

**PENGELOMPOKAN KLON MANGGA GOLEK (*Mangifera indica* L. cv.
Golek) BERDASARKAN KARAKTER MORFOLOGI DAN MARKA
MOLEKULER ISSR (*Inter-Simple Sequence Repeat*)**

SKRIPSI

**Oleh:
AHMAD WALADIN SYAFA
NIM. 17620014**



**PROGRAM STUDI BIOLOGI
FAKULTAS SAINS DAN TEKNOLOGI
UNIVERSITAS ISLAM NEGERI MAULANA MALIK IBRAHIM
MALANG
2021**

**PENGELOMPOKAN KLON MANGGA GOLEK (*Mangifera indica* L. cv.
Golek) BERDASARKAN KARAKTER MORFOLOGI DAN MARKA
MOLEKULER ISSR (*Inter-Simple Sequence Repeat*)**

SKRIPSI

**Oleh:
AHMAD WALADIN SYAFA
NIM. 17620014**

**Diajukan Kepada:
Fakultas Sains dan Teknologi
Universitas Islam Negeri 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
2021**

PENGELOMPOKAN KLON MANGGA GOLEK (*Mangifera indica* L. cv. Golek) BERDASARKAN KARAKTER MORFOLOGI DAN MARKA MOLEKULER ISSR (*Inter-Simple Sequence Repeat*)

SKRIPSI

Oleh:
AHMAD WALADIN SYAFA
NIM. 17620014

Telah diperiksa dan disetujui untuk diuji:
Tanggal: 4 November 2021

Pembimbing I



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

Pembimbing II



Oky Bagas Prasetyo, M.Pd.I
NIDT. 19890113 20180201 1 244

Mengetahui,

Ketua Program Studi Biologi
UIN Maulana Malik Ibrahim Malang



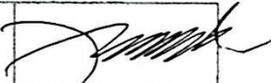
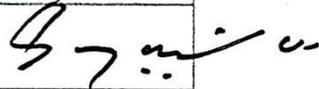
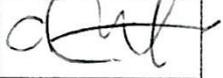

Dr. Evika Sandi Savitri, M. P
NIP. 19741018 200312 2 002

PENGELOMPOKAN KLON MANGGA GOLEK (*Mangifera indica* L. cv. Golek) BERDASARKAN KARAKTER MORFOLOGI DAN MARKA MOLEKULER ISSR (*Inter-Simple Sequence Repeat*)

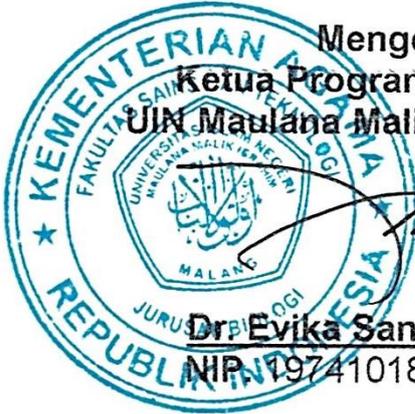
SKRIPSI

Oleh:
AHMAD WALADIN SYAFA
NIM. 17620014

telah dipertahankan
di depan Dewan Penguji Skripsi dan dinyatakan diterima
sebagai salah satu persyaratan untuk memperoleh gelar
Sarjana Sains (S.Si)
Tanggal: 15 November 2021

Ketua Penguji	Dr. Evika Sandi Savitri, M.P NIP. 19741018 200312 2 002	
Anggota Penguji 1	Suyono, M.P NIP. 19710622 200312 1 002	
Anggota Penguji 2	Didik Wahyudi, M.Si NIP. 19860102 201801 1 001	
Anggota Penguji 3	Oky Bagas Prasetyo, M.Pd.I NIDT. 19890113 20180201 1 244	

Mengetahui,
Ketua Program Studi Biologi
UIN Maulana Malik Ibrahim Malang



Dr. Evika Sandi Savitri, M.P
NIP. 19741018 200312 2 002

HALAMAN PERSEMBAHAN

Skripsi ini dipersembahkan untuk semua orang yang telah mendukung penulis dalam penyusunan skripsi ini, khususnya:

1. Kedua orangtua, Bapak Muadjir dan Ibu Sholihatun yang telah membesarkan, merawat, membimbing, mendoakan dan membawa penulis hingga pada detik ini. Kedua saudara penulis, Indah Rofahiyah dan Ahmad Wahib Syukrony yang telah memberikan semangat dan support (dengan cara tersendiri) kepada penulis untuk menyelesaikan segala urusan dan juga seluruh keluarga yang selalu memberi semangat, support dan doa.
2. Romaidi, M.Sc., D.Sc. (Alm) dan Tyas Nyonita Punjungsari, M.Sc., selaku dosen wali yang telah memberikan bimbingan kepada penulis dari awal hingga akhir studi.
3. Didik Wahyudi, M.Si., selaku dosen pembimbing skripsi yang telah banyak meluangkan waktu, tenaga, serta ilmu untuk memberikan bimbingan kepada penulis dengan penuh kesabaran sehingga penulis dapat menyelesaikan skripsi dengan baik.
4. Oky Bagas Prasetyo, M.Pd.I., selaku dosen pembimbing agama yang telah banyak memberikan bimbingan terkait integrasi sains dan islam.
5. Teman-teman seperjuangan khususnya Arum, Fikron, Intan, Kikik, Marisa, Stiven yang telah memberikan motivasi, semangat dan support kepada penulis untuk menyelesaikan studi ini dengan baik.
6. Tim kekerabatan 2021 (Nensy, Nopik, Prisela, Zahro) yang selalu memberi semangat, support dan membantu penulis dalam menyelesaikan penelitian.
7. Teman-teman kontrakan (Abdi, Cena, Fahmi, Fendi, Jamil, Mamad, Mardianto, Muhajir, Panji, Rahadi, Yunus) yang telah memberikan support kepada penulis hingga akhir studi.
8. Teman-teman Wolves Biologi 2017 dan ABIO 2017 yang selalu memberi semangat dan doa kepada penulis untuk menyelesaikan studi ini dengan baik.

MOTTO

“Bismillah Walhamdulillah”

HALAMAN PERNYATAAN KEASLIAN TULISAN

Saya yang bertanda tangan di bawah ini:

Nama : Ahmad Waladin Syafa
NIM : 17620014
Program Studi : Biologi
Fakultas : Sains dan Teknologi
Judul Penelitian : Pengelompokan Klon Mangga Golek
(*Mangifera indica* L. cv. Golek)
Berdasarkan Karakter Morfologi Dan Marka
Molekuler ISSR (*Inter-Simple Sequence
Repeat*)

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

Malang, 15 November 2021
yang membuat pernyataan,



Ahmad Waladin Syafa
NIM. 17620014

PEDOMAN PENGGUNAAN SKRIPSI

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

**Pengelompokan Klon Mangga Golek (*Mangifera indica* L. cv. Golek)
Berdasarkan Karakter Morfologi Dan Marka Molekuler ISSR (*Inter-Simple
Sequence Repeat*)**

Ahmad Waladin Syafa, Didik Wahyudi, Oky Bagus Prasetyo

Program Studi Biologi, Fakultas Sains dan Teknologi, Universitas Islam Negeri
Maulana Malik Ibrahim Malang

ABSTRAK

Mangga golek merupakan salah satu varietas mangga yang berasal dari Indonesia. Mangga golek dibudidayakan di Kebun Percobaan Cukurogondang, Pasuruan sebanyak 9 klon mangga dari daerah yang berbeda-beda. Namun, sampai saat ini baru satu dari delapan klon mangga golek yang telah tersertifikasi oleh Kementerian Pertanian. Sertifikasi ini menjadi jaminan bahwa varietas yang beredar memiliki keunggulan dan tidak merugikan bagi masyarakat dan lingkungan. Salah satu syarat untuk mendapat sertifikasi tersebut yaitu perlu dilakukannya karakterisasi pada klon mangga golek. Karakterisasi dilakukan berdasarkan karakter morfologi dan marka molekuler. Karakterisasi morfologi diamati secara langsung hanya pada organ vegetatif yang berdasarkan panduan dari *Descriptors for mango (Mangifera indica L.)*. Marka molekuler yang digunakan adalah ISSR (*Inter-Simple Sequence Repeat*) dengan empat macam primer yaitu ISSR-835, ISSR-843, ISSR-848, ISSR-855. Data karakterisasi morfologi dan molekuler yang berupa skoring dianalisis menggunakan program PAST (*Paleontological Statistics*) untuk mengetahui pengelompokan, nilai koefisien similaritas dan keragaman, sedangkan untuk mengetahui primer terbaik dianalisis menggunakan program Microsoft Excel. Sebanyak 9 klon mangga golek memiliki karakter morfologi yang beragam dan karakter yang seragam. Analisis pengelompokan berdasarkan karakter morfologi menunjukkan bahwa 9 klon mangga golek mengelompok menjadi 3 grup. Analisis pengelompokan berdasarkan marka molekuler ISSR pada mangga golek menghasilkan 4 grup dan memiliki anggota grup yang berbeda dari pengelompokan berdasarkan karakter morfologi. Hasil amplifikasi DNA menggunakan keempat primer menunjukkan bahwa primer ISSR-835 dan ISSR-843 mampu menghasilkan pita DNA polimorfik dengan presentase 100%, namun sampel yang teramplifikasi dengan baik pada primer ISSR-835.

Kata kunci: *mangga golek, karakter morfologi, marka ISSR,*

Clone Grouping of Mango Golek (*Mangifera indica* L. cv. Golek) Based on Morphological Characters and ISSR (*Inter-Simple Sequence Repeat*) Molecular Markers

Ahmad Waladin Syafa, Didik Wahyudi, Oky Bagas Prasetyo

Biology Department, Sains and Technology Faculty, State Islamic University of Maulana Malik Ibrahim Malang

ABSTRACT

Mango golek is one of the mango varieties originating from Indonesia. Mango golek is cultivated at the Cukurogondang Experimental Garden, Pasuruan as many as ninth mango clones from different areas. However, until now only one of eight mango golek clones has been certified by the Ministry of Agriculture. This certification is a guarantee that the varieties in circulation have advantages and are not detrimental to society and the environment. One of the requirements for obtaining the certification is the need to characterize the mango golek clone. Characterization was carried out based on morphological characters and molecular markers. Morphological characterization was observed directly only in vegetative organs based on the guidelines from Descriptors for mango (*Mangifera indica* L.). The molecular marker used is ISSR (Inter-Simple Sequence Repeat) with four types of primers, namely ISSR-835, ISSR-843, ISSR-848, ISSR-855. Morphological and molecular characterization data in the form of scoring were analyzed using the PAST (Paleontological Statistics) program to determine grouping, similarity, and diversity coefficient values, while determining the best primers were analyzed using the Microsoft Excel program. A total of 9 mango golek clones had diverse morphological characters and uniform characters. Grouping analysis based on morphological characters showed that 9 mango golek clones were grouped into 3 groups. Grouping analysis based on ISSR molecular markers on mango golek resulted in 4 groups and had different group members from the grouping based on morphological characters. The results of DNA amplification using the four primers showed that the ISSR-835 and ISSR-843 primers were able to produce polymorphic DNA bands with a percentage of 100%, but the samples were well amplified on the ISSR-835 primer.

Keywords: *Mango golek, Morphological characters, ISSR markers*

تجميع استنساخ مانجو جوليك (*Mangifera indica* L. cv. Golek) استناداً إلى الشخصيات المورفولوجية
والعلامات الجزئية ISSR (*Inter-Simple Sequence Repeat*)

احمد ولدين شفا، ديديك وحيودي، أوكي باكاس فراستيا

قسم علم الحياة، كلية العلوم والتكنولوجيا، جامعة مولانا مالك إبراهيم الإسلامية الحكومية مالانج

مستخلص البحث

مانجو جوليك هو أحد أصناف المانجو التي نشأت في إندونيسيا. يُزرع مانجو جوليك في حديقة التجريبية جوكوروغونداغ، فاسوروان ما يصل إلى ٩ استنساخ للمانجو من مناطق مختلفة. ومع ذلك، حتى الآن تم اعتماد واحدة فقط من ثمانية أنواع من المانجو جوليك من قبل وزارة الزراعة. هذه الشهادة هي ضمان أن الأصناف المتداولة لها مزايا وليست ضارة بالمجتمع والبيئة. أحد متطلبات الحصول على الشهادة هو الحاجة إلى توصيف استنساخ مانجو جوليك. تم إجراء التوصيف بناءً على الخصائص المورفولوجية والعلامات الجزئية. لوحظ التوصيف المورفولوجي مباشرة فقط في الأعضاء الخضرية بناءً على *Descriptors for mango* (*Mangifera indica* L.). العلامة الجزئية المستخدمة هي ISSR (*Inter-Simple Sequence Repeat*) مع أربعة أنواع من البادئات، وهي ISSR-835 و ISSR-843 و ISSR-848 و ISSR-855. تم تحليل بيانات التوصيف المورفولوجي والجزئي في شكل نقاط باستخدام برنامج PAST (*Paleontological Statistics*) لتحديد قيم معامل التجميع والتشابه والتنوع، بينما تم تحليل أفضل بادئات باستخدام برنامج Microsoft Excel. مجموعته ٩ من استنساخ مانجو جوليك لها سمات مورفولوجية متنوعة وشخصيات موحدة. أظهر تحليل التجميع بناءً على الصفات المورفولوجية أن ٩ مستنسخات من مانجو جوليك تم تجميعها في ٣ مجموعات. نتج عن تحليل التجميع بناءً على الواسمات الجزئية ISSR على مانجو جوليك ٤ مجموعات وكان لها أعضاء مختلفون من المجموعة بناءً على الصفات المورفولوجية. أظهرت نتائج تضخيم الحمض النووي باستخدام البادئات الأربعة أن البادئات ISSR-835 و ISSR-843 كانت قادرة على إنتاج نطاقات DNA متعددة الأشكال بنسبة ١٠٠ %، ولكن تم تضخيم العينات جيداً على ISSR-835 التمهيدي.

مفاتيح الكلمة: المانجو جوليك، الشخصيات المورفولوجية، علامات ISSR

KATA PENGANTAR

Assalamu'alaikum Wr. Wb.

Bismillahirrohmaanirrohiim, segala puji bagi Allah Tuhan semesta alam karena atas berkat dan rahmat-Nya penulis dapat menyelesaikan tugas akhir ini yang berjudul “Pengelompokan Klon Mangga Golek (*Mangifera indica* L. cv. Golek) Berdasarkan Karakter Morfologi Dan Marka Molekuler ISSR (*Inter-Simple Sequence Repeat*)”. Tidak lupa pula shalawat dan salam disampaikan kepada junjungan Nabi besar Muhammad SAW. yang telah menegakkan diinul Islam yang terpatri hingga akhirul zaman. Aaamiiin.

Berkat bimbingan dan dorongan dari berbagai pihak maka penulis mengucapkan terima kasih yang tak terkira khususnya kepada:

1. Prof. Dr. H. M. Zainuddin, MA., selaku Rektor Universitas Islam Negeri Maulana Malik Ibrahim Malang.
2. Dr. Sri Hariani, M.Si., selaku Dekan Fakultas Sains dan Teknologi Universitas Islam Negeri Maulana Malik Ibrahim Malang.
3. Dr. Evika Sandi Savitri, M.P., selaku Ketua Program Studi Biologi, Fakultas Sains dan Teknologi, Universitas Islam Negeri Maulana Malik Ibrahim Malang.
4. Didik Wahyudi, M.Si., dan Oky Bagas Prasetyo, M.Pd.I., selaku pembimbing I dan II, yang telah membimbing penulis dengan penuh kesabaran dan keikhlasan dalam meluangkan waktu untuk membimbing penulis sehingga tugas akhir ini dapat terselesaikan.
5. Ir. Karsinah, M.Si., selaku pembimbing penelitian selama berada di Kebun Percobaan IP2TP Cukurgondang.
6. Romaidi, M.Sc., D.Sc. (Alm) dan Tyas Nyonita Punjungsari, M.Sc., selaku Dosen wali, yang telah membimbing dan memberikan masukan sehingga penulis dapat menyelesaikan studi dengan baik.
7. Dr. Evika Sandi Savitri M.P., dan Suyono, M.P., selaku penguji yang telah memberikan kritik, saran dan masukan yang membangun terkait skripsi penulis.

Semoga amal baik yang telah diberikan kepada penulis mendapat balasan dari Allah SWT.

Wassalamu'alaikum Wr. Wb.

