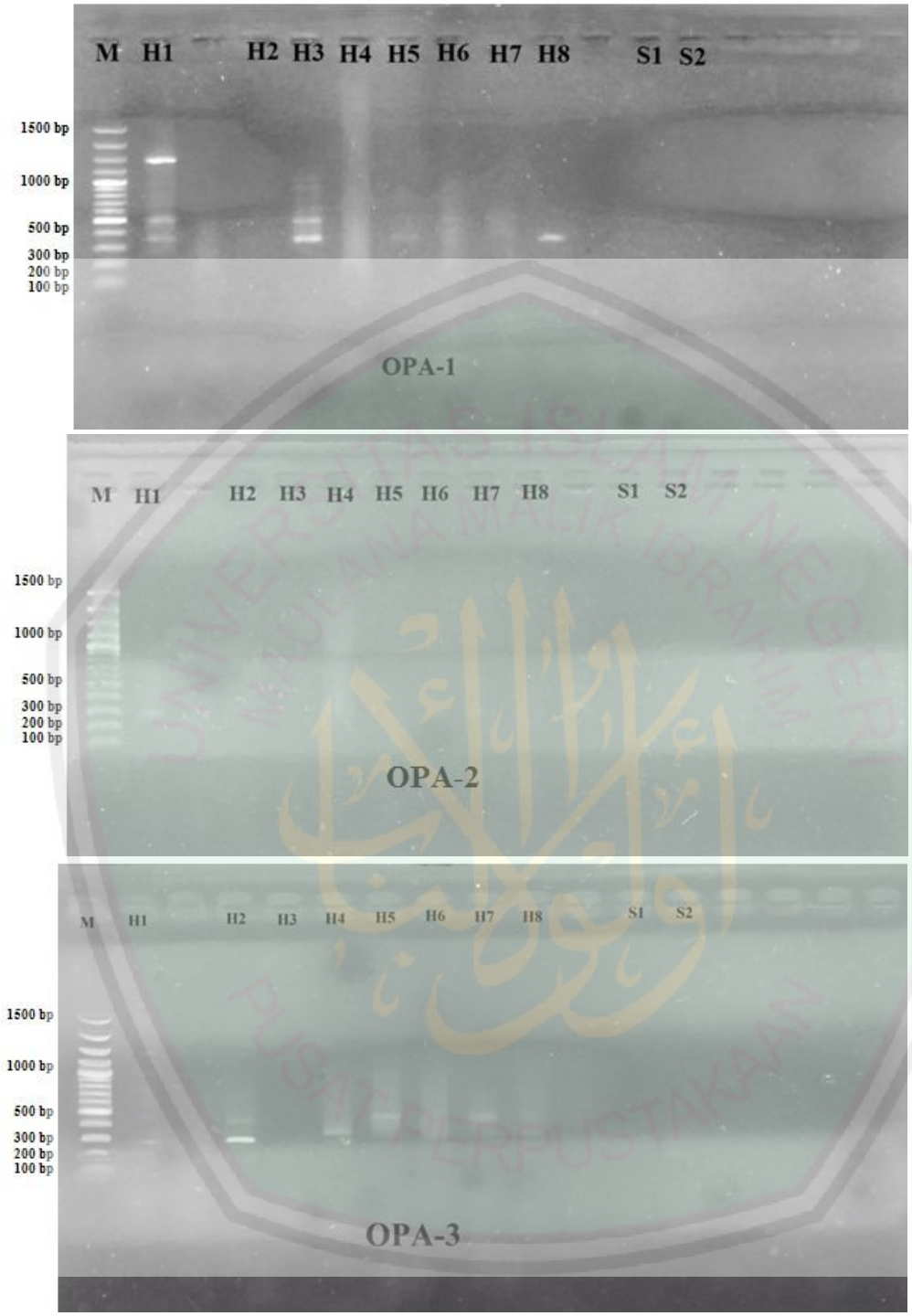
Locus44	0.900	0.684	0.316	10.000	2.000	1.762	0.624	0.432	0.455
Locus45	0.700	0.452	0.548	10.000	2.000	1.982	0.689	0.495	0.522
Locus46	0.300	0.163	0.837	10.000	2.000	1.376	0.445	0.273	0.288
Locus47	0.200	0.106	0.894	10.000	2.000	1.233	0.337	0.189	0.199
Locus48	0.700	0.452	0.548	10.000	2.000	1.982	0.689	0.495	0.522
Locus49	0.100	0.051	0.949	10.000	2.000	1.108	0.202	0.097	0.102
Locus50	0.400	0.225	0.775	10.000	2.000	1.537	0.534	0.349	0.368
Locus51	0.500	0.293	0.707	10.000	2.000	1.707	0.605	0.414	0.436
Locus52	0.100	0.051	0.949	10.000	2.000	1.108	0.202	0.097	0.102
Locus53	0.700	0.452	0.548	10.000	2.000	1.982	0.689	0.495	0.522
Locus54	0.300	0.163	0.837	10.000	2.000	1.376	0.445	0.273	0.288
Locus55	0.200	0.106	0.894	10.000	2.000	1.233	0.337	0.189	0.199
Locus56	0.100	0.051	0.949	10.000	2.000	1.108	0.202	0.097	0.102
Locus57	0.300	0.163	0.837	10.000	2.000	1.376	0.445	0.273	0.288
Locus58	0.100	0.051	0.949	10.000	2.000	1.108	0.202	0.097	0.102
Locus59	0.200	0.106	0.894	10.000	2.000	1.233	0.337	0.189	0.199
Locus60	0.100	0.051	0.949	10.000	2.000	1.108	0.202	0.097	0.102
Locus61	0.700	0.452	0.548	10.000	2.000	1.982	0.689	0.495	0.522
Locus62	0.200	0.106	0.894	10.000	2.000	1.233	0.337	0.189	0.199
Locus63	0.100	0.051	0.949	10.000	2.000	1.108	0.202	0.097	0.102
Locus64	0.400	0.225	0.775	10.000	2.000	1.537	0.534	0.349	0.368
Locus65	0.600	0.368	0.632	10.000	2.000	1.869	0.658	0.465	0.489
Locus66	0.100	0.051	0.949	10.000	2.000	1.108	0.202	0.097	0.102