Malang, 31 Oktober 2021

Penulis

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
BAB I. PENDAHULUAN	
1.1 Latar Belakang	1
1.2 Rumusan Masalah	6
1.3 Tujuan Penelitian.....	7
1.4 Manfaat Penelitian.....	7
1.5 Batasan Masalah.....	8
BAB II. TINJAUAN PUSTAKA	
2.1 Botani Umum Mangga Golek	9
2.1.1 Taksonomi Mangga Golek	9
2.1.2 Morfologi Mangga Golek	10
2.2 Persebaran Mangga Golek	15
2.3 <i>Inter-Simple Sequence Repeat</i> (ISSR).....	16
2.4 Sistematika dan Pengelompokan.....	16
BAB III. METODE PENELITIAN	
3.1 Rancangan Penelitian	20
3.2 Waktu dan Tempat	20
3.3 Alat dan Bahan	20
3.4 Prosedur Penelitian.....	22
3.4.1 Sampel Penelitian	22
3.4.2 Karakterisasi Morfologi.....	22
3.4.3 Analisis Molekuler.....	22
3.4.3.1 Isolasi DNA	22
3.4.3.2 Uji Kualitatif DNA	23
3.4.3.3 Amplifikasi DNA	24
3.5 Analisis Data	25
3.5.1 Skoring Data	25
3.5.1.1 Karakter Morfologi.....	25

3.5.1.2	Marka Molekuler	25
3.5.2	Analisis Pengelompokan	25
3.5.2.1	Analisis Pengelompokan Berdasarkan Karakter Morfologi.....	25
3.5.2.2	Analisis Pengelompokan Berdasarkan Marka Molekuler.....	26
3.5.3	Analisis Efisiensi Primer	27

BAB IV. HASIL DAN PEMBAHASAN

4.1	Pengelompokan Klon Mangga Golek Berdasarkan Karakter Morfologi	29
4.2	Pengelompokan Klon Mangga Golek Berdasarkan Marka Molekuler	41
4.3	Konsistensi Pengelompokan Klon Mangga Golek Berdasarkan Karakter Morfologi Dan Marka Molekuler.....	50

BAB V. PENUTUP

5.1	Kesimpulan.....	53
5.2	Saran.....	53

DAFTAR PUSTAKA	54
-----------------------------	----

LAMPIRAN	64
-----------------------	----

DAFTAR TABEL

Tabel	Halaman
3.1 Daftar primer ISSR yang digunakan	21
3.2 Daftar nama 12 mangga yang digunakan	21
4.1 Nilai koefisien similaritas berdasarkan karakter morfologi	33
4.2 Nilai koefisien similaritas berdasarkan marka molekuler	45
4.3 Hasil analisis efektivitas primer	48

DAFTAR GAMBAR

Gambar	Halaman
2.1 Penampakan morfologi pohon mangga golek.....	10
2.2 Penampakan morfologi daun mangga golek.....	11
2.3 Penampakan bunga pohon mangga.....	12
2.4 Bagian-bagian bunga mangga.....	12
2.5 Penampakan buah mangga golek.....	14
2.6 Pohon filogenetik.....	18
4.1 Fenogram klon mangga berdasarkan karakter morfologi.....	34
4.2 Karakter sinapomorfi grup 1.....	35
4.3 Karakter sinapomorfi grup 2.....	35
4.4 Karakter sinapomorfi grup 3.....	35
4.5 Hasil analisis biplot pada klon mangga.....	38
4.6 Visualisasi hasil amplifikasi DNA marka ISSR.....	42
4.7 Fenogram klon mangga berdasarkan marka molekuler.....	46
4.8 Analisis koordinat berdasarkan marka molekuler.....	47

DAFTAR LAMPIRAN

Lampiran	Halaman
1. Variasi Bentuk Kanopi Pada Klon Mangga	64
2. Variasi Bentuk Pertumbuhan Pohon Pada Klon Mangga	64
3. Variasi Bentuk Helaian Daun Pada Klon Mangga.....	65
4. Variasi Susunan Daun Terhadap Batang Pada Klon Mangga.....	65
5. Variasi Panjang Daun Pada Klon Mangga.....	66
6. Variasi Lebar Daun Pada Klon Mangga	66
7. Variasi Panjang Tangkai Daun Pada Klon Mangga.....	67
8. Variasi Bentuk Ujung Daun Pada Klon Mangga	67
9. Variasi Bentuk Tepi Daun Pada Klon Mangga.....	68
10. Variasi Warna Daun Muda Pada Klon Mangga.....	68
11. Tabel Karakter Morfologi Mangga Yang Diamati.....	69
12. Tabel Karakterisasi Mangga Berdasarkan Karakter Morfologi	71
13. Tabel Nilai Analisis PCA.....	72
14. Tabel Karakterisasi Mangga Berdasarkan Marka Molekuler ISSR.....	73
15. Kartu Konsultasi Pembimbing I.....	75
16. Kartu Konsultasi Pembimbing II	76
17. <i>Checklist</i> Plagiasi	77

BAB I PENDAHULUAN

1.1 Latar Belakang

Indonesia merupakan salah satu negara dengan tingkat keanekaragaman flora yang melimpah di dunia (Kusmana & Hikmat, 2015). Indonesia berada di iklim tropis yang banyak jenis dan ragam tumbuhan dapat tumbuh dan berkembang dengan baik didalamnya (Gunita & Nugraha, 2014). Tumbuhan dengan bermacam jenisnya yang tumbuh di bumi ini diciptakan oleh Allah SWT (Manusama, 2015) dengan dilengkapi adanya karakteristik yang spesifik pada morfologi sehingga dapat digunakan sebagai pembeda masing-masing jenis tumbuhan (Astuti & Munawaroh, 2011; Sartiami dkk., 2015; Lestari et al., 2017; Wahyuni & Siregar, 2020). Hal ini sesuai dengan firman Allah SWT dalam surah Al-An'am ayat 99 sebagai berikut:

وَهُوَ الَّذِي أَنْزَلَ مِنَ السَّمَاءِ مَاءً فَأَخْرَجْنَا بِهِ نَبَاتَ كُلِّ شَيْءٍ فَأَخْرَجْنَا مِنْهُ خَضِرًا نُخْرِجُ مِنْهُ حَبًّا مُتَرَاكِبًا وَمِنَ التَّخْلِ مِمَّنْ طَلَعَهَا قِنْوَانٌ دَانِيَةٌ وَجَذْتٌ مِنَ أَعْنَابٍ وَالزَّيْتُونَ وَالرَّمَانَ مُشْتَبِهًا وَغَيْرَ مُتَشَابِهٍ انظُرُوا إِلَى ثَمَرِهِ إِذَا أَثْمَرَ وَيَنْعِهِ إِنَّ فِي ذَلِكَ لَآيَاتٍ لِّقَوْمٍ يُؤْمِنُونَ ﴿٩٩﴾

“Dialah yang menurunkan air dari langit lalu dengannya Kami menumbuhkan segala macam tumbuhan. Maka, darinya Kami mengeluarkan tanaman yang menghijau. Darinya Kami mengeluarkan butir yang bertumpuk (banyak). Dari mayang kurma (mengurai) tangkai-tangkai yang menjuntai. (Kami menumbuhkan) kebun-kebun anggur. (Kami menumbuhkan pula) zaitun dan delima yang serupa dan yang tidak serupa. Perhatikanlah buahnya pada waktu berbuah dan menjadi masak. Sesungguhnya pada yang demikian itu benar-benar terdapat tanda-tanda (kekuasaan Allah) bagi kaum yang beriman” (Q.S. Al-An'am [6]:99).

Ayat diatas menjelaskan bahwa Allah SWT menciptakan tumbuhan dengan berbagai macam jenisnya yang ditunjukkan dengan lafadz نَبَاتٌ yang artinya “segala macam tumbuhan” dan terdapat karakter pembeda disetiap

jenisnya yang ditunjukkan dengan lafadz مُشْتَبِهًاوَعَيْرُ مُتَشَبِهٍ yang artinya “yang serupa dan yang tidak serupa”. Berbagai macam jenis tumbuhan juga disebutkan oleh Allah SWT yang ditunjukkan dengan lafadz النَّخْلُ yang artinya “mayang kurma”, lafadz وَجَنَّاتٍ مِّنْ أَعْنَابٍ yang artinya “dan kebun-kebun anggur”, dan lafadz وَالزَّيْتُونِ وَالرُّمَّانِ yang artinya “dan (Kami keluarkan pula) zaitun dan delima” (Katsir, 2004). Diciptakannya tumbuhan dengan berbagai macam jenisnya dan didukung dengan adanya karakter yang sama dan yang berbeda pada tumbuhan, maka bisa menunjang manusia untuk mengelompokkan tumbuh-tumbuhan berdasarkan morfologinya.

Mangga merupakan salah satu tanaman buah yang termasuk ke dalam kelompok tanaman buah utama dunia selain pisang, nanas, pepaya, alpukat (Siddiq, 2017). Hal ini dibuktikan dengan meningkatnya produksi mangga dunia dari tahun 2016–2019 (FAO, 2021). Terdapat 20 negara dengan tingkat produksi mangga tertinggi di dunia, salah satunya adalah Indonesia (FAO, 2021).

Indonesia menempati posisi kedua dengan produksi mangga sebanyak 11.128.883 ton atau 5,76% dari kebutuhan mangga dunia dari tahun 2016–2019 (FAO, 2021). Mangga menjadi salah satu komoditas utama tanaman buah hortikultura di Indonesia (Sembiring dkk., 2020). Buah mangga menduduki posisi kedua setelah pisang dalam komoditas unggulan buah-buahan Indonesia di tahun 2020. Terdapat lima provinsi dengan produksi mangga terbesar di Indonesia, antara lain Jawa Timur 44,61% (1.292.960 ton), Jawa Tengah 16,63% (481.920 ton), Jawa Barat 15,27% (442.587 ton), Nusa Tenggara Barat 4,84% (140.242 ton) dan Sulawesi Selatan 3,98% (115.418 ton) (BPS, 2020).

Mangga termasuk dalam marga *Mangifera* yang beranggotakan 69 spesies (Ho & Tu, 2019). Hal ini yang menjadikan *Mangifera* sebagai salah satu marga terbesar di suku *Anacardiaceae* (Hidayat *et al.*, 2011). Spesies mangga yang ada di Indonesia sangat beragam yaitu *Mangifera indica* L., *M. caesia* Jack., *M. foetida* Lout., *M. kemanga* Bl., *M. laurina* Bl., *M. odorata* Griff., *M. pajang* Kostermans., dan *M. sylvatica* Roxb. (Kostermans & Bompard, 1993). Namun, hanya ada empat spesies mangga yang dapat dimakan yaitu, *M. caesia*, *M. foetida*, *M. odorata* dan *M. indica* (Yamanaka *et al.*, 2006). Spesies *M. indica* memiliki beberapa kultivar seperti arumanis, gadung, madu dan golek. Spesies *M. indica* yang memiliki beragam kultivar ini perlu dijaga sumber dayanya dengan dilakukannya pengembangan dan karakterisasi (Oktavianto dkk., 2015).

Pengembangan mangga sudah sejak lama dilakukan oleh pemerintah Indonesia karena memiliki nilai ekonomi yang tinggi (Sumiasri dkk., 2005). Selain itu, plasma nutfah pada mangga perlu dilindungi sumber daya genetiknya agar tetap terjaga dan terhindar dari kepunahan (Dinesh *et al.*, 2011; Normah *et al.*, 2013). Salah satu tempat pengembangan plasma nutfah mangga berada di Kebun Percobaan Cukurgondang, Pasuruan. Kebun ini mengoleksi sebanyak 208 kultivar yang didalamnya terdapat 298 klon mangga (Tasliyah dkk., 2016; Sembiring dkk., 2020). Salah satu kultivar mangga koleksi adalah kultivar mangga golek yang terdiri dari 9 klon mangga. Mangga golek merupakan varietas mangga yang berasal dari Indonesia (Knight Jr *et al.*, 2009).

Klon mangga golek yang ada di Kebun Percobaan Cukurgondang didapatkan melalui perbanyakan secara aseksual yang berupa okulasi (Komunikasi Pribadi, 2021). Masing-masing klon mangga golek didapatkan dari

wilayah yang berbeda. Mangga golek 31, golek 33, golek 195 berasal dari Pasuruan; golek amerika, golek india, golek malaysia berasal dari Surabaya; golek 35 dan golek 177 berasal dari Probolinggo dan golek lanang berasal dari Kediri (Komunikasi Pribadi, 2021).

Klon mangga golek yang berasal dari berbagai daerah ini memiliki variasi genetik yang tinggi (Baswarsiat & Yuniarti, 2007). Hal ini karena kondisi agroklimat di suatu wilayah dapat berkontribusi pada variasi genetik mangga (Begum *et al.*, 2014b). Selain itu, variasi genetik tersebut disebabkan karena adanya sifat penyerbukan yang terbuka (Tasliah dkk., 2016), diploid (Ehonyotan & Onemayin, 2020), *out-crossing* dan sifat heterozigot yang tinggi (Dillon *et al.*, 2013).

Klon mangga golek yang tergolong dalam mangga unggulan adalah mangga golek 31 (Baswarsiat & Yuniarti, 2007). Penetapan ini tercantum pada Surat Keputusan Menteri Pertanian No. 890/Kpts/TP.240/11/1984 (Keputusan Menteri Pertanian, 1984). Klon mangga golek 31 dapat dilepas ke masyarakat karena sudah memenuhi beberapa persyaratan antara lain adanya silsilah tanaman, tersedia deskripsi yang jelas dan lengkap, unik, seragam dan stabil, pernyataan dari pemilik (Menteri Pertanian, 2006).

Klon mangga golek yang sudah dilepas ke masyarakat baru satu klon, sedangkan klon mangga golek lainnya masih belum dilepas. Oleh karena itu, perlu dilakukan karakterisasi pada klon mangga golek lainnya. Karakterisasi dilakukan sebagai salah satu syarat untuk memperoleh sertifikasi dari Kementrian Pertanian. Adanya sertifikasi tersebut untuk memberikan jaminan bahwa varietas yang

beredar memiliki keunggulan dan tidak merugikan bagi masyarakat dan lingkungan (Menteri Pertanian, 2006).

Karakterisasi mangga golek dapat menggunakan pendekatan karakter morfologi dan molekuler. Karakterisasi morfologi adalah langkah pertama yang harus dilakukan sebelum dilakukan studi lanjut pada tingkat molekuler (Singh *et al.*, 2015). Karakter morfologi didasarkan atas pengamatan perawakan dari habitus, batang, daun, bunga, buah dan biji (IPGRI, 2006). Penanda morfologi merupakan metode yang paling umum digunakan untuk mendeskripsikan kultivar pada tumbuhan (Malik *et al.*, 2012; Muhonja *et al.*, 2020), terutama pada kultivar mangga (Begum *et al.*, 2014a; Bajpai *et al.*, 2016; Bora *et al.*, 2018; Kishor *et al.*, 2019; Igbari *et al.*, 2019). Penggunaan karakter morfologi ini dipilih karena dapat dengan cepat dan mudah mengetahui jarak genetik antar aksesori mangga (Swita dkk., 2013), sederhana dan tersedianya deskriptor mangga yang telah diterbitkan (Neguse *et al.*, 2019). Namun, karakter morfologi bersifat subyektif dan kondisi organ morfologi yang dapat dipengaruhi oleh lingkungan (Bani dkk., 2017). Untuk mendukung karakter morfologi, maka perlu digunakan karakterisasi berdasarkan marka molekuler (Probojati *et al.*, 2019).

Marka molekuler digunakan untuk mendukung karakter morfologi agar dapat menghasilkan pengelompokan kultivar mangga golek yang lebih akurat (Shamili *et al.*, 2012). Beberapa marka molekuler telah banyak digunakan untuk mengidentifikasi mangga, seperti *Restriction Fragment Length Polymorphisms* (RFLP) (Venkateswarlu, 2013), *Amplified Fragment Length Polymorphism* (AFLP) (Shi *et al.*, 2011), *Start Codon Targeted* (SCoT) (Luo *et al.*, 2012), *Simple Sequence Repeat* (SSR) (Ajayi *et al.*, 2019), mikrosatelit (Surapaneni *et*

al., 2013), *Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD)* (Souza *et al.*, 2011) dan *Inter-Simple Sequence Repeat (ISSR)* (Damodaran *et al.*, 2012; Uddin *et al.*, 2014; Ariffin *et al.*, 2015; Jena & Chand, 2021). Marka ISSR mempunyai kelebihan daripada marka lain yakni mampu mendeteksi polimorfisme yang lebih tinggi dan mengetahui variasi genetik baik pada tingkat individu maupun antar populasi (Zietkiewicz *et al.*, 1994).

Penelitian mengenai pengelompokan varietas mangga golek dari beberapa klon belum pernah dilakukan. Oleh sebab itu, perlu dilakukan analisis pengelompokan mangga golek berdasarkan karakter morfologi dan marka molekuler. Hal ini penting untuk dilakukan karena hanya satu klon mangga golek yang sudah berhasil dilepas ke masyarakat, sedangkan delapan klon lainnya masih perlu diamati lebih lanjut. Hasil dari penelitian ini berupa informasi keragaman morfologi dan genetik mangga golek diharapkan dapat dijadikan acuan dalam proses pemuliaan, konservasi dan sertifikasi pada klon mangga golek nantinya.

1.2 Rumusan Masalah

Rumusan masalah dalam penelitian ini adalah:

1. Bagaimana pengelompokan klon mangga golek berdasarkan karakter morfologi?
2. Bagaimana pengelompokan klon mangga golek berdasarkan marka molekuler?
3. Apakah terdapat konsistensi pengelompokan klon mangga golek berdasarkan karakter morfologi dan marka molekuler ?

1.3 Tujuan Penelitian

Tujuan dalam penelitian ini adalah:

1. Menganalisis pengelompokan klon mangga golek berdasarkan karakter morfologi.
2. Menganalisis pengelompokan klon mangga golek berdasarkan marka molekuler.
3. Mengetahui konsistensi pengelompokan klon mangga golek berdasarkan karakter morfologi dan marka molekuler.

1.4 Manfaat Penelitian

Manfaat dari penelitian penelitian ini adalah:

1. Hasil dari pengelompokan berdasarkan keragaman karakter morfologi dan molekuler dapat dijadikan sumber informasi dan rujukan untuk dilakukannya proses pemuliaan dan sertifikasi pada klon mangga golek.
2. Data efisiensi primer dapat dijadikan acuan untuk rekomendasi primer terbaik dalam menentukan pengelompokan klon mangga golek.
3. Memberikan manfaat dalam pengembangan ilmu pengetahuan khususnya pada genetik klon mangga golek.
4. Memberikan informasi tentang tingkat kesamaan antar klon mangga golek sehingga bisa menjadi bahan evaluasi pihak kebun percobaan cukurgondang dalam penamaan klon mangga golek.

1.5 Batasan Masalah

Batasan masalah dari penelitian penelitian ini adalah:

1. Sampel yang digunakan adalah klon mangga koleksi Kebun Percobaan Cukurgondang, antara lain mangga golek 31, mangga golek 33, mangga golek 35, mangga golek 177, mangga golek 195, mangga golek amerika, mangga golek india, mangga golek lanang, mangga golek malaysia, mangga kuweni 51, mangga kuweni bini, dan mangga kuweni laki.
2. Marka molekuler yang digunakan adalah ISSR (*Inter-Simple Sequence Repeat*).
3. Primer yang digunakan diantaranya ISSR-835, ISSR-843, ISSR-848 dan ISSR-855.
4. Karakter morfologi yang digunakan adalah 20 karakter vegetatif, karena mangga golek dan mangga kuweni tidak sedang berada di musim berbunga.
5. Parameter yang digunakan untuk mengetahui efisiensi primer ISSR sebanyak 4 parameter, diantaranya *Polymorphic Information Content (PIC)*, *Marker Indeks (MI)*, *Resolving Power (RP)*, dan *Effective Multiplex Ratio (EMR)*.

BAB II TINJAUAN PUSTAKA

2.1 Botani Umum Mangga Golek

2.1.1 Taksonomi Mangga Golek

Mangga golek termasuk ordo Sapindales, suku Anacardiaceae, marga Mangifera, jenis *Mangifera indica* L. Ordo Sapindales terdiri dari 9 suku yang salah satunya adalah suku Anacardiaceae (Chase *et al.*, 2016). Suku Anacardiaceae memiliki 73 marga dan 850 jenis yang sebagian besar berada di daerah tropis (Sankaran *et al.*, 2021). Suku Anacardiaceae memiliki karakter berupa habitus pohon dan adanya getah. Getah tersebut berupa getah resin yang dapat menyebabkan reaksi alergi pada kulit, seperti munculnya iritasi pada kulit (Sankaran *et al.*, 2021). Getah resin juga dimiliki oleh beberapa anggota dari marga Mangifera. Klasifikasi mangga menurut Yadav & Singh (2017) dan Sankaran *et al.* (2021):

Kingdom: Plantae

Subkingdom: Tracheobionta

Superdivision: Spermatophyta

Division: Magnoliophyta

Class: Magnoliopsida

SubClass: Rosidae

Order: Sapindales

Family: Anacardiaceae

Genus: Mangifera

Species: *Mangifera indica* L.

2.1.2 Morfologi Mangga Golek

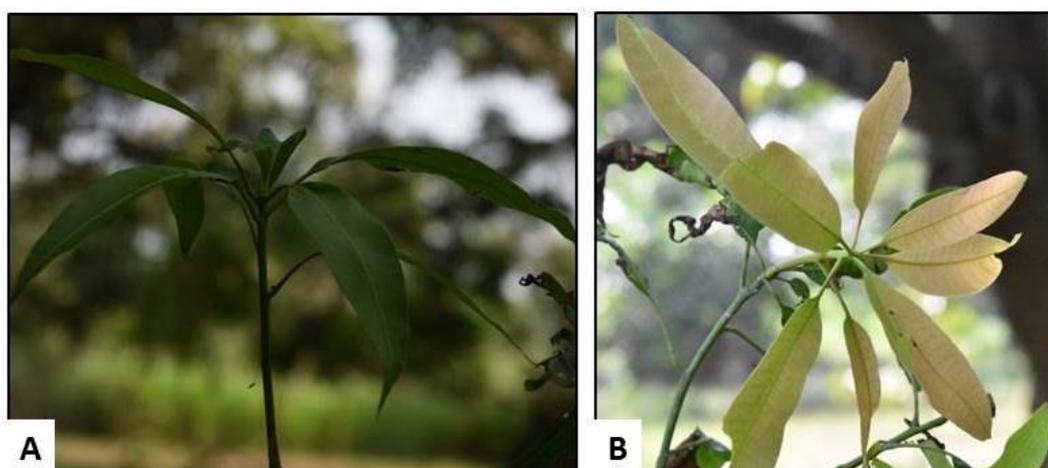
Pohon mangga golek dapat mencapai tinggi 8,7 hingga 9 m (Keputusan Menteri Pertanian, 1984). Kanopi pohon mangga berbentuk bulat dan melebar dengan garis tengah mencapai 13,5 m (AgroMedia, 2011). Percabangan pohonnya sedang dengan daun yang jarang (Keputusan Menteri Pertanian, 1984) (Gambar 2.1 A). Batang pohon mangga tumbuh tegak (Yadav *et al.*, 2018), dengan dahan yang bercabang dengan ranting yang banyak disetiap dahannya. Kulit batang pohon mangga memiliki tekstur yang kasar dan tebal dengan terdapat sisik-sisik bekas tangkai daun (Pracaya, 2011) (Gambar 2.1 B). Kulit pohon mangga dewasa beragam warnanya, dari berwarna coklat keabu-abuan, kelabu tua hingga sampai hitam (Pracaya, 2011). Tipe akar pohon mangga adalah akar tunggang (Pracaya, 2011).



Gambar 2.1 Penampakan morfologi pohon mangga golek. A) Perawakan pohon mangga golek, B) Kulit batang mangga golek (Dokumentasi Pribadi, 2021)

Daun mangga golek merupakan daun tunggal yang tersusun selang-seling. Tata letak daunnya $3/8$, sehingga terlihat seperti melingkar (Pracaya, 2011). Daun

mangga berbentuk jorong dengan panjang berkisar 11-32 cm dan lebar 3-9 cm. Tepi daunnya bergelombang, ujung lancip, dan pangkalnya tumpul (Komunikasi Pribadi, 2021). Tangkai daun mangga golek membesar (pelvinus) dan beralur pada ujungnya. Panjang tangkai berkisar antara 2-6,5 cm, tergantung masing-masing klon (Komunikasi Pribadi, 2021). Daun muda mangga golek berwarna hijau muda dengan semburat coklat hingga merah bata muda, sedangkan daun tua berwarna hijau tua (Gambar 2.2 B).



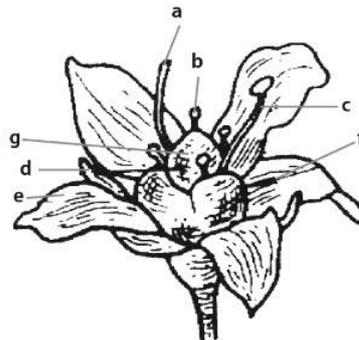
Gambar 2.2 Penampakan morfologi daun mangga golek. A) Komposisi daun tunggal dan susunan daun berseling, B) Daun Muda (Dokumentasi Pribadi, 2021)

Bunga mangga golek merupakan bunga majemuk bertandan (Pracaya, 2011), dengan panjang 32,6 cm dan lebar 21,4 cm (Keputusan Menteri Pertanian, 1984). Tandan bunga memiliki sumbu utama, kedua hingga ketiga, yang mana terdapat tiga kuntum bunga pada sumbu kedua dan ketiga (Pracaya, 2011). Bunga berbentuk piramida runcing dan berwarna kuning, sedangkan tangkai daun bunganya berwarna hijau muda dengan diameter 6-8 mm (Keputusan Menteri Pertanian, 1984) (Gambar 2.3).



Gambar 2.3 Penampakan bunga pohon mangga (Hermanto dkk., 2013)

Bunga mangga golek terdiri dari dua jenis, yaitu bunga jantan dan bunga hermaprodit (Pracaya, 2011). Bunga mangga berwarna kekuningan hingga kuning pucat. Kelopak bunga umumnya berjumlah lima, namun ada pula yang berjumlah 4-8 helai. Setiap bunga mangga golek memiliki lima buah benang sari dengan panjang 2 mm, namun hanya satu atau dua buah yang subur dan sisanya steril (Pracaya, 2011). Kepala putik bunga berwarna kemerahan hingga keunguan. Bakal buah tidak memiliki tangkai dan hanya memiliki satu ruang. Setiap bunga terdapat sekitar satu hingga tiga bakal buah (Pracaya, 2011) (Gambar 2.4).



Gambar 2.4 Bagian-bagian bunga mangga (Pracaya, 2011). a=Kepala putik, b=Benang sari, c=Benang sari subur, d=Kelopak bunga, e=Mahkota bunga, f=Cawan, g=Bakal buah

Mangga golek memiliki buah dengan tipe batu berdaging. Buah mangga golek memiliki panjang 16,7 cm, lebar 7,9 cm dan tinggi 6,2 cm (Keputusan Menteri Pertanian, 1984). Mangga golek memiliki bentuk buah panjang dengan

ujung runcing dan tidak berlekuk (Keputusan Menteri Pertanian, 1984). Buah mangga golek yang matang berwarna kuning dipangkal dengan ujung buah yang berwarna hijau muda. Buah mangga golek memiliki kulit yang agak tebal, bertekstur halus dan terdapat lilin (Keputusan Menteri Pertanian, 1984). Buah mangga golek memiliki tiga bagian yaitu paruh, sinus dan punggung (Pracaya, 2011). Paruh merupakan bagian ujung dari buah mangga yang memiliki bentuk runcing. Sinus berada di atas paruh yang bengkok. Punggung buah mangga berada di belakang perut buah. (Pracaya, 2011). Buah mangga golek memiliki rasa dan warna yang telah diciptakan oleh Allah SWT. Hal ini menunjukkan salah satu kekuasaan Allah SWT yang ada dalam Al-Quran pada surah Al-Ra'd ayat 4 sebagai berikut:

وَفِي الْأَرْضِ قِطْعٌ مُتَجَاوِزَةٌ وَجَدْتُمْ مِّنْ أَعْنَابٍ وَزَرْعٌ وَنَخِيلٌ صِنَوَانٌ وَعَيْرٌ صِنَوَانٍ يُسْقَى بِمَاءٍ
وَاحِدٍ وَنُفِصِلُ بَعْضَهَا عَلَى بَعْضٍ فِي الْأَكْلِ إِنَّ فِي ذَلِكَ لَآيَاتٍ لِّقَوْمٍ يَعْقِلُونَ ﴿٤﴾

“Dan di bumi terdapat bagian-bagian yang berdampingan, kebun-kebun anggur, tanaman-tanaman, pohon kurma yang bercabang, dan yang tidak bercabang; disirami dengan air yang sama, tetapi Kami lebihkan tanaman yang satu dari yang lainnya dalam hal rasanya. Sungguh, pada yang demikian itu terdapat tanda-tanda (kebesaran Allah) bagi orang-orang yang mengerti” (Q.S. Al-Ra'd [13]:4).

Ayat diatas menunjukkan kekuasaan Allah SWT yang ditunjukkan pada lafadz *وَنُفِصِلُ بَعْضَهَا عَلَى بَعْضٍ فِي الْأَكْلِ* yang artinya “Kami lebihkan tanaman yang satu dari yang lainnya dalam hal rasanya”. Makna dari lafadz tersebut yaitu tumbuh-tumbuhan yang diciptakan oleh Allah SWT. memiliki rasa yang berbeda-beda (Katsir, 2004). Begitupun pada buah mangga yang memiliki rasa yang bervariasi, terutama pada mangga golek yang memiliki rasa manis. Hal ini memperlihatkan kebesaran dan kekuasaan Allah SWT. yang ditunjukkan melalui ciptaan-Nya.

Mangga golek memiliki biji yang berkulit keras dan bentuknya bulat hingga pipih. Biji mangga memiliki dua bagian, yaitu kulit dan keping biji. Biji mangga memiliki dua sifat yaitu monoembrional dan poliembrional (Litz *et al.*, 2009). Biji dengan sifat monoembrional memiliki satu embrio didalamnya yang akan menjadi satu tumbuhan. Biji mangga yang memiliki sifat poliembrional didalamnya terdapat beberapa embrio yang nantinya dapat menghasilkan tumbuhan mangga lebih dari satu (Dayal *et al.*, 2016). Biji poliembrioni memiliki dua tipe, yaitu kecambah zigotik dan *nucellar* (Pinto *et al.*, 2018). Kecambah zigotik berasal dari hasil persilangan antara gamet jantan dan betina yang kemungkinan terjadi segregasi antarsifat. Berbeda dengan kecambah *nucellar* yang berkembang dari organ kelamin betina, sehingga memiliki sifat yang sama dengan induknya (Rebin & Karsinah, 2012).



Gambar 2.5 Penampakan buah mangga golek (Ledema, 2018)

2.2 Persebaran Mangga Golek

Mangga diperkirakan asal mulanya dari Indo-Burma (Tasliah dkk., 2016), yang sebagian besar persebarannya di wilayah Asia (Hidayat *et al.*, 2011). Mangga tersebar meluas ke berbagai negara di wilayah Asia dengan iklim tropis, seperti India, Burma, Sri Lanka, Thailand, Cina Selatan, Malaysia, Indonesia, Papua Nugini, Filipina, Kepulauan Solomon (Hidayat *et al.*, 2011). Namun, hanya dua negara yang memiliki tingkat keanekaragaman mangga tertinggi yaitu Malaysia dan Indonesia, khususnya di Semenanjung Malaya, Sumatra, Kalimantan dan Jawa (Yonemori *et al.*, 2002; Singh *et al.*, 2016).

Mangga tersebar di Indonesia sehingga dapat ditemukan hampir disetiap pulau. Beberapa pulau tersebut yaitu pulau Sumatera, Jawa, Kalimantan, Bali, Sulawesi, Maluku dan Papua (Dinesh *et al.*, 2011). Pulau Jawa memiliki banyak tempat budidaya mangga, salah satunya yaitu Kebun Percobaan Cukurgondang. Kebun yang berada di Pasuruan ini telah membudidayakan mangga sebanyak 208 kultivar yang terdiri dari 298 klon mangga (Tasliah dkk., 2016; Sembiring dkk., 2020). Salah satu kultivar mangga koleksi adalah kultivar mangga golek yang terdiri dari 9 klon mangga. Masing-masing klon mangga golek didapatkan dari wilayah yang berbeda. Mangga golek 31, golek 33, golek 195 berasal dari Pasuruan; golek amerika, golek india, golek malaysia berasal dari Surabaya; golek 35 dan golek 177 berasal dari Probolinggo dan golek lanang berasal dari Kediri (Komunikasi Pribadi, 2021).

2.3 Inter-Simple Sequence Repeat (ISSR)

Inter Simple Sequence Repeat (ISSR) merupakan marka molekuler yang muncul pada tahun 1994 (Zietkiewicz *et al.*, 1994). Marka ISSR memiliki sifat *semiarbitrary* yang panjang primernya sekitar 8 unit dinukleotida atau 6 unit trinukleotida yang berulang (Blair *et al.*, 1999). Kelebihan marka ISSR adalah prosesnya cepat, biaya yang lebih murah, dan hanya memerlukan DNA yang sedikit (Rahayu & Handayani, 2011). ISSR juga mampu melakukan pendeteksian genetik polimorfisme tanpa perlu mengetahui terlebih dahulu tentang susunan basa (sekuens) dari genom (Nalini *et al.*, 2004). Penanda ini tidak memerlukan lokus yang spesifik karena dapat menyebar ke seluruh genom sehingga dapat mendeteksi tingkat polimorfisme yang tinggi (Wang *et al.*, 2009).

Marka ISSR telah banyak diaplikasikan untuk studi antar kultivar atau klon pada mangga dan tumbuhan lainnya. Studi mengenai klon jambu hasil mikropropagasi (Liu & Yang, 2012); keragaman genetik kultivar pisang (Kharadi *et al.*, 2014); keragaman genetik kultivar *citrus aurantium* (Lombardo *et al.*, 2012); keragaman genetik kultivar mangga ‘alphonso’ dari lokasi yang berbeda (Patil *et al.*, 2019); variabilitas klon mangga ‘langra’ (Anu *et al.*, 2015); keragaman genetik kultivar mangga ‘Uba’ (Rocha *et al.*, 2012); keragaman intravarietas pada varietas mangga ‘kottoorkonam’ (Lathankumar *et al.*, 2016).

2.4 Sistematika dan Pengelompokan

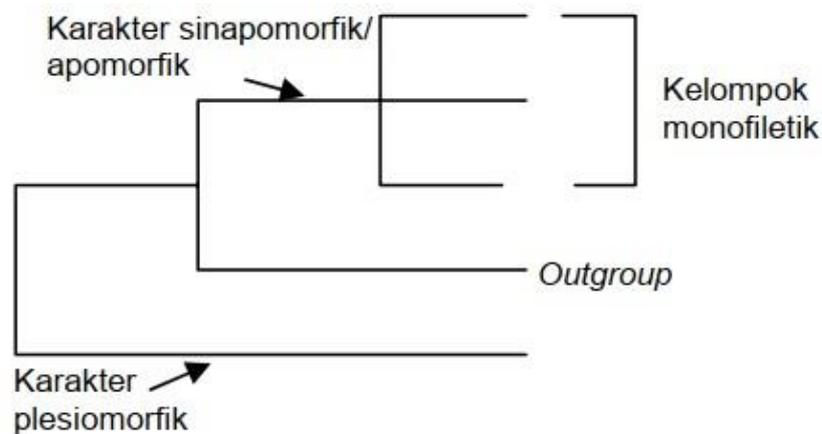
Sistematika adalah metode rekonstruksi hubungan evolusi suatu spesies dari alam, sehingga dapat diketahui pengelompokannya (Hidayat & Pancoro, 2019). Sistematika berperan sebagai alat dan/atau wadah untuk mengenali suatu

organisme dan juga mengetahui apa saja karakter yang ada di organisme tersebut di habitatnya (Hidayat & Pancoro, 2019). Tujuan dilakukannya sistematika adalah memahami, mendeskripsi, merekonstruksi dan mendokumentasi suatu organisme. Seperti halnya memahami perubahan saat evolusi terjadi, mendeskripsikan dan merekonstruksi pengelompokan suatu organisme, sehingga diperoleh informasi hubungan evolusi dalam bentuk pohon (Hidayat & Pancoro, 2019).

Filogenetik merupakan metode yang dilakukan untuk mengetahui *ancestor* dari suatu organisme (Hidayat & Pancoro, 2019). Filogenetik mampu mengelompokkan organisme yang memiliki kesamaan (Hidayat & Pancoro, 2019). Kesamaan karakter dan ciri tersebut tentunya diturunkan oleh nenek moyang, sehingga dapat membentuk kelompok monofiletiknya (Gambar 2.6) (Hidayat & Pancoro, 2019). Filogenetik tidak cukup hanya diketahui kelompok monofiletik saja, namun juga kelompok apomorfik dan kelompok plesiomorfik (Hidayat & Pancoro, 2019). *Outgroup* diperlukan sebagai acuan untuk membedakan ciri dan karakter dari *in-group* yang diteliti (Gambar 2.6) (Hidayat & Pancoro, 2019). Kelompok apomorfik dicirikan dengan adanya karakter yang berubah atau diturunkan dari nenek moyang yang berada diposisi *ingroup* (Gambar 2.6) (Hidayat & Pancoro, 2019). Kelompok plesiomorfik dicirikan dengan adanya karakter nenek moyang atau karakter primitif (Gambar 2.6) (Hidayat & Pancoro, 2019).