Locus67	0.100	0.051	0.949	10.000	2.000	1.108	0.202	0.097	0.102
Locus68	0.100	0.051	0.949	10.000	2.000	1.108	0.202	0.097	0.102
Locus69	0.200	0.106	0.894	10.000	2.000	1.233	0.337	0.189	0.199
Locus70	0.100	0.051	0.949	10.000	2.000	1.108	0.202	0.097	0.102
Locus71	0.100	0.051	0.949	10.000	2.000	1.108	0.202	0.097	0.102
Locus72	0.200	0.106	0.894	10.000	2.000	1.233	0.337	0.189	0.199
Locus73	0.100	0.051	0.949	10.000	2.000	1.108	0.202	0.097	0.102
Locus74	0.700	0.452	0.548	10.000	2.000	1.982	0.689	0.495	0.522
Locus75	0.100	0.051	0.949	10.000	2.000	1.108	0.202	0.097	0.102
Locus76	0.100	0.051	0.949	10.000	2.000	1.108	0.202	0.097	0.102
Locus77	0.100	0.051	0.949	10.000	2.000	1.108	0.202	0.097	0.102
Locus78	0.300	0.163	0.837	10.000	2.000	1.376	0.445	0.273	0.288
Locus79	0.200	0.106	0.894	10.000	2.000	1.233	0.337	0.189	0.199
Locus80	0.200	0.106	0.894	10.000	2.000	1.233	0.337	0.189	0.199
Locus81	0.200	0.106	0.894	10.000	2.000	1.233	0.337	0.189	0.199
Locus82	0.100	0.051	0.949	10.000	2.000	1.108	0.202	0.097	0.102
Locus83	0.200	0.106	0.894	10.000	2.000	1.233	0.337	0.189	0.199
Locus84	0.800	0.553	0.447	10.000	2.000	1.978	0.688	0.494	0.520
Locus85	0.600	0.368	0.632	10.000	2.000	1.869	0.658	0.465	0.489
Locus86	0.400	0.225	0.775	10.000	2.000	1.537	0.534	0.349	0.368
Locus87	0.100	0.051	0.949	10.000	2.000	1.108	0.202	0.097	0.102
Locus88	0.300	0.163	0.837	10.000	2.000	1.376	0.445	0.273	0.288
Locus89	0.100	0.051	0.949	10.000	2.000	1.108	0.202	0.097	0.102