Konstruksi filogenetik memerlukan *outgroup* untuk validasi pohon filogenetik (Fauzi, 2017). *Outgroup* merupakan spesies pembanding (Fauzi, 2017; Grant, 2019), yang tujuannya untuk melihat proses evolusi sejak mulai divergensi dari nenek moyang bersama (Rahayu & Jannah, 2019). Syarat pemilihan *outgroup*

yang baik dalam proses *rooting* yaitu taksa yang berada diluar *ingroup*, tetapi memiliki jarak yang paling dekat dengan *ingroup* (Rahayu & Jannah, 2019). Pemilihan *outgroup* merupakan komponen penting dari analisis filogenetik yang dapat memengaruhi urutan cabang, panjang cabang, klad monofiletik dan tingkat divergensi sehingga diperoleh rekonstruksi pohon yang baik (Lyons-Weiler *et al.*, 1998; Puslednik & Serb, 2008; Wilberg, 2015; Rahayu & Jannah, 2019). *Outgroup* dipilih berdasarkan hubungan yang paling dekat dan jelas antara kelompok *ingroup* (Dalevi *et al.*, 2001; Luo *et al.*, 2010; Suryaningsih dkk., 2018). Pemilihan *outgroup* yang terlalu jauh kemungkinan akan menghasilkan topologi pohon yang kurang tepat, karena terlalu banyak karakter yang berbeda dengan *in-goup* (Fauzi, 2017).



Gambar 2.6 Pohon filogenetik (Hidayat & Pancoro, 2019)

Penambahan outgroup bertujuan untuk membuat *root* pada rekonstruksi pohon filogenetik (Rahayu & Jannah, 2019). Proses *root* memberikan kontribusi dalam *branch length* yang terbentuk (Rahayu & Jannah, 2019). *Branch length* menggambarkan seberapa jauh atau dekat pengelompokan antar organisme. Semakin panjang *branch length*, maka pengelompokan semakin jauh dan berlaku sebaliknya (Rahayu & Jannah, 2019). Penambahan *outgroup* dapat meningkatkan

prediksi dari pohon dengan metode yang digunakan (Fauzi, 2017). Karakter dari *outgroup* yang dipilih harus berkorelasi dekat dengan karakter-karakter yang dianalisa, tetapi juga mempunyai perbedaan yang signifikan antara *outgroup* dengan *ingroup* (Fauzi, 2017). Perbandingan *outgroup* biasanya dikonseptualisasikan secara operasional sebagai metode untuk *rooting* topologi dan menunjukkan tingkat polarisasi transformasi karakter (Grant, 2019).

BAB III METODE PENELITIAN

3.1 Rancangan Penelitian

Penelitian ini merupakan jenis penelitian deskriptif eksploratif. Penelitian ini menggunakan 9 klon mangga golek (*Mangifera indica* L.). Sampel yang digunakan berasal dari koleksi Kebun Percobaan Cukurgondang, Pasuruan, Jawa Timur untuk mengetahui pengelompokan berdasarkan karakter morfologi dan marka molekuler ISSR.

3.2 Waktu dan Tempat

Penelitian ini dilaksanakan pada bulan Maret–Juli 2021. Pengambilan sampel dan pengamatan morfologi dilakukan di Kebun Percobaan Cukurgondang, Pasuruan, Jawa Timur. Dilanjutkan analisis molekuler yang dilakukan di Laboratorium Griya Sains Malang.

3.3 Alat dan Bahan

Penelitian ini menggunakan peralatan yang diantaranya adalah alat tulis, lembar karakterisasi, kamera, penggaris, gunting, mortar, alu, spatula, *beaker glass*, *magnetic stirrer*, gelas ukur, neraca analitik, corong plastik, *vortex*, *freezer*, *waterbath*, *tube PCR* 1,5 ml, *tube PCR* 0,2 ml, *PCR rack tube*, *micropipete* 0,5-1000 μ l, *blue tip*, *yellow tip*, *white tip*, *hot plate magnetic stirrer*, *centrifuge*, cetakan agar, *power supply*, perangkat elektroforesis, *molecular gel documentation*, *thermal cycler*.

Penelitian ini menggunakan bahan-bahan yang diantaranya adalah sampel daun muda mangga golek, nitrogen cair, ethanol 70%, *Biospin Omni Plant Genomic DNA Extraction Kit*, bubuk agarose, *Nuclease free water*, pewarna *peqGreen*, $\frac{1}{2}x$ Tris-Boric EDTA (TBE), *loading dye*, *red PCR Master Mix* (Genaxon), marker 1 kbp DNA ladder, marker 100 bp DNA ladder dan 5 primer ISSR (Tabel 3.1).

Tabel 3.1 Daftar primer ISSR yang digunakan

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

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

Tabel 3.2 Daftar nama 12 mangga yang digunakan

Nama Spesies	Klon	Asal
<i>Mangifera indica</i> L.	Mangga golek 31	Sebani, Pasuruan
<i>M. indica</i> L.	Mangga golek 33	Keboncandi, Pasuruan
<i>M. indica</i> L.	Mangga golek 35	Kraksaan, Probolinggo
<i>M. indica</i> L.	Mangga golek 177	Sukabumi, Probolinggo
<i>M. indica</i> L.	Mangga golek 195	Karang Kepuh, Pasuruan
<i>M. indica</i> L.	Mangga golek amerika	Graha Natura, Surabaya
<i>M. indica</i> L.	Mangga golek india	Graha Natura, Surabaya
<i>M. indica</i> L.	Mangga golek lanang	Kediri
<i>M. indica</i> L.	Mangga golek malaysia	Graha Natura, Surabaya
<i>M. odorata</i> Griff.	Mangga kuweni 51	Gunung Gangsir, Pasuruan
<i>M. odorata</i> Griff.	Mangga kuweni bini	Kalimantan Selatan
<i>M. odorata</i> Griff.	Mangga kuweni laki	Kalimantan Selatan

3.4 Prosedur Penelitian

3.4.1 Sampel Penelitian

Sampel daun muda mangga golek diambil masing-masing (Tabel 3.2). Kemudian dimasukkan kedalam plastik klip yang didalamnya terdapat silica gel agar kondisi sampel tetap segar sampai dilakukan isolasi DNA di Laboratorium Griya Sains Malang.

3.4.2 Karakterisasi Morfologi

Sebanyak 20 karakter morfologi mangga golek koleksi Kebun Percobaan Cukurgondang, Pasuruan, Jawa Timur, yang diamati. Karakter morfologi mangga yang diamati hanya pada organ vegetatif. Pengamatan dilakukan secara langsung berdasarkan panduan *Descriptors for mango (Mangifera indica L.)* (IPGRI, 2006) (Lampiran 11).

3.4.3 Analisis Molekuler

3.4.3.1 Isolasi DNA

Isolasi DNA pada klon mangga dilakukan dengan menggunakan protokol dari *Biospin Omni Plant Genomic DNA Extraction Kit*. Dihaluskan sampel daun muda mangga golek dengan menggunakan alu dan mortar dengan bantuan nitrogen cair. Kemudian hasil gerusan diambil sebanyak 100 mg lalu dimasukkan kedalam *tube PCR* 1,5 ml. Kemudian dimasukkan 450 μL LP *plus buffer* dan 4 μL RNase A (100 mg/mL). Selanjutnya larutan tersebut dihomogenkan dengan menggunakan vortex dan diinkubasi selama 15 menit pada suhu 65°. Selanjutnya ditambahkan 150 μL DA *buffer* lalu dihomogenkan dan kemudian diinkubasi

dalam *freezer* selama 5 menit. Selanjutnya larutan tersebut disentrifugasi selama 3 menit dengan kecepatan 15.000 rpm pada suhu ruang. Setelah itu, diambil supernatan dan dimasukkan kedalam *tube PCR* 1,5 ml baru lalu ditambahkan dengan 750 μL P *Binding buffer* kemudian dihomogenkan. Larutan yang sudah homogen tersebut dimasukkan kedalam *spin column* dan kemudian disentrifugasi selama 1 menit dengan kecepatan 14.000 rpm. Selanjutnya cairan yang berada di *tube* dibuang lalu dimasukkan 500 μL G *Binding buffer* ke dalam *spin column* dan disentrifugasi selama 30 detik dengan kecepatan 14.000 rpm. Selanjutnya dibuang cairan yang berada di *tube* lalu dimasukkan 600 μL *washing buffer* dan disentrifugasi lagi selama 30 detik dengan kecepatan 14.000 rpm. Selanjutnya cairan yang berada di *tube* dibuang lalu ditambahkan 600 μL *washing buffer* seperti pada langkah sebelumnya. Selanjutnya disentrifugasi lagi selama 1 menit pada kecepatan 14.000 rpm. Setelah itu, *spin column* dipindahkan pada *tube PCR* 1,5 ml baru dan masukkan 100 μL *elution buffer* dan kemudian diinkubasi selama 1 menit pada suhu ruang. Selanjutnya disentrifugasi selama 1 menit pada kecepatan 14.000 rpm dan kemudian *spin column* dibuang. Larutan *buffer* yang ada pada *tube* tersebut mengandung DNA sehingga perlu disimpan pada suhu -20° apabila tidak langsung digunakan.

3.4.3.2 Uji Kualitatif DNA

Uji kualitatif digunakan untuk mengetahui ketebalan fragmen DNA dengan cara elektroforesis. Elektroforesis dilakukan menggunakan gel agarose 1%. Gel agarose dibuat menggunakan 0,2 g bubuk agar yang kemudian ditambahkan 20 mL $\frac{1}{2}\times$ Tris-Boric EDTA (TBE) yang dimasukkan kedalam *beaker glass* dan dimasukkan *magnetic stirer* untuk mengaduk larutan tersebut.

Campuran tersebut kemudian dipanaskan menggunakan *hot plate magnetic stirrer* sampai larutan terlihat bening lalu diangkat. Selanjutnya larutan tersebut didinginkan sebentar dan dimasukkan 2 μL pewarna *peqGreen* kemudian di homogenkan. Selanjutnya larutan agar tersebut dituang ke cetakan agar yang sudah terdapat cetakan sumurnya. Kemudian ditunggu hingga larutan agar tersebut mengeras kurang lebih selama 25 menit. Selanjutnya agar yang sudah mengeras diletakkan di bak elektroforesis lalu dituangkan TBE hingga terendam. Kemudian setiap sampel DNA diambil 5 μl lalu dicampurkan dengan 3 μl *loading dye* lalu dihomogenkan. Selanjutnya campuran tersebut dimasukkan kedalam masing-masing sumur. Kemudian dirunning kurang lebih selama 25 menit pada tegangan 50 V. Selanjutnya hasil elektroforesis divisualisasi menggunakan *molecular gel documentation*. Untuk menentukan ukuran genom digunakan marker 1 kbp DNA ladder.

3.4.3.3 Amplifikasi DNA

Amplifikasi PCR dilakukan dengan total volume sebanyak 10 μL yang mengandung 3 μl *nuclease free water*, 1 μl primer (10 pmol), 5 μl *PCR Master Mix*, dan 1 μl sampel DNA yang telah diisolasi. Amplifikasi dilakukan menggunakan *thermal cycler* yang dimulai dengan *pre-denaturation* pada suhu 94 °C selama 5 menit. Kemudian dilanjutkan dengan 35 siklus yang dalam setiap siklusnya terdiri dari, *denaturation* pada suhu 94 °C selama 40 detik, *annealing* selama 1 menit pada suhu spesifik masing-masing primer (Tabel 3.1), dan *extension* pada suhu 72 °C selama 1 menit 30 detik. Kemudian ditambah *post-extension* pada suhu 72 °C selama 7 menit. Selanjutnya agar yang digunakan pada hasil amplifikasi PCR menggunakan gel agarose 2% lalu dimasukkan kedalam

bak elektroforesis. Elektroforesis dilakukan pada tegangan 50 V selama 25 menit. Kemudian hasil elektroforesis di visualisasi menggunakan *molecular gel documentation*. Marker 100 bp DNA ladder digunakan untuk mengetahui ukuran DNA hasil amplifikasi.

3.5 Analisis Data

3.5.1 Skoring Data

3.5.1.1 Karakter Morfologi

Data karakterisasi morfologi yang bersifat kualitatif dari pengamatan di lapangan dikonversi terlebih dahulu melalui pemberian skor. Karakter diberikan skor (1, 2, 3, hingga ke-n). Data karakter yang bersifat kuantitatif diubah menjadi data skala interval (1, 2, 3, hingga ke-n).

3.5.1.2 Marka Molekuler

Pita DNA hasil amplifikasi kemudian dilakukan skoring untuk memperkirakan tingkat polimorfisme. Pita DNA yang muncul kemudian diberi skor “1” sedangkan pita DNA yang tidak muncul diberi skor “0”.

3.5.2 Analisis Pengelompokan

3.5.2.1 Analisis Pengelompokan Berdasarkan Karakter Morofologi

Data hasil karakterisasi yang telah dikonversi kemudian dianalisis menggunakan program *Paleontological Statistics* (PAST) versi 4.02. Keragaman karakter yang memiliki kontribusi paling tinggi dalam terbentuknya pohon filogenetik dianalisis berdasarkan *Principal Component Analysis* (PCA) menggunakan program PAST versi 4.02.

Besarnya nilai similaritas atau kemiripan dan bentuk pola pengelompokannya diketahui melalui analisis *similarity* dan *clustering* menggunakan metode *Unweighted Paired Group Method Arithmetic* (UPGMA) dengan koefisien persamaan Bray-Curtis. Prosedur analisis similaritas menggunakan pilihan menu *multivariate-similarity and distance indices*, dengan koefisien persamaan Bray-Curtis. Prosedur analisis pengelompokan menggunakan pilihan menu *clustering-classical*, dengan pilihan algoritma kelompok berpasangan (*paired group*) dan koefisien persamaan Bray-Curtis (Hammer *et al.*, 2001). Tabel similaritas dan fenogram yang dihasilkan kemudian dilakukan interpretasi berdasarkan rentang nilai similaritasnya dan pola pengelompokannya.

3.5.2.2 Analisis Pengelompokan Berdasarkan Marka Molekuler

Analisis pengelompokan karakter molekuler menggunakan metode *Unweighted Paired Group Method Arithmetic* (UPGMA) dengan *software Paleontological Statistics* (PAST) versi 4.02 (Hammer *et al.*, 2001) yang diketahui dari indeks similaritas Jaccard, dengan rumus (Jaccard, 1908):

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

Keterangan:

S_{jac} = indeks similaritas jaccard

P_i = skor 1 (muncul pita)

Q_i = skor 0 (tidak muncul pita)

Pengelompokan mangga golek diketahui dengan dianalisis menggunakan koordinat utama berdasarkan PCoA (*Principal Coordinates Analysis*) menggunakan *software Paleontological Statistics* (PAST) versi 4.02 (Hammer *et*

al., 2001 dalam Probojati *et al.*, 2019). Prosedur analisis pengelompokan menggunakan pilihan menu *multivariate-ordination-principal coordinates analysis* dengan menggunakan matriks *eigenvalues* dan *eigenvectors* (Hammer *et al.*, 2001 dalam Probojati *et al.*, 2019).

3.5.3 Analisis Efisiensi Primer

Penentuan penggunaan primer ISSR yang paling efisien dapat diketahui melalui beberapa parameter, diantaranya *Polymorphic Information Content* (PIC), *Marker Indeks* (MI), *Resolving Power* (RP), dan *Effective Multiplex Ratio* (EMR) (Wahyudi & Rifliyah. 2020), dengan menggunakan program Microsoft Excel. *Polymorphism Information Content* (PIC) merupakan rumus yang digunakan untuk menilai marka genetik dari hasil amplifikasi yang berdasarkan pita DNA (Nurdianawati *et al.*, 2016). Primer yang bagus dilihat dari nilai PIC yang diperoleh. Nilai PIC 0.5 berarti tinggi, nilai lebih dari 0.25 dan kurang dari 0.5 berarti sedang dan nilai PIC kurang dari 0.25 berarti rendah (Bai *et al.*, 2013). PIC dihitung menggunakan rumus (Roldàn-Ruiz *et al.*, 2000;):

$$PIC = 2f(1 - f)$$

Keterangan:

f = frekuensi munculnya pita DNA

1 - f = frekuensi tidak munculnya pita DNA

i = primer

Effective Multiplex Ratio (EMR) merupakan rumus untuk mengetahui jumlah munculnya DNA pada masing-masing primer dan total pita DNA polimorfik. EMR diketahui menggunakan rumus (Nagaraju *et al.*, 2001; Wahyudi & Rifliyah, 2020):

$$EMR = n \times \beta$$

Keterangan:

n = jumlah munculnya DNA pada masing-masing primer

β = total pita DNA polimorfik

Marker Indeks (MI) merupakan rumus untuk menunjukkan indeks marker dengan ada tidaknya pita DNA. MI dihitung menggunakan rumus (Varshney *et al.*, 2007; Ovesná *et al.*, 2018).

$$MI = PIC \times EMR$$

Resolving power (Rp) merupakan rumus untuk mengetahui primer yang informatif. Rp dihitung menggunakan rumus (Prevost & Wilkinson, 1999 dalam Guasmi *et al.*, 2012):

$$Rp = \sum Ib$$

$$Ib = 1 - [2 \times (0,5 - P)]$$

Keterangan:

P = proporsi aksesori yang mengandung pita DNA

BAB IV HASIL DAN PEMBAHASAN

4.1 Pengelompokan Klon Mangga Golek Berdasarkan Karakter Morfologi

Total 20 karakter morfologi klon mangga golek dan kuweni koleksi Kebun Percobaan Cukurgondang yang telah diamati menunjukkan karakter yang bervariasi (Lampiran 12). Dari 20 karakter morfologi tersebut, terdapat 8 karakter morfologi yang seragam dan 12 karakter morfologi yang beragam. Karakter morfologi yang seragam tersebut meliputi tipe pohon yang dicangkok (*grafted*), tipe pelvinus yang tebal dan menyudut (*thick and tapering*), sudut antara tulang daun primer dan sekunder yang luas ($>60^\circ$) (*wide (>60^\circ)*), adanya lekukan pada tulang daun sekunder (*present*), bentuk pangkal daun yang runcing (*Acute*), tidak adanya indumentum daun (*absent*), permukaan atas daun yang berwarna hijau tua (*dark green*), dan permukaan bawah daun yang berwarna hijau pucat (*pale green*).

Karakter-karakter seragam yang telah disebutkan diatas, selaras dengan penjelasan dari Orwa *et al.* (2009) bahwa pada mangga memiliki satu karakter umum yaitu berupa terbentuknya sudut lebih dari 60° antara tulang daun primer dan sekunder. Oleh karena itu, kedelapan karakter yang telah disebutkan diatas dimiliki oleh seluruh klon mangga golek dan mangga kuweni sehingga menjadi karakter khas yang dimiliki oleh seluruh klon mangga yang diamati atau dinamakan sebagai karakter sinapomorfi. Karakter sinapomorfi merupakan karakter khas yang diturunkan kepada suatu kelompok taksa (Gusmiati dkk., 2018).

Klon mangga golek dan mangga kuweni koleksi Kebun Percobaan Cukurgondang juga memiliki karakter yang beragam sebanyak 12 karakter.

Keduabelas karakter yang beragam tersebut antara lain bentuk kanopi yang berbentuk *oblong*, *broadly pyramidal* dan *semi-circular* (Lampiran 1), bentuk pertumbuhan pohon yang berbentuk *erect* dan *spreading* (Lampiran 2), bentuk helaian daun yang berbentuk *lanceolate* dan *elliptic* (Lampiran 3), susunan daun terhadap batang yang tersusun terangkat (*semi-erect*) dan mendatar (*horizontal*) (Lampiran 4), panjang daun yang berukuran pendek, sedang dan panjang (Lampiran 5), lebar daun yang berukuran pendek, sedang dan panjang (Lampiran 6), panjang tangkai daun yang berukuran pendek, sedang dan panjang (Lampiran 7), tekstur daun yang seperti kulit (*coriaceous*) dan seperti kertas (*chartaceous*), bentuk ujung daun yang berbentuk tumpul (*obtuse*), runcing (*acute*) dan meruncing (*acuminate*) (Lampiran 8), bentuk tepi daun yang berbentuk rata (*entire*) dan bergelombang (*wavy*) (Lampiran 9), aroma daun yang ringan dan kuat, dan warna daun muda yang berwarna hijau muda dengan semburat cokelat (*light green with brownish tinge*), merah bata muda (*light brick red*) dan cokelat kemerahan (*reddish brown*). Hal ini sesuai dengan penelitian Joshi *et al.* (2013) dan Khan *et al.* (2015) bahwa terdapat karakter yang beragam pada kultivar genus *Mangifera*.

Perbedaan antara klon mangga golek dengan mangga kuweni koleksi Kebun Percobaan Cukurgondang ditunjukkan dengan adanya 3 karakter pembeda. Ketiga karakter tersebut antara lain bentuk helaian daun, tekstur daun dan bentuk tepi daun. Pada klon mangga kuweni helaian daun berbentuk *elliptic*, daun bertekstur seperti kulit (*coriaceous*) dan tepi daun yang rata (*entire*) sedangkan pada klon mangga golek helaian daun berbentuk *lanceolate*, daun yang bertekstur seperti kertas (*chartaceous*) dan tepi daun bergelombang (*wavy*). Karakter

pembeda tersebut muncul karena antara mangga golek dan mangga kuweni berbeda jenis yaitu mangga golek termasuk *Mangifera indica* sedangkan mangga kuweni termasuk dalam *Mangifera odorata*. Hal ini selaras dengan pernyataan Fitmawati dkk. (2017) bahwa *M. odorata* memiliki tekstur daun seperti kulit (*chartaceous*) dengan tepi daun yang rata (*entire*) sedangkan pada *M. indica* memiliki tekstur daun seperti kertas (*chartaceous*) dengan tepi daun yang bergelombang. Didukung dengan pernyataan Sembiring dkk. (2020) bahwa mangga golek memiliki tepi daun bergelombang.

Tumbuhan mangga yang memiliki karakter morfologi yang beragam diciptakan oleh Allah SWT untuk membedakan antar tumbuhan di bumi. Hal tersebut sesuai dengan firman Allah SWT dalam surah Ta-Ha ayat 53 sebagai berikut:

الَّذِي جَعَلَ لَكُمُ الْأَرْضَ مَهْدًا وَوَسَّلَ لَكُمْ فِيهَا سُبُلًا وَأَنْزَلَ مِنَ السَّمَاءِ مَاءً فَأَخْرَجْنَا بِهِ أَزْوَاجًا مِّنْ نَّبَاتٍ شَتَّى ﴿٥٣﴾

“(Tuhan) yang telah menjadikan bumi sebagai hamparan bagimu, dan menjadikan jalan-jalan di atasnya bagimu, dan yang menurunkan air (hujan) dari langit.” Kemudian Kami tumbuhkan dengannya (air hujan itu) berjenis-jenis aneka macam tumbuh-tumbuhan” (Q.S. Ta-Ha [20]:53).

Ayat diatas menjelaskan bahwa Allah SWT menciptakan tumbuh-tumbuhan yang beranekaragam yang ditunjukkan pada lafadz فَأَخْرَجْنَا بِهِ أَزْوَاجًا مِّنْ نَّبَاتٍ شَتَّى yang artinya “Kemudian, Kami menumbuhkan dengannya (air hujan itu) beraneka macam tumbuh-tumbuhan” (Katsir, 2004). Diciptakannya tumbuhan yang beranekaragam di bumi ini memudahkan bagi manusia dalam membedakan antar tumbuhan. Hal ini seperti pada mangga yang memiliki beragam karakter antar jenis maupun antar kultivar sehingga dapat memudahkan dalam membedakan mangga.

Nilai koefisien similaritas morfologi pada *in-group* dan *out-group* memiliki rentang nilai 0,78 hingga 0,99, sedangkan pada *in-group* nilai koefisien similaritas berada pada rentang nilai 0,88 hingga 0,99 (Tabel 4.1). Nilai koefisien similaritas terendah antara *in-group* dan *out-group* dimiliki oleh mangga golek lanang (Kediri) dengan mangga kuweni bini (Kalimantan Selatan) yaitu sebesar 0,78 yang memiliki 11 karakter yang seragam, sedangkan pada *in-group* yang mempunyai nilai koefisien similaritas terendah dimiliki oleh mangga golek 31 (Pasuruan) dengan mangga golek lanang (Kediri) yang sebesar 0,88 yang memiliki 14 karakter yang seragam. Mangga golek 177 (Probolinggo) dengan mangga golek amerika (Surabaya) (*in-group*) dan mangga kuweni 51 (Pasuruan) dengan mangga kuweni laki (Kalimantan Selatan) (*out-group*) memiliki nilai koefisien similaritas tertinggi yaitu sebesar 0,99 yang memiliki 19 karakter yang seragam.

Nilai koefisien similaritas dilakukan untuk mengetahui seberapa besar tingkat kemiripan setiap klon mangga berdasarkan karakter yang diamati. Nilai koefisien similaritas memiliki rentang nilai antara 0 hingga 1. Nilai koefisien similaritas yang mendekati 0, maka semakin jauh kemiripan antar klon, sedangkan nilai koefisien similaritas yang mendekati 1, maka semakin dekat kemiripannya (Wijayanto dkk., 2013). Oleh karena itu, diketahui bahwa yang memiliki tingkat kemiripan terjauh dimiliki oleh mangga golek lanang (Kediri) dengan mangga kuweni bini (Kalimantan Selatan), sedangkan mangga golek 177 (Probolinggo) dengan mangga golek amerika (Surabaya) dan mangga kuweni 51 (Pasuruan) dengan mangga kuweni laki (Kalimantan Selatan) memiliki tingkat kemiripan terdekat.

Tabel 4.1 Nilai koefisien similaritas berdasarkan karakter morfologi

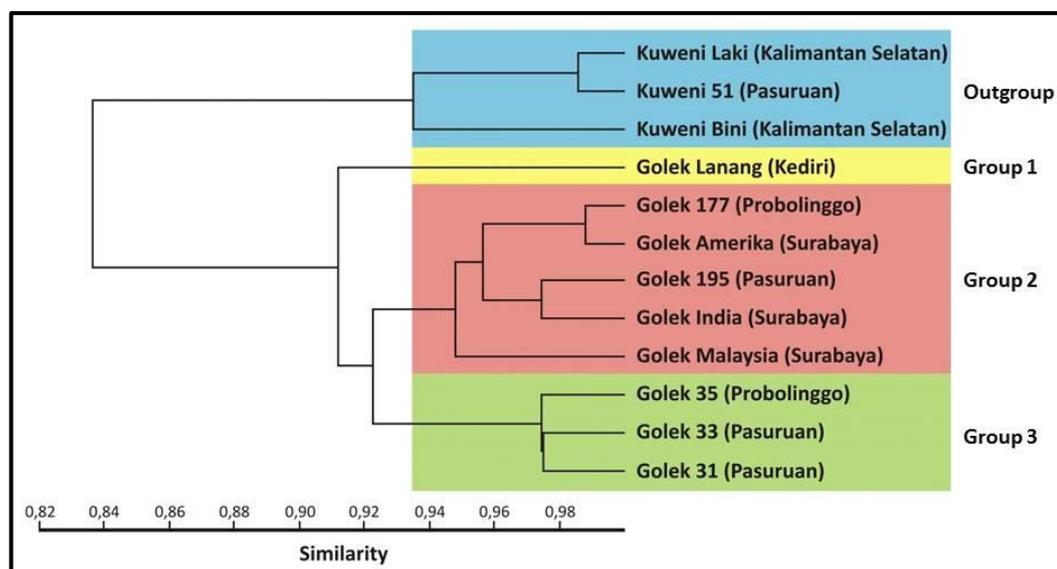
	G 31	G 33	G 35	G 177	G 195	G A	G I	G M	G L	K L	K B	K 51
G 31	1											
G 33	0,98	1										
G 35	0,98	0,97	1									
G 177	0,94	0,91	0,91	1								
G 195	0,93	0,95	0,92	0,96	1							
G A	0,93	0,93	0,93	0,99	0,98	1						
G I	0,90	0,92	0,92	0,94	0,97	0,95	1					
G M	0,90	0,93	0,93	0,94	0,95	0,95	0,95	1				
G L	0,88	0,90	0,90	0,89	0,93	0,91	0,93	0,91	1			
K L	0,81	0,83	0,83	0,85	0,86	0,86	0,86	0,86	0,84	1		
K B	0,79	0,81	0,81	0,81	0,81	0,82	0,84	0,87	0,78	0,94	1	
K 51	0,83	0,85	0,82	0,87	0,88	0,88	0,85	0,85	0,82	0,99	0,93	1

Keterangan: G 31: mangga golek 31, G 33: mangga golek 33, G 35: mangga golek 35, G 177: mangga golek 177, G 195: mangga golek 195, G A: mangga golek amerika, G I: mangga golek india, G M: mangga golek malaysia, G L: mangga golek lanang, K L: mangga kuweni laki, K B: mangga kuweni bini, K 51: mangga kuweni 51

Pengelompokan 12 klon mangga berdasarkan karakter morfologi menghasilkan fenogram yang terbagi menjadi 4 grup (Gambar 4.1). Grup 1 terdiri dari 1 klon mangga golek yaitu golek lanang (Kediri). Grup 2 terdiri dari 5 klon mangga golek yaitu golek 177 (Probolinggo), golek amerika (Surabaya), golek 195 (Pasuruan), golek india (Surabaya), dan golek malaysia (Surabaya). Grup 3 terdiri dari 3 klon mangga golek yaitu golek 35 (Probolinggo), golek 33 (Pasuruan), dan golek 31 (Pasuruan). Klon mangga kuweni laki (Kalimantan Selatan), kuweni 51 (Pasuruan), dan kuweni bini (Kalimantan Selatan) terpisah menjadi *out-group*.

Grup 1 terdapat 1 klon mangga golek yaitu golek lanang (Kediri). Mangga golek lanang (Kediri) memiliki nilai koefisien similaritas sebesar 0,91 dan memiliki karakter ciri khas dari yang lain. Grup ini memiliki 3 karakter sinapomorfi diantaranya adalah panjang daun yang pendek (11-17 cm), lebar daun

yang pendek (3-5 cm), dan panjang tangkai daun yang pendek (2-3,5 cm) (Gambar 4.2).



Gambar 4.1 Fenogram klon mangga berdasarkan karakter morfologi

Grup 2 terdapat 5 klon mangga golek yaitu golek 177 (Probolinggo), golek amerika (Surabaya), golek 195 (Pasuruan), golek india (Surabaya), dan golek malaysia (Surabaya). Grup ini memiliki rentang nilai koefisien similaritas yang berada diantara 0,95-0,99. Anggota grup yang memiliki nilai koefisien similaritas tertinggi yaitu golek 177 (Probolinggo) dan golek amerika (Surabaya) sebesar 0,91. Grup ini memiliki 1 karakter sinapomorfi yaitu bentuk pertumbuhan pohon berupa *spreading* (Gambar 4.3).

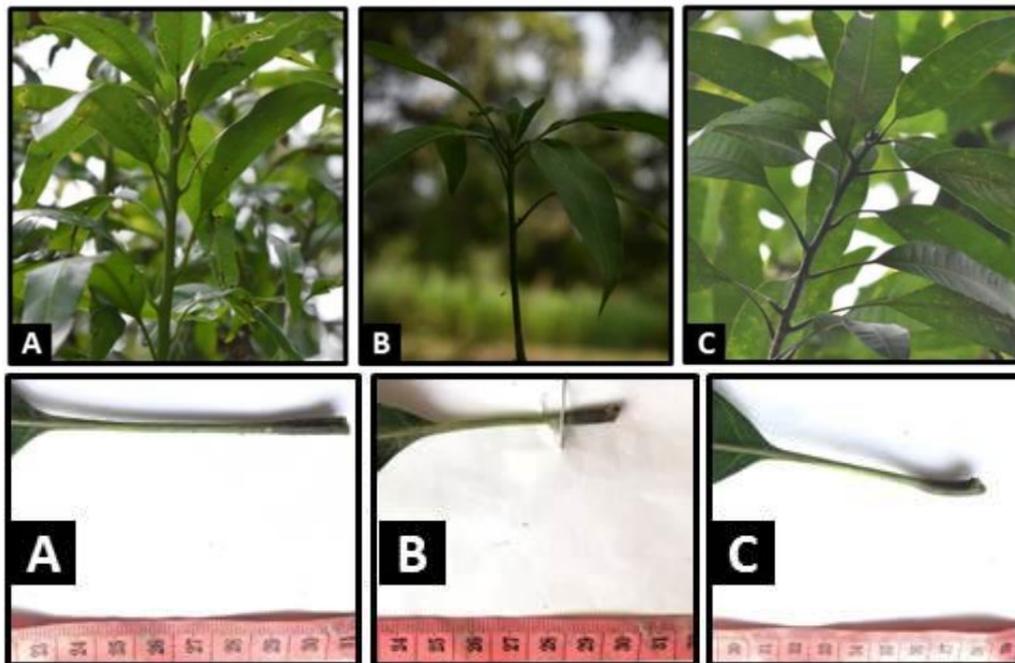
Grup 3 terdapat 3 klon mangga golek yaitu golek 35 (Probolinggo), golek 33 (Pasuruan), dan golek 31 (Pasuruan). Grup ini memiliki rentang nilai koefisien similaritas yang berada diantara 0,97-0,98. Grup ini memiliki 2 karakter sinapomorfi yaitu susunan daun terhadap batang yang terangkat (*semi-erect*) dan panjang tangkai daun yang panjang (5-6,5 cm) (Gambar 4.4).



Gambar 4.2 Karakter sinapomorfi grup 1. Panjang daun, lebar daun dan panjang tangkai daun



Gambar 4.3 Karakter sinapomorfi grup 2. A) golek 177; B) golek 195; C) golek amerika; D) golek india; E) golek malaysia memiliki kesamaan di bentuk pertumbuhan pohon



Gambar 4.4 Karakter sinapomorfi grup 3. A) golek 31, B) golek 33, C) golek 35 memiliki kesamaan di susunan daun terhadap batang dan panjang tangkai daun

Klon mangga kuweni yaitu kuweni laki (Kalimantan Selatan), kuweni 51 (Pasuruan), dan kuweni bini (Kalimantan Selatan) termasuk dalam grup terakhir atau *out-group*. Grup ini memiliki 4 karakter autopomorfi yang membedakannya dari semua *in-group*. Keempat karakter tersebut antara lain bentuk helaian daun berbentuk *elliptic* (Lampiran 3.B), tekstur daun yang kaku dan menyerupai kulit (*coriaceous*), bentuk tepi daun yang rata (*entire*) (Lampiran 9.A), warna daun muda yang berwarna cokelat kemerahan (*reddish brown*) (Lampiran 10.C). Karakter-karakter tersebut dapat dijadikan sebagai karakter pembeda antara *in-group* dengan *out-group*.