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

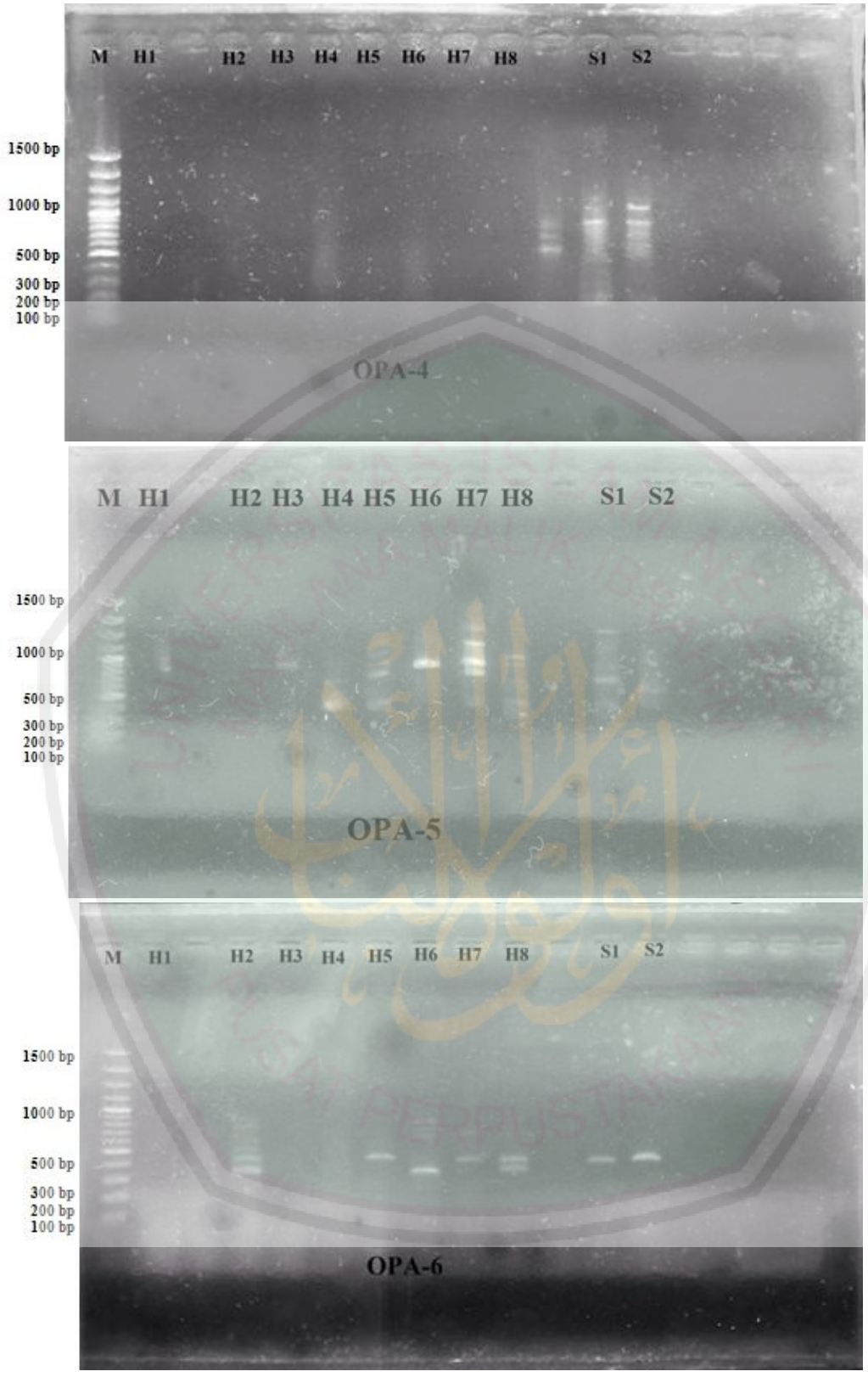
Locus90	0.100	0.051	0.949	10.000	2.000	1.108	0.202	0.097	0.102
Locus91	0.100	0.051	0.949	10.000	2.000	1.108	0.202	0.097	0.102
Locus92	0.200	0.106	0.894	10.000	2.000	1.233	0.337	0.189	0.199
Locus93	0.100	0.051	0.949	10.000	2.000	1.108	0.202	0.097	0.102
Locus94	0.100	0.051	0.949	10.000	2.000	1.108	0.202	0.097	0.102
Locus95	0.300	0.163	0.837	10.000	2.000	1.376	0.445	0.273	0.288
Locus96	0.100	0.051	0.949	10.000	2.000	1.108	0.202	0.097	0.102
Locus97	0.300	0.163	0.837	10.000	2.000	1.376	0.445	0.273	0.288
Locus98	0.100	0.051	0.949	10.000	2.000	1.108	0.202	0.097	0.102
Locus99	0.100	0.051	0.949	10.000	2.000	1.108	0.202	0.097	0.102

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

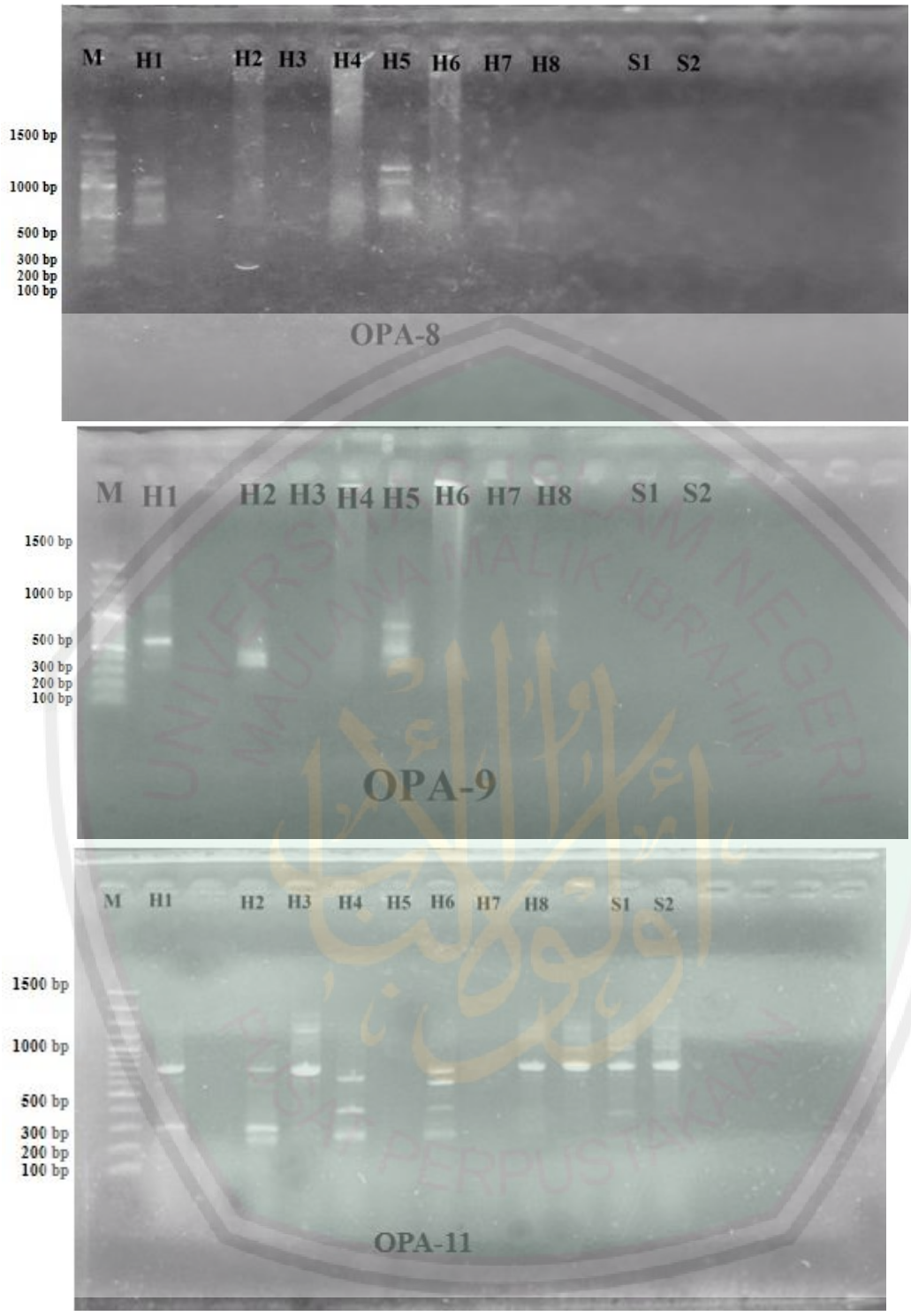
Lampiran 5. Pita DNA Hasil Amplifikasi RAPD