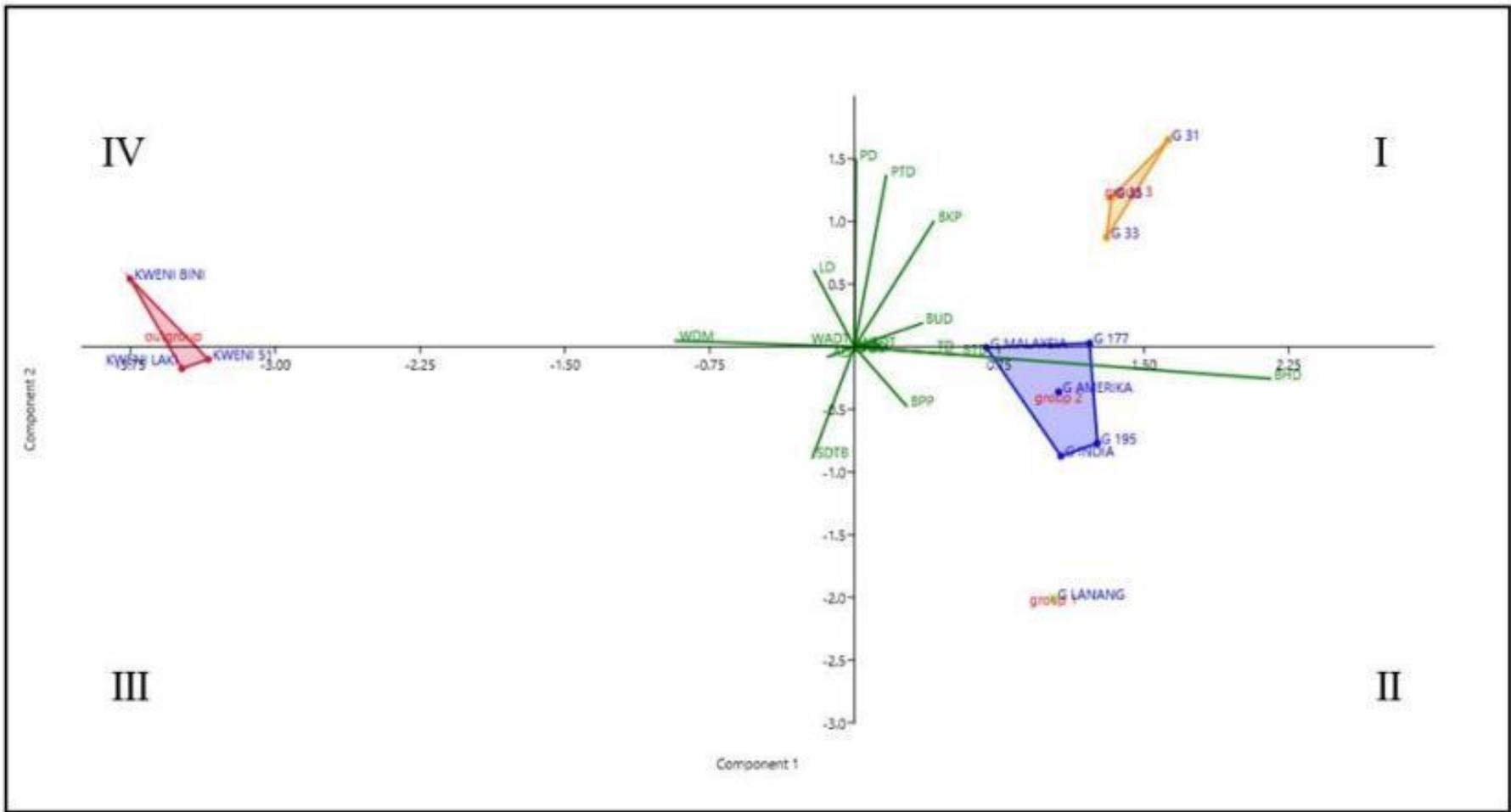
Hasil pengelompokan klon mangga berdasarkan karakter morfologi ini penilaiannya secara subyektif. Hal ini tidak dipungkiri juga adanya faktor lingkungan yang dapat mempengaruhi kondisi organ mangga yang diamati. Namun demikian, pendekatan karakter morfologi pada klon mangga juga diperlukan sebagai dasar informasi untuk dilanjutkan ke marka lainnya. Hal ini sesuai dengan pernyataan Gusmiati dkk. (2018) bahwa perlunya informasi karakter morfologi sebagai data awal sebelum dilakukannya pada marka lain. Pendekatan secara morfologi pada mangga juga dilakukan oleh Toili *et al.* (2016) pada organ vegetatif sebagai informasi awal untuk dilakukannya pemuliaan dan dapat dilanjutkan juga pada penanda lainnya.

Beragam karakter morfologi yang telah diamati memiliki kontribusi terhadap adanya keragaman pada klon mangga golek dan kuweni koleksi Kebun Percobaan Cukurgondang. Karakter yang berkontribusi dapat diketahui dengan menggunakan analisis komponen utama (*Principal Component Analysis*). Menurut Jolliffe & Cadima (2016) dan Zhang *et al.* (2020) PCA merupakan

analisis multivariat yang mampu mereduksi banyaknya variabel data yang kemudian disederhanakan dengan membuat variabel baru dengan meningkatkan interpretasi dan meminimalkan terjadinya kehilangan informasi data. Menurut Hetharie dkk. (2018) analisis komponen utama penting untuk dilakukan karena mampu mengetahui karakter apa yang memberikan kontribusi pada keragaman.

Hasil analisis komponen utama telah mereduksi semua karakter yang diamati menjadi komponen utama dengan nilai *eigenvalue* > 1 yaitu PC 1. Pada PC 1 memiliki nilai *eigen value* 4,58 dengan tingkat kontribusi pada keragaman klon mangga yang diamati sebesar 64,01% (Lampiran 13). Hal tersebut selaras dengan pernyataan dari Khadivi (2018) dan Yusuf *et al.* (2020) bahwa nilai *eigenvalue* yang lebih besar dari 1 digunakan sebagai kriteria dalam menentukan komponen utama yang berkontribusi besar terhadap keragaman. *Eigenvalue* > 1 disebut juga sebagai kriteria Kaiser (Kaiser, 1958 dalam Samsampour *et al.*, 2020).

Analisis komponen utama dilanjut dengan dilakukannya analisis biplot. Analisis biplot dilakukan berdasarkan dua komponen utama yang terbaik menunjukkan posisi relatif antara mangga dengan karakter morfologi yang digambarkan melalui *scatter plot* (Gambar 4.5). Menurut Latif *et al.* (2015) analisis biplot digunakan untuk mengetahui hubungan antar variabel, kemiripan relatif antar objek serta mengetahui posisi relatif antar objek dengan variabel. Menurut Kumar *et al.* (2020) biplot ditampilkan secara dua dimensi berdasarkan dua komponen utama yang berasal dari penilaian skor pada seluruh aksesori.



Gambar 4.5 Hasil analisis biplot pada klon mangga.

Analisis biplot dapat mengetahui korelasi antar karakter morfologi yang diamati. Karakter panjang daun (PD), panjang tangkai daun (PTD) dan bentuk kanopi pohon (BKP) memiliki korelasi positif yang besar karena membentuk sudut yang lancip kurang dari 90° . Hal yang sama juga ditunjukkan oleh karakter bentuk ujung daun (BUD), tekstur daun (TD), bentuk tepi daun (BTD), bentuk helaian daun (BHD) dan antara warna daun muda (WDM), aroma daun (AD). Kemudian antara bentuk pertumbuhan pohon (BPP), susunan daun terhadap batang (SDTB) dan antara karakter aroma daun (AD), lebar daun (LD) memiliki korelasi positif yang kecil karena mendekati sudut 90° . Menurut Malik *et al.* (2014) dan Shama *et al.* (2019) hubungan antar karakter dapat diketahui dengan melihat sudut antar karakter. Apabila membentuk sudut kurang dari 90° , maka dapat dikatakan korelasi positif, namun sebaliknya dikatakan korelasi negatif karena membentuk sudut lebih dari 90° . Selain itu, apabila membentuk sudut sama dengan 90° , maka tidak dikatakan sebagai korelasi positif atau negatif namun bisa dikatakan tidak ada korelasi.

Keragaman karakter morfologi yang diamati juga diketahui pada analisis biplot. Hasil analisis biplot menunjukkan 20 karakter morfologi yang menyebar dengan adanya garis vektor panjang dan pendek (Gambar 4.5). Karakter dengan garis vektor panjang ditunjukkan oleh panjang daun (PD), panjang tangkai daun (PTD), bentuk kanopi pohon (BKP), tekstur daun (TD), bentuk tepi daun (BTD), bentuk helaian daun (BHD), susunan daun terhadap batang (SDTB), warna daun muda (WDM), lebar daun (LD) yang memiliki keragaman yang tinggi, sedangkan keragaman yang rendah ditunjukkan oleh karakter dengan garis vektor yang pendek yaitu pada bentuk ujung daun (BUD), bentuk pertumbuhan pohon (BPP),

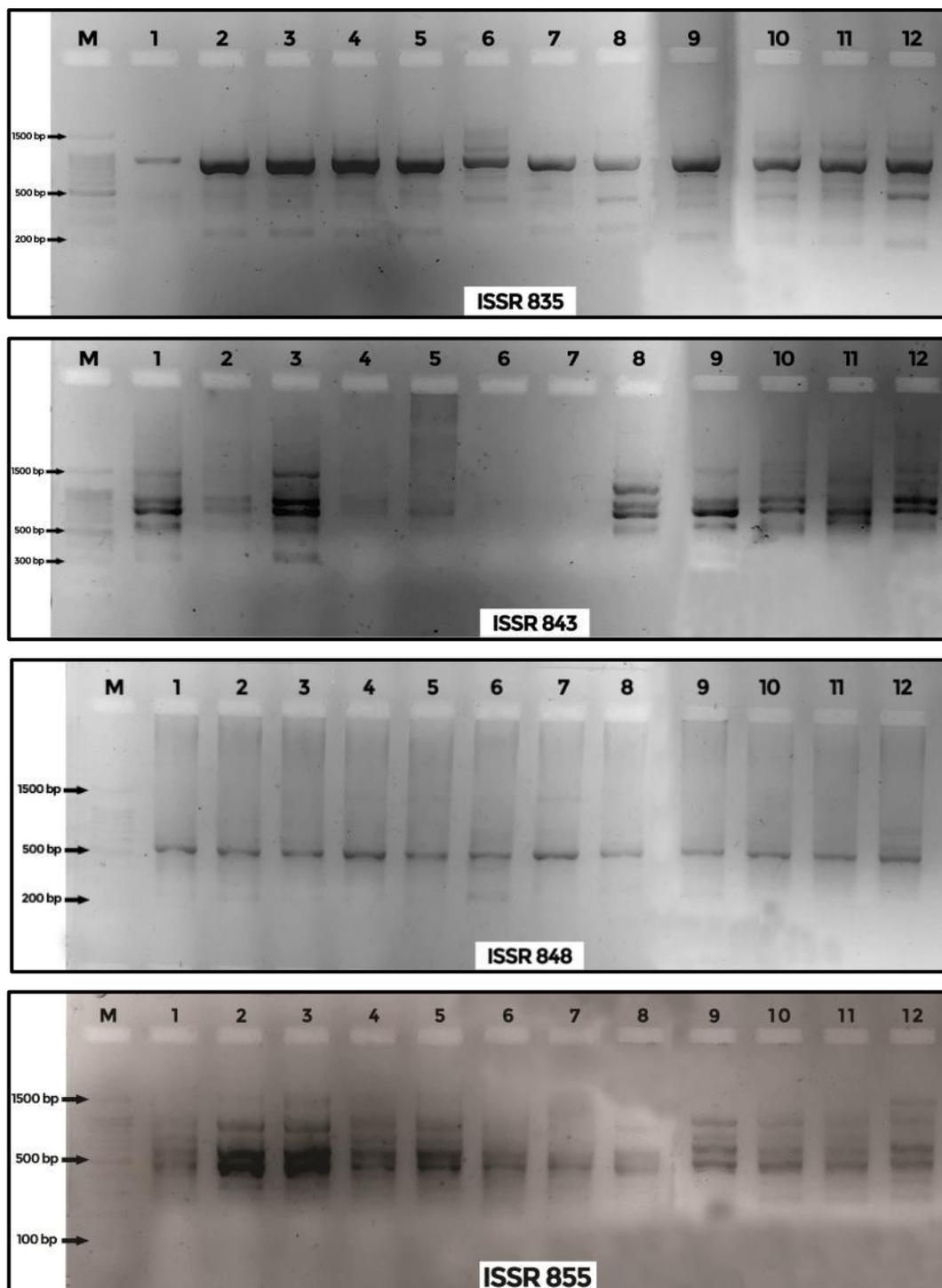
aroma daun (AD). Namun, pada karakter tipe pohon (TP), tipe pelvinus (TPv), sudut antara tulang daun primer dan sekunder (SATD), lekukan pada tulang daun sekunder (LTDS), bentuk pertumbuhan pohon (BPP), indumentum daun (ID), warna permukaan atas daun tua (WADT), warna permukaan bawah daun tua (WBDT) memiliki keragaman yang sangat rendah karena mendekati atau berada pada titik asal. Menurut Hetharie *et al.* (2018) dan Suresh *et al.* (2021) garis vektor merupakan garis lurus yang berasal dari titik asal yang ditampilkan sebagai garis panjang dan pendek. Garis vektor panjang menunjukkan karakter yang lebih berkontribusi sedangkan garis vektor yang pendek menunjukkan karakter yang kurang berkontribusi pada keragaman.

Pengelompokan antar klon mangga yang saling berdekatan dan karakter penciri kelompok juga ditunjukkan pada hasil analisis biplot (Gambar 4.5). Kuadran I mengelompok antara klon mangga golek 31 (Pasuruan), golek 35 (Probolinggo) dan golek 33 (Pasuruan) yang saling berdekatan. Kuadran II klon mangga yang saling berdekatan yaitu antara golek 177 (Probolinggo), golek malaysia (Surabaya), golek amerika (Surabaya), golek 195 (Pasuruan) dan golek india (Surabaya) dengan karakter penciri berupa bentuk helaian daun (BHD), namun golek lanang (Kediri) berada jauh sehingga mengelompok sendiri dengan karakter penciri berupa bentuk pertumbuhan pohon (BPP). Kemudian klon mangga kuweni 51 (Pasuruan), kuweni laki (Kalimantan Selatan) dan kuweni bini (Kalimantan Selatan) saling berdekatan meskipun berbeda pada kuadran yang berbeda dengan karakter penciri berupa warna daun muda (WDM). Hal ini sesuai dengan Setiawati dkk. (2013) dan Lestari & Julianto (2020) bahwa hubungan kekerabatan dikatakan dekat apabila berdekatan dan berada pada kuadran yang

sama, sedangkan apabila berada dikuadran yang berbeda dengan sudut 90° , maka dapat dikatakan hubungan kekerabatannya jauh. Selain itu, posisi karakter yang dekat dengan objek dapat dikatakan sebagai karakter penciri. Oleh karena itu, diketahui bahwa dari hasil analisis biplot antara *in-group* dengan *out-group* memiliki kekerabatan yang jauh ditunjukkan dengan posisi keduanya yang tidak berdekatan dan letak kuadran yang berbeda dengan sudut 90° . Hasil ini juga sesuai dengan fenogram (Gambar 4.1) yang sama-sama mengelompokkan antar *in-group* dan membedakan antara *in-group* dengan *out-group*.

4.2 Pengelompokan Klon Mangga Golek Berdasarkan Marka Molekuler

Sebanyak 12 sampel klon mangga koleksi Kebun Percobaan Cukurgondang yang berhasil diamplifikasi menggunakan 4 primer (Gambar 4.6). Primer tersebut yaitu ISSR-835, ISSR-843, ISSR-848 dan ISSR-855. Keempat primer tersebut mampu menghasilkan pita DNA dengan panjang berkisar dari 200 bp hingga 1500 bp. Pita DNA tersebut terlihat jelas sehingga memudahkan untuk dilakukannya skoring. Hasil skoring nantinya dilanjutkan untuk dianalisis pengelompokannya (Lampiran 14). Menurut Ng & Tan (2015) pita DNA yang terlihat jelas memudahkan untuk dilakukan analisis selanjutnya. Selain itu, adanya pita DNA yang tidak muncul yaitu pada klon mangga golek amerika dan golek india yang menggunakan primer ISSR-843. Pita DNA yang tidak muncul menunjukkan primer yang tidak spesifik sehingga tidak terjadi proses amplifikasi. Selain itu, adanya faktor *human error* sehingga proses amplifikasi tersebut tidak terjadi.



Gambar 4.6 Visualisasi hasil amplifikasi DNA marka ISSR. M) Marker; 1) mangga golek 31; 2) mangga golek 33; 3) mangga golek 35; 4) mangga golek 177; 5) mangga golek 195; 6) mangga golek amerika; 7) mangga golek india; 8) mangga golek malaysia; 9) mangga golek lanang; 10) mangga kuweni laki; 11) mangga kuweni bini; 12) mangga kuweni 51.

Hasil visualisasi keduabelas sampel klon mangga menggunakan 4 primer memperlihatkan adanya pita yang bersifat monomorfik dan polimorfik (Gambar 4.6). Pita monomorfik terlihat pada primer ISSR-848 (500 bp), ISSR 855 (550 bp) dan (450 bp). Pita monomorfik yang muncul pada semua klon mangga diduga mengkode sifat yang sama, sehingga muncul pada semua sampel yang digunakan. Munculnya pita monomorfik pada sampel menandakan keragaman genetiknya rendah antar sampel (Singh *et al.*, 2014).

Pita polimorfik juga terlihat pada hasil amplifikasi DNA (Gambar 4.6). Pita polimorfik tertinggi dihasilkan oleh primer ISSR-835 (Tabel 4.2). Hal ini menunjukkan bahwa adanya keragaman genetik pada setiap sampel yang digunakan. Pita polimorfik yang muncul berbanding lurus dengan keragaman genetik pada setiap sampel yang diamati (Rao *et al.*, 2020).

Pita DNA yang bersifat monomorfik dan polimorfik ini keberadaannya berukuran kecil, namun dapat dijadikan penciri pada sampel klon mangga yang diamati. Hal ini menunjukkan salah satu kekuasaan Allah SWT yang ada dalam Al-Quran pada surah Al-Qamar ayat 53 sebagai berikut:

وَكُلُّ صَغِيرٍ وَكَبِيرٍ مُّسْتَنْطَرٌ ﴿٥٣﴾

“Dan segala (sesuatu) yang kecil maupun yang besar (semuanya) tertulis” (Q.S. Al-Qamar [54]:53).

Ayat diatas menunjukkan kekuasaan Allah SWT yang ditunjukkan pada lafadz مُّسْتَنْطَرٌ yang artinya “Tertulis”. Makna dari lafadz tersebut yaitu baik yang kecil maupun yang besar telah tertulis (Katsir, 2004). Begitupun dengan adanya pita DNA yang berukuran kecil dengan panjang bervariasi yang di miliki oleh masing-masing sampel klon mangga yang telah diciptakan oleh Allah SWT. Pita DNA tersebut ada yang dimiliki oleh semua sampel (monomorfik) dan ada juga

yang dimiliki beberapa sampel saja (polimorfik). Hal ini memperlihatkan kebesaran kekuasaan Allah SWT. ditunjukkan melalui ciptaan-Nya yang dimulai dari hal yang kecil seperti DNA.