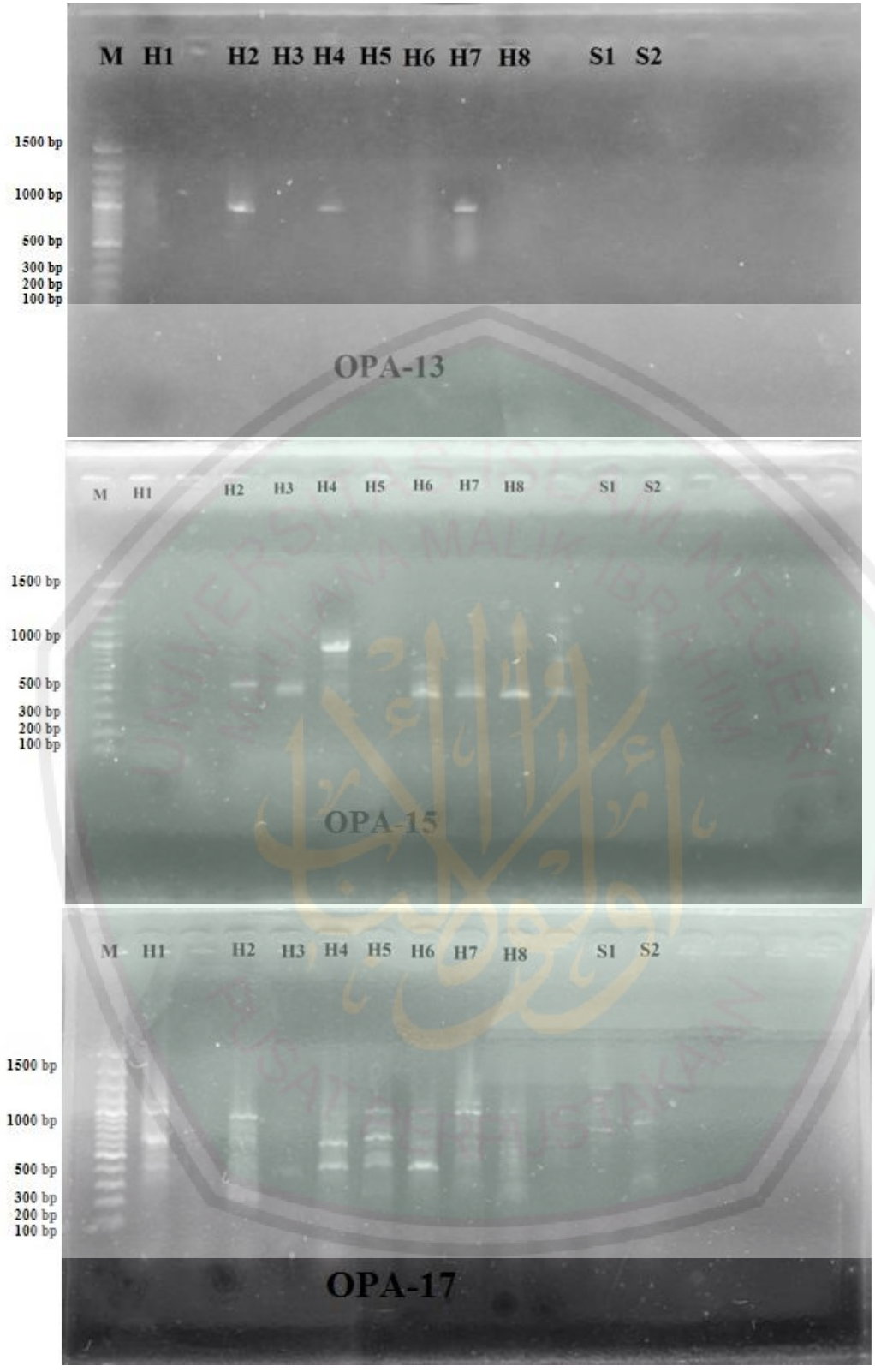
CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG



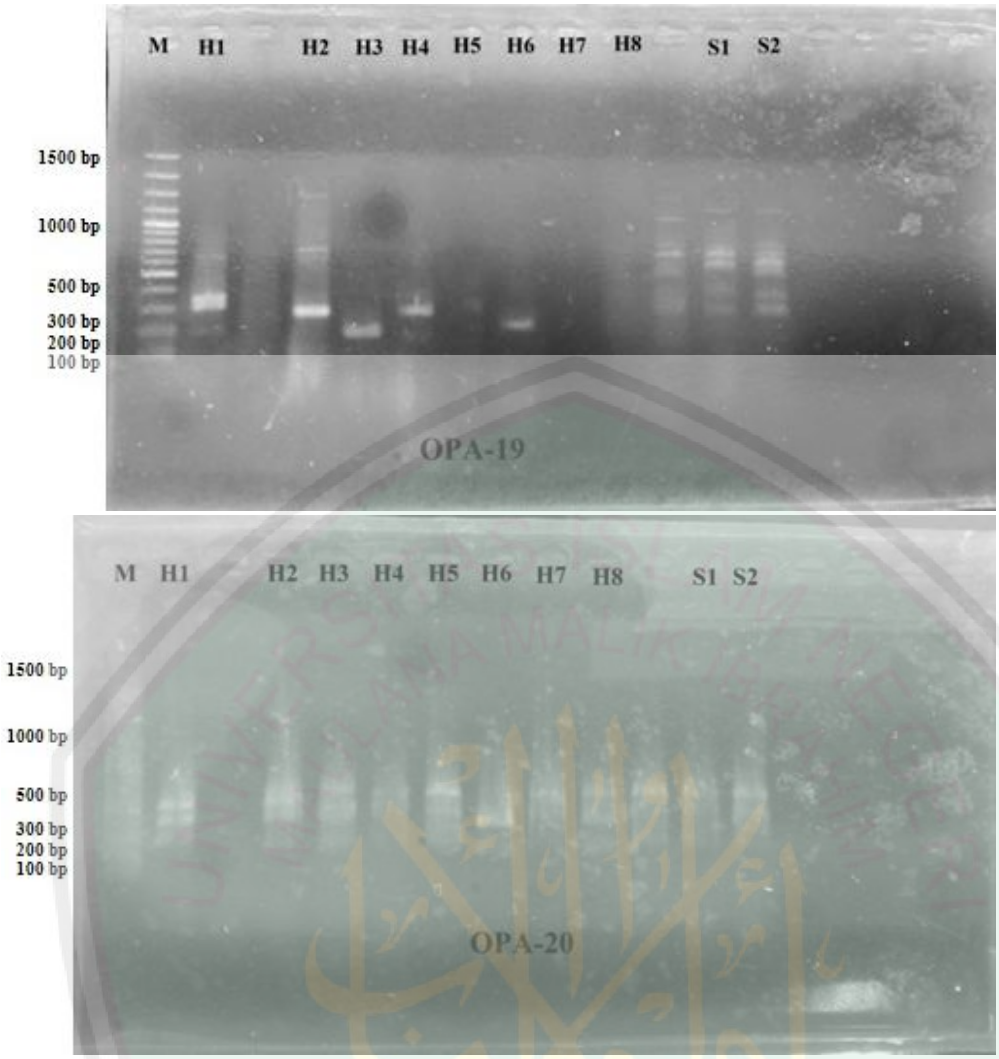
CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG



CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG



CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG



CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

KEMENTERIAN AGAMA
UNIVERSITAS ISLAM NEGERI MAULANA MALIK IBRAHIM MALANG
FAKULTAS SAINS DAN TEKNOLOGI
JURUSAN BIOLOGI
Jl. Gajayana No. 50 Malang 65144 Telp (0341) 558933, Fax. (0341) 558933

KARTU KONSULTASI SKRIPSI

Nama : Siti Faiqotul Kholqiyah
NIM : 16620064
Program Studi : S1 Biologi
Semester : Ganjil TA. 2020/2021.
Pembimbing : Didik Wahyudi, M. Si.
Judul Skripsi : Keragaman Genetik Spesies *Heliconia* Koleksi Kebun Raya Purwodadi Berdasarkan Marka Morfologi dan Molekuler RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*)

No	Tanggal	Uraian Materi Konsultasi	Ttd. Pembimbing
1.	9 Desember 2019	Konsultasi Judul Penelitian	
2.	13 Desember 2019	Konsultasi Kerangka Penelitian	
3.	22 Januari 2020	Konsultasi Bab I	
3.	10 Februari 2020	Konsultasi Bab II	
4.	12 Februari 2020	Konsultasi Bab III	
5.	13 Februari 2020	ACC Proposal	
6.	13 Februari 2020	Pengecekan Plagiasi Naskah	
7.	3 November 2020	Konsultasi BAB IV dan V	
8.	4 November 2020	Konsultasi BAB I-V	
9.	5 November 2020	Pengecekan Plagiasi Naskah	
10	5 November 2020	ACC Skripsi	

Malang, 7 November 2020

Pembimbing Skripsi,

Didik Wahyudi, M. Si.
NIP. 19860102 201801 1 001

Ketua Program Studi,

Dr. Evika Sandi Savitri, M. P
NIP. 197410182003122002

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG

KEMENTERIAN AGAMA
UNIVERSITAS ISLAM NEGERI MAULANA MALIK IBRAHIM MALANG
FAKULTAS SAINS DAN TEKNOLOGI
JURUSAN BIOLOGI
Jl. Gajayana No. 50 Malang 65144 Telp (0341) 558933, Fax. (0341) 558933

BUKTI KONSULTASI SKRIPSI

Nama : Siti Faiqotul Kholqiyah
NIM : 16620064
Program Studi : S1 Biologi
Semester : Ganjil TA. 2020/2021
Pembimbing : Didik Wahyudi, M. Si.
Judul Skripsi : Keragaman Genetik Spesies *Heliconia* Koleksi Kebun Raya Purwodadi Berdasarkan Marka Morfologi dan Molekuler RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*)

No	Tanggal	Uraian Materi Konsultasi	Ttd. Pembimbing
1.	6 Februari 2020	Konsultasi Integrasi Ayat Bab I	
2.	7 Februari 2020	Konsultasi Integrasi Ayat Bab II	
3.	12 Februari 2020	ACC Integrasi Bab I dan II	
4.	2 November 2020	Konsultasi Integrasi Ayat Bab IV	
5.	4 November 2020	Konsultasi Integrasi Ayat Bab IV	
6.	4 November 2020	ACC Integrasi Bab IV	

Malang, 4 November 2020

Pembimbing Skripsi,

Dr. M. Mukhlis Fahruddin, M.S.I
NIPT. 20142011409

Ketua Program Studi,

Dr. Evika Sandi Savitri, M. P
NIP. 197410182003122002

CENTRAL LIBRARY OF MAULANA MALIK IBRAHIM STATE ISLAMIC UNIVERSITY OF MALANG