Kedekatan hubungan genetik antar keduabelas klon mangga diketahui melalui nilai koefisien similaritas. Nilai koefisien similaritas pada *in-group* dan *out-group* klon mangga yang diamati berdasarkan marka molekuler berkisar antara 0,14 hingga 0,86 (Tabel 4.2). Nilai koefisien similaritas Jaccard memiliki rentang nilai dari 0 hingga 1 (El-Sherbeny *et al.*, 2018). Nilai yang mendekati angka 0 maka nilai similaritasnya semakin rendah, sedangkan nilai similaritas yang tinggi ditunjukkan dengan nilai yang mendekati angka 1. Oleh karena itu, nilai similaritas berdasarkan marka molekuler ini tergolong rendah hingga tinggi.

Nilai similaritas antar *in-group* klon mangga golek yang terendah dimiliki antara mangga golek amerika (Surabaya) dengan golek lanang (Kediri) yang memiliki nilai similaritas sebesar 0,17, sedangkan nilai similaritas tertinggi dimiliki oleh mangga golek 177 (Probolinggo) dengan golek 195 (Pasuruan) dengan nilai similaritas sebesar 0,86. Nilai koefisien similaritas terendah antara *in-group* dan *out-group* dimiliki oleh mangga golek 31 (Pasuruan) dengan kuweni 51 (Pasuruan) sebesar 0,14. Nilai similaritas yang semakin mendekati angka 0, maka semakin jauh hubungan kekerabatannya. Sebaliknya dikatakan memiliki hubungan kekerabatan yang dekat, apabila nilai koefisien similaritasnya tinggi atau mendekati angka 1. Berdasarkan hal tersebut, diketahui bahwa pada *in-group* yang memiliki hubungan kekerabatan terdekat dimiliki oleh golek 177 (Probolinggo) dengan golek 195 (Pasuruan), sedangkan yang memiliki hubungan

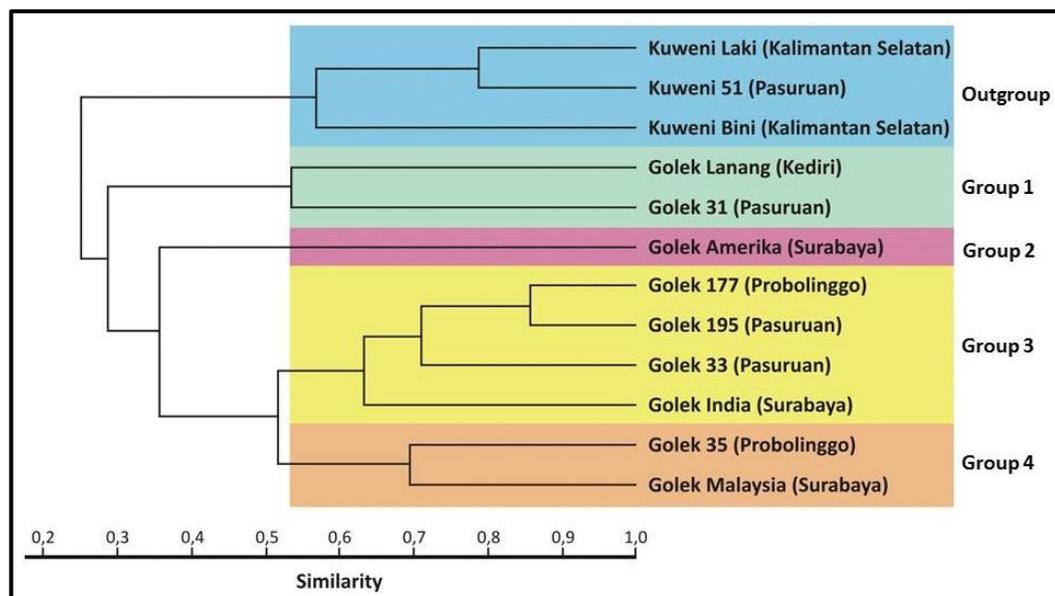
kekerabatan terjauh dimiliki oleh golek amerika (Surabaya) dengan golek lanang (Kediri).

Tabel 4. 2 Nilai koefisien similaritas berdasarkan marka molekuler

	G 31	G 33	G 35	G 177	G 195	G A	G I	G M	G L	K L	K B	K 51
G 31	1											
G 33	0,20	1										
G 35	0,50	0,46	1									
G 177	0,23	0,75	0,55	1								
G 195	0,31	0,67	0,64	0,86	1							
G A	0,20	0,33	0,27	0,40	0,36	1						
G I	0,23	0,56	0,42	0,71	0,63	0,40	1					
G M	0,31	0,46	0,69	0,55	0,64	0,36	0,42	1				
G L	0,53	0,24	0,41	0,27	0,33	0,17	0,27	0,33	1			
K L	0,17	0,36	0,22	0,31	0,29	0,19	0,31	0,22	0,33	1		
K B	0,17	0,27	0,22	0,31	0,29	0,19	0,31	0,22	0,33	0,57	1	
K 51	0,14	0,29	0,19	0,25	0,24	0,16	0,25	0,19	0,29	0,79	0,56	1

Keterangan: G 31: mangga golek 31, G 33: mangga golek 33, G 35: mangga golek 35, G 177: mangga golek 177, G 195: mangga golek 195, G A: mangga golek amerika, G I: mangga golek india, G M: mangga golek malaysia, G L: mangga golek lanang, K L: mangga kuweni laki, K B: mangga kuweni bini, K 51: mangga kuweni 51.

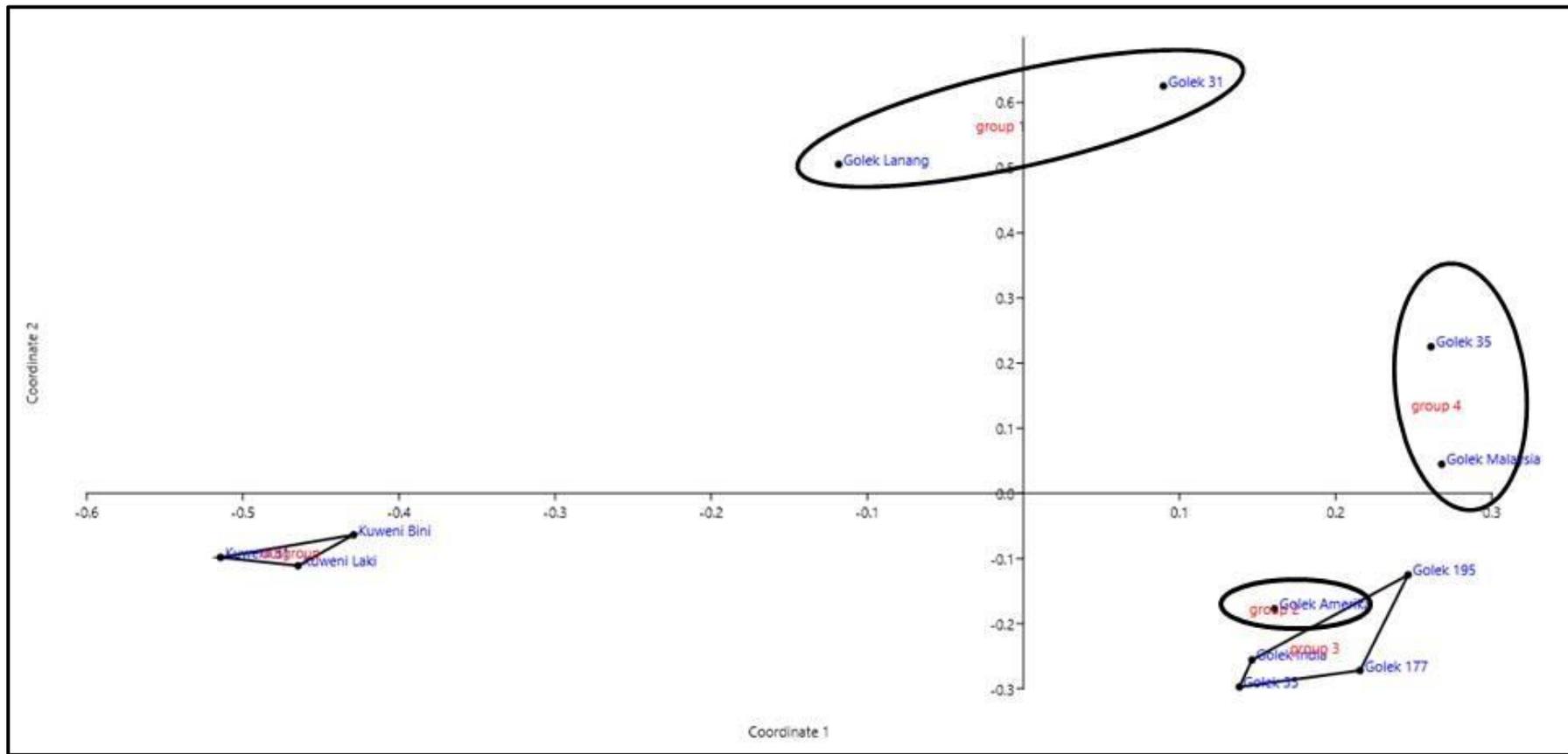
Analisis pengelompokan 12 klon mangga berdasarkan marka molekuler menghasilkan fenogram yang terbagi menjadi 5 grup (Gambar 4.7). Grup 1 terdiri dari 2 klon mangga golek yaitu golek lanang (Kediri) dan golek 31 (Pasuruan). Grup 2 terdiri dari 1 klon mangga golek yaitu golek amerika (Surabaya). Grup 3 terdiri dari 4 klon mangga golek yaitu golek 177 (Probolinggo), golek 195 (Pasuruan), golek 33 (Pasuruan), dan golek india (Surabaya). Group 4 terdiri dari 2 klon mangga golek yaitu golek 35 (Probolinggo) dan golek malaysia (Surabaya). Klon mangga kuweni laki (Kaliantan Selatan), kuweni 51 (Pasuruan), dan kuweni bini (Kalimantan Selatan) terpisah menjadi *out-group*.



Gambar 4.7 Fenogram klon mangga berdasarkan marka molekuler

Hasil analisis pengelompokan keduabelas klon mangga berdasarkan marka molekuler ini memiliki perbedaan dengan hasil pengelompokan klon mangga berdasarkan karakter morfologi. Hal ini diduga terjadi karena karakter morfologi yang diamati hanyalah pada organ vegetatifnya. Menurut Sennhenn *et al.* (2014) dan Gitahi *et al.* (2016) bahwa karakter generatif seperti pada organ buah memiliki variabilitas yang tinggi pada mangga.

Analisis pengelompokan keduabelas klon mangga berdasarkan marka molekuler ini dilanjutkan dengan analisis koordinat (*Principal Coordinate Analysis*). PCoA digunakan untuk memperlihatkan persebaran setiap individu pada setiap grup (Solin & Mathius., 2016). Hasil PCoA diperlihatkan dengan menggunakan scattered plot. Hasil analisis koordinat memperlihatkan bahwa adanya 5 grup yang muncul berdasarkan kedekatan antar sampel (Gambar 4.8). Hal ini menunjukkan kesamaan dalam pengelompokan antar mangga yang muncul dari hasil analisis koordinat dengan hasil fenogram berdasarkan marka molekuler.



Gambar 4.8 Analisis koordinat berdasarkan marka molekuler

Total 35 pita DNA yang muncul dengan rentang ukuran antara 200 bp hingga 1500 bp dari 4 jenis primer yang digunakan. Primer yang menghasilkan pita DNA dengan kemunculan terbanyak yaitu ISSR-835, ISSR-843 dan ISSR-855, sedangkan primer yang sedikit memunculkan pita DNA adalah ISSR-848. Pita DNA yang muncul tidak semuanya menghasilkan pita DNA yang polimorfisme. Sebanyak 32 pita DNA polimorfisme yang dihasilkan dari total pita DNA yang muncul. Primer ISSR-835, ISSR-843 dan ISSR-855 mampu menghasilkan pita DNA polimorfisme terbanyak, sedangkan primer ISSR-848 sedikit menghasilkan pita DNA yang polimorfisme. Presentase kemunculan pita DNA polimorfisme pada rentang 66,67% hingga 100%. Rata-rata presentase pita DNA polimorfisme sebesar 86,11%. Analisis primer dilanjutkan dengan menghitung nilai PIC (*Polymorphic Information Content*), EMR (*Effective Multiplex Ratio*), MI (*Marker Index*), RP (*Resolving Power*) untuk mengetahui primer mana yang paling efektif (Tabel 4.3).

Tabel 4.3 Hasil analisis efektivitas primer

Primer	TNB	NPB	PB %	PIC	EMR	MI	RP
ISSR-835	12	12	100	0,13	12	1,59	5,83
ISSR-843	11	11	100	0,15	11	1,63	4,33
ISSR-848	3	2	66,67	0,05	1,33	0,07	2,33
ISSR-855	9	7	77,78	0,11	5,44	0,62	6,83
Jumlah	35	32	344,44	0,44	30	3,90	19,33
Rata-rata	8,75	8	86,11	0,11	7,44	0,98	4,83

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

Nilai *polymorphic information content* (PIC) berada pada rentang 0,05 hingga 0,15 dengan nilai rata-rata sebesar 0,11. Primer dengan nilai PIC tertinggi yaitu ISSR-843 sebesar 0,15 disusul dengan primer ISSR-835 sebesar 0,13 dan

ISSR-855 sebesar 0,11, sedangkan ISSR-848 memiliki nilai PIC terendah sebesar 0,05. Menurut Chesnokov & Artemyeva (2015) menghitung PIC dilakukan untuk mengetahui kemampuan primer dalam memunculkan polimorfisme berdasarkan jumlah alel yang terdeteksi dan frekuensi distribusinya. Nilai maksimum PIC yaitu 0,5. Semakin tinggi nilai PIC pada suatu primer, maka semakin baik primer tersebut mampu memunculkan pita DNA polimorfik. Berdasarkan hal tersebut, maka diketahui bahwa primer ISSR-843 adalah yang terbaik. Hal ini karena pada primer ISSR-843 memiliki nilai PIC tertinggi, yaitu sebesar 0,15.

Pada setiap primer juga diketahui nilai *Effective Multiplex Ratio* (EMR). Nilai EMR berada pada rentang 1,33 hingga 12 dengan nilai rata-rata sebesar 7,44. Nilai EMR yang tertinggi dimiliki oleh primer ISSR-835 sebesar 12 sedangkan primer yang memiliki nilai EMR terendah yaitu ISSR-848 sebesar 1,33. Menurut Samal *et al.* (2012) pengujian EMR dilakukan untuk mengetahui jumlah pita polimorfik terbanyak yang dihasilkan oleh suatu primer pada setiap pengujian. Semakin tinggi nilai EMR pada suatu primer, maka semakin baik primer tersebut dalam menghasilkan pita DNA yang polimorfik (Rao *et al.*, 2020). Oleh karena itu, primer dengan nilai EMR tertinggi adalah ISSR-835 sebesar 12.

Marker index (MI) menjadi parameter ketiga untuk mengetahui primer yang efektif. Nilai MI berada pada rentang 0,07 hingga 1,63 dengan nilai rata-rata sebesar 0,98. Primer yang memiliki nilai MI tertinggi yaitu ISSR-843 sebesar 1,63 sedangkan nilai MI terendah dimiliki oleh primer ISSR-848 sebesar 0,07. Menurut Baghizadeh & Dehghan (2018) perhitungan MI dilakukan berdasarkan nilai PIC dikali dengan nilai EMR, sehingga primer yang terbaik yang memiliki nilai paling

tinggi. Berdasarkan hal tersebut, primer ISSR-843 adalah primer terbaik yang ditunjukkan dengan nilai MI tertinggi dari primer yang lain.

Resolving power (RP) juga digunakan untuk menilai seberapa efektif primer yang digunakan dalam menghasilkan pita DNA. Nilai RP berada pada rentang 2,33 hingga 6,83 yang memiliki nilai rata-rata sebesar 4,83. Primer ISSR-855 memiliki nilai tertinggi pada parameter RP, sedangkan primer yang memiliki nilai RP terendah yaitu ISSR-848. Menurut Yousefi *et al.* (2015) menghitung nilai RP untuk mengetahui primer mana yang menghasilkan pita DNA polimorfik yang optimal. Primer yang memiliki nilai RP paling tinggi merupakan primer yang paling informatif. Oleh karena itu, primer ISSR-855 adalah primer yang paling informatif karena memiliki nilai RP tertinggi dari primer lainnya.

4.3 Konsistensi Pengelompokan Klon Mangga Golek Berdasarkan Karakter Morfologi Dan Marka Molekuler

Total sembilan klon mangga golek dikelompokkan berdasarkan karakter morfologi dan marka molekuler. Hasil pengelompokan berdasarkan karakter morfologi terdapat perbedaan dengan hasil pengelompokan berdasarkan marka molekuler. Pengelompokan berdasarkan karakter morfologi mengelompokkan klon mangga golek menjadi tiga grup, sedangkan pengelompokan berdasarkan marka molekuler mengelompokkan klon mangga golek menjadi empat grup. Perbedaan ini menjadikan pengelompokan klon mangga golek tidak konsisten. Hal ini terjadi karena karakter morfologi yang diamati hanya pada organ vegetatifnya saja. Menurut Tjitrosoedirdjo dkk. (2014) perlu digunakan lebih banyak karakter agar hasil yang diperoleh lebih akurat.

Pengelompokan kultivar dan klasifikasi mangga secara universal sampai saat ini masih belum ada juga menjadi kesulitan dalam pengelompokan klon mangga golek di Kebun Percobaan Cukurgondang. Hal ini disebabkan karena pada masing-masing daerah memberikan nama kultivar yang berbeda-beda sehingga terjadi perbedaan dalam penyebutan. Pada penelitian Kheshin *et al.* (2016) juga diperoleh hasil pengelompokan mangga yang berbeda antara karakter morfologi dengan marka molekuler ISSR.

Allah SWT menciptakan segala sesuatu pasti ada makna atau hikmah yang dapat diambil. Salah satu nikmat yang diberikan oleh Allah SWT kepada manusia yaitu berupa akal. Nikmat tersebut sebaiknya digunakan untuk berfikir dan menambah ilmu pengetahuan dalam upaya mengimani kebesaran dan kekuasaan Allah SWT. Pernyataan ini tertuang dalam Al-Quran pada surah Ali-Imran ayat 53 sebagai berikut:

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

“*Sesungguhnya dalam penciptaan langit dan bumi serta pergantian malam dan siang terdapat tanda-tanda (kebesaran Allah) bagi orang yang berakal*” (Q.S. Ali-Imran [3]:190)

Ayat diatas menunjukkan kekuasaan Allah SWT dengan diciptakannya langit dan bumi yang ditunjukkan pada lafadz *إِنَّ فِي خَلْقِ السَّمَوَاتِ وَالْأَرْضِ* yang artinya “*sesungguhnya dalam penciptaan langit dan bumi*”. Maksud dari lafadz tersebut yaitu tanda-tanda kekuasaan-Nya terdapat pada ciptaan-Nya baik di langit dan bumi yang dapat dijangkau oleh indra manusia. Hal ini seperti pada penciptaan bintang-bintang, komet, daratan, lautan, pegunungan, pepohonan, tumbuh-tumbuhan, tanaman, buah-buahan, binatang, barang tambang, berbagai macam warna, aneka ragam makanan dan bebauan (Katsir, 2004).

Allah SWT juga menunjukkan kekuasaan-Nya dengan diciptakannya waktu malam dan siang yang ditunjukkan pada lafadz **وَإِخْتِلَافِ اللَّيْلِ وَالنَّهَارِ** yang artinya “serta pergantian malam dan siang”. Maksud dari lafadz tersebut yaitu silih bergantinya malam dan siang yang saling susul menyusul dan terkadang antara malam dan siang ada yang lebih panjang dan pendek. Semua tanda-tanda kekuasaan-Nya tersebut dapat diketahui bagi orang yang berakal yang ditunjukkan pada lafadz **لَا يَتْلُو الْأَنْبَاءِ** yang artinya “terdapat tanda-tanda (kebesaran Allah) bagi orang yang berakal” (Katsir, 2004).

Hikmah yang dapat diambil dari Q.S Ali-Imran [3]: 190 bahwa Allah SWT menciptakan segala sesuatu di alam semesta ini pasti ada manfaatnya. Oleh karena itu, manusia yang diberi akal oleh Allah SWT untuk berfikir atas ciptaan-Nya. Hal ini agar manusia lebih mengenal Allah SWT melalui ciptaan-Nya dengan bertambahnya pengetahuan dan rasa syukur yang telah diberikan oleh-Nya.

BAB V PENUTUP

5.1 Kesimpulan

Kesimpulan pada penelitian ini adalah:

1. Pengelompokan klon mangga golek berdasarkan karakter morfologi terbagi menjadi 3 grup dengan rentang nilai similaritas dari 0,88 hingga 0,99.
2. Pengelompokan klon mangga golek berdasarkan marka molekuler terbagi menjadi 4 grup dengan rentang nilai similaritas dari 0,17 hingga 0,86.
3. Pengelompokan klon mangga golek berdasarkan karakter morfologi dan marka molekuler diperoleh hasil yang tidak konsisten.

5.2 Saran

Sebaiknya pada penelitian selanjutnya perlu dilakukan karakterisasi pada organ generatif seperti pada bunga dan buah sehingga karakter morfologi yang diketahui lebih beragam. Selain itu, penelitian tentang klon mangga dapat menggunakan primer ISSR-835. Hal ini karena penggunaan primer ISSR-835 dalam penelitian ini mampu menghasilkan pita DNA yang polimorfik dan semua sampel teramplifikasi dengan baik.

DAFTAR PUSTAKA

- AgroMedia, R. 2011. *Bertanam Mangga di Dalam Pot dan di Kebun*. AgroMedia Pustaka. Jakarta.
- Ajayi, I. I., Olawuyi, O. J., Ayodele, A. E., & Faneye, A. O. 2019. Molecular Relationship among *Mangifera indica* L.(Mango) Varieties Using Simple Sequence Repeat (SSR) Marker. *Journal of Advances in Biology & Biotechnology*. 22(4):1-16.
- Anu, A., Prasad, B. D., Kumar, R., Kumar, P., Patel, V. B., & Jha, R. N. 2015. Clonal variability studies in 'langra' mango (*Mangifera indica* L.) using morphological, biochemical and molecular markers. *International Journal of Agriculture, Environment and Biotechnology*. 8(3):567-581.
- Ariffin, Z., Sah, M. S. M., Idris, S., & Hashim, N. 2015. Genetic diversity of selected *Mangifera* species revealed by inter simple sequence repeats markers. *International Journal of Biodiversity*. 2015:1-8.
- Astuti, I. P., & Munawaroh, E. 2011. Karakteristik Morfologi Daun Sirih Merah: *Piper crocatum* Ruitz & Pav dan *Piper porphyrophyllum* NE Br. Koleksi Kebun Raya Bogor. *Penel. Hayati*.7:83-85.
- Baghizadeh, A., & Dehghan, E. 2018. Efficacy of SCoT and ISSR markers in assessment of genetic diversity in some Iranian pistachio (*Pistacia vera* L.) cultivars. *Pistachio and Health Journal*. 1(1):37-43.
- Bai, J. Y., Pang, Y. Z., Wu, S. J., Yu, M. Q., Zhang, X. H., Zhao, S. J., & Xu, H. W. 2013. Polymorphism Analysis of Chinese yellow quail using microsatellite markers. *Journal of Animal and Plant Sciences*. 23(4):1072-1076.
- Baswarsiat, B., & Yuniarti, Y. 2007. Karakter Morfologis dan Beberapa Keunggulan Mangga Podang Urang (*Mangifera indica* L.). *Buletin Plasma Nutfah*. 13(2):62-69.
- Begum, H., Reddy, M. T., Malathi, S., Reddy, B. P., Narshimulu, G., Nagaraju, J., & Siddiq, E. A. 2014a. Morphological and microsatellite analysis of intravarietal heterogeneity in 'Beneshan' mango (*Mangifera indica* L.). *International Journal of Agricultural and Food Research*. 3(2):16-33.
- Begum, H., Reddy, M. T., Malathi, S., Reddy, B. P., Narshimulu, G., Nagaraju, J., & Siddiq, E. A. 2014b. Morphological and microsatellite analysis of intravarietal variability in 'Cherukurasam' cultivar of mango (*Mangifera indica* L.). *Jordan Journal of Agricultural Sciences*. 10(3):452-471.
- Bajpai, A., Muthukumar, M., Ahmad, I., Ravishankar, K. V., Parthasarthy, V. A., Sthapit, B., ... & Rajan, S. 2016. Molecular and morphological diversity in locally grown non-commercial (heirloom) mango varieties of North India. *Journal of environmental biology*. 37(2):221-228.
- Bani, P. W., Daryono, B. S., & Purnomo, P. 2017. Penanda Molekuler Inter Simple Sequence Repeat untuk Menentukan Ketahanan Tanaman Jagung terhadap Penyakit Bulai. *Jurnal Fitopatologi Indonesia*. 13(4):127-127.
- Blair, M. W., Panaud, O., & McCouch, S. R. 1999. Inter-simple sequence repeat (ISSR) amplification for analysis of microsatellite motif frequency and fingerprinting in rice (*Oryza sativa* L.). *Theoretical and Applied Genetics*, 98(5), 780-792.

- BPS. 2020. *Statistik Hortikultura*. Badan Pusat Statistik. Jakarta.
- Bora, L., Singh, A. K., Kumar, A., & Metwal, M. 2018. Morphological and microsatellite marker based polymorphic assessment of genetic diversity and relationship of mango (*Mangifera indica* L.). *Indian Journal of Biotechnology*. 17:91-100.
- Chase, M. W., Christenhusz, M. J. M., Fay, M. F., Byng, J. W., Judd, W. S., Soltis, D. E., ... & Stevens, P. F. 2016. An update of the Angiosperm Phylogeny Group classification for the orders and families of flowering plants: APG IV. *Botanical Journal of the Linnean Society*. 181(1):1-20.
- Chesnokov, Y. V., & Artemyeva, A. M. 2015. Evaluation of the measure of polymorphism information of genetic diversity. *Agricultural Biology*. 50(5):571-578.
- Dalevi, D., Hugenholtz, P., & Blackall, L. L. 2001. A multiple-outgroup approach to resolving division-level phylogenetic relationships using 16S rDNA data. *International journal of systematic and evolutionary microbiology*. 51(2):385-391.
- Damodaran, T., Kannan, R., Ahmed, I., Srivastava, R. C., Rai, R. B., & Umamaheshwari, S. 2012. Assessing genetic relationships among mango (*Mangifera indica* L.) accessions of Andaman Islands using inter simple sequence repeat markers. *New Zealand Journal of Crop and Horticultural Science*, 40(4):229-240.
- Darmawan, A. R. B. 2015. Usaha peningkatan kualitas mangga kasturi (*Mangifera casturi*) dengan modifikasi budi daya tanaman. *Pros. Sem. Nas. Masy. Biodiv. Indon*. 1(4):894-899.
- Dayal, V., Dubey, A. K., Singh, S. K., Sharma, R. M., Dahuja, A., & Kaur, C. 2016. Growth, yield and physiology of mango (*Mangifera indica* L.) cultivars as affected by polyembryonic rootstocks. *Scientia Horticulturae*. 199:186-197.
- Dillon, N. L., Bally, I. S., Wright, C. L., Hucks, L., Innes, D. J., & Dietzgen, R. G. 2013. Genetic diversity of the Australian national mango genebank. *Scientia Horticulturae*. 150:213-226.
- Dinesh, M. R., Vasanthaiah, H. K. N., Ravishankar, K.V., Thangadurai, D., Narayanaswamy, P., Ali, Q., Kambiranda, D., & Basha, S.M. 2011. *Mangifera*. In Chittaranjan Kole (Ed.). *Wild Crop Relatives: Genomic and Breeding Resources Tropical and Subtropical Fruits*. Springer. New York. pp. 61-74.
- Ehonyotan, O. I., & Onemayin, D. Y. 2020. Studies on variation in morphological traits of mango trees (*Mangifera indica*) growing on Kogi State University campus, Anyigba, Kogi State, Nigeria. *GSC Biological and Pharmaceutical Sciences*. 11(1):113-120.
- El-Sherbeny, G. A. R., Khaled, A. G. A., Obiadalla-Ali, H. A., & Ahmed, A. Y. M. 2018. ISSR markers linked to agronomic traits in okra. *International Journal of Modern Agriculture*. 7(1):9-15.
- FAO. 2021. FAOSTAT. https://www.fao.org/faostat/en/#rankings/countries_by_commodity. Diakses 31 Oktober 2021.
- Fauzi, M. A. 2017. Filogenetik Cicak Jari Lengking (Squamata: Gekkonidae: *Cyrtodactylus*) di Jawa dan Sumatra Berdasarkan Analisis Morfologi dan Molekuler Gen Natrium Dehydrogenase Subunit 4 (ND4). *Skripsi*.

- Jurusan Biologi Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam Universitas Brawijaya. Malang.
- Fitmawati, F., Juliantri, E., & Sofiyanti, N. 2017. *Potensi dan Pengembangan Mangga Sumatera*. UR Press. Riau.
- Gitahi, R., Kasili, R., Kyallo, M., & Kehlenbeck, K. 2016. Diversity of threatened local mango landraces on smallholder farms in Eastern Kenya. *Forests, Trees and Livelihoods*. 25(4):239-254.
- Guasmi, F., Elfalleh, W., Hannachi, H., Feres, K., Touil, L., Marzougui, N., ... & Ferchichi, A. 2012. The use of ISSR and RAPD markers for genetic diversity among south tunisian barley. *International Scholarly Research Notices*. 2012:1-10.
- Gunita, A. P., & Nugraha, A. 2014. Pengembangan Tenda Tak Sentuh Tanah Untuk Penjelajahan Hutan Hujan Tropis Indonesia. *Jurnal Pengelolaan Sumberdaya Alam dan Lingkungan*. 5(2):187-198.
- Gusmiati, L. H., Hapsari, L., & Wahyudi, D. 2018. Keragaman dan pengelompokan morfologi 10 pisang olahan (Musa cv. Grup ABB) koleksi Kebun Raya Purwodadi LIPI. *Floribunda*, 5(8):299-314.
- Grant, T. 2019. Outgroup sampling in phylogenetics: Severity of test and successive outgroup expansion. *Journal of Zoological Systematics and Evolutionary Research*. 57(4):748-763.
- Hammer, Ø., Harper, D. A., & Ryan, P. D. 2001. PAST: Paleontological statistics software package for education and data analysis. *Palaeontologia electronica*. 4(1):9.
- Hermanto, C., Indriani, N. L. P., & Hadiati, S. 2013. *Keragaman dan kekayaan Buah Tropika Nusantra*. Badan Penelitian dan Pengembangan Pertanian Kementerian Pertanian. Jakarta.
- Hetharie, H., Raharjo, S. H. T., & Jambormias, E. 2018. Pengelompokan Klon-Klon Ubi Jalar Berdasarkan Analisis Gerombol, Komponen Utama dan Biplot dari Karakter Morfologi. *Jurnal Agronomi Indonesia (Indonesian Journal of Agronomy)*. 46(3):276-282.
- Hidayat, T., Pancoro, A., Kusumawaty, D., & Eiadthong, W. 2011. Molecular diversification and phylogeny of Mangifera (Anacardiaceae) in Indonesia and Thailand. *Int. J. Adv. Sci. Eng. Inf. Technol.* 1:88-91.
- Hidayat, T., & Pancoro, A. 2019. ULASAN Kajian Filogenetika Molekuler dan Perannya dalam Menyediakan Informasi Dasar untuk Meningkatkan Kualitas Sumber Genetik Anggrek. *Jurnal AgroBiogen*. 4(1):35-40.
- Ho, V. T., & Tu, N. T. 2019. Genetic Characterization of Mango Accessions Through RAPD and ISSR Markers In Vietnam. *SABRAO Journal of Breeding & Genetics*. 51(3):252-265.
- Igbari, A. D., Nodza, G. I., Adeusi, A. D., & Ogundipe, O. T. 2019. Morphological characterization of mango (*Mangifera indica* L.) cultivars from south-west Nigeria. *Ife Journal of Science*. 21(1):155-163.
- IPGRI. 2006. *Descriptors for mango. (Mangifera indica L.)*. International Plant Genetic Resources Institute (IPGRI). Rome.
- Jaccard, P. 1908. Nouvelles recherches sur la distribution florale. *Bull Soc Vaudoise C. Sci Nat*. 44(163):223-270.

- Jena, R. C., & Chand, P. K. 2021. Multiple DNA marker-assisted diversity analysis of Indian mango (*Mangifera indica* L.) populations. *Scientific reports*. 11(1):1-15.
- Jolliffe, I. T., & Cadima, J. 2016. Principal component analysis: a review and recent developments. *Philosophical Transactions of the Royal Society A: Mathematical, Physical and Engineering Sciences*. 374(2065):1-16.
- Joshi, R., Kundu, M., & Singh, C. P. 2013. Morphological characters: Efficient tool for identification on different mango cultivars. *Environ. Ecol.* 31:385-388.
- Kaiser, H. F. 1958. The varimax criterion for analytic rotation in factor analysis. *Psychometrika*, 23(3):187-200.
- Katsir, Ibnu. 2004. *Tafsir Ibnu Katsir*. Terjemahan M. Abdul Ghoffar E.M. Pustaka Imam Asy-Syafi'I. Bogor.
- Keputusan Menteri Pertanian. 1984 *Deskripsi Mangga Varietas Golek 31*. Nomor: 890/Kpts/TP.240/11/1984. Tanggal: 12 November 1984.
- Khadivi, A. 2018. Phenotypic characterization of *Elaeagnus angustifolia* using multivariate analysis. *Industrial Crops and Products*. 120:155-161.
- Khan, A. S., Ali, S., & Khan, I. A. 2015. Morphological and molecular characterization and evaluation of mango germplasm: An overview. *Scientia Horticulturae*. 194:353-366.
- Kharadi, A., Chaudhary, S., Pandey, M., Chaudhary, A., Sharma, M. C., & Chikara, S. K. 2014. Analysis of genetic diversity amongst banana cultivars prevalent in Gujarat region of India using ISSR markers. *Indian Journal of Biotechnology and Pharmaceutical Research*. 2(2):14-20.
- Kheshin, M. A., Sayed, H. A., & Allatif, A. M. A. 2016. Morphological and molecular analysis of genetic diversity among some "Sukkary" Mango (*Mangifera indica* L.) genotypes. *Journal of Horticultural Science and Ornamental Plants*. 8(1):1-10.
- Kishor, S., Dwivedi, D. H., Singh, N., Maji, S., & Sharma, M. K. 2019. Analysis of intra-varietal variability in mango (*Mangifera indica* L.) cv. Dashehari. *Annals of Plant and Soil Research*. 21(2):193-199.
- Knight Jr, R. J., Campbell, R. J., & Maguire, I. 2009. Important Mango Cultivars and their Descriptors. dalam Richard E. Litz (Ed.). *The Mango, 2nd Edition: Botany, Production and Uses*. CABI. United Kingdom. Hal. 42-66.
- Kostermans, A. J .G. H., & Bompard, J. M. 1993. *The Mangoes: Their Botany, Nomenclature, Horticulture, and Utilization*. Academic Press. London.
- Kumar, H., Narayanaswamy, P., Prasad, T., Mukunda, G. K., & Sondur, S. 2001. Estimation of genetic diversity of commercial mango (*Mangifera indica* L.) cultivars using RAPD markers *The Journal of Horticultural Science and Biotechnology*. 76(5):529-533.
- Kumar, M., Rani, K., Ajay, B. C., Patel, M. S., Mungra, K. D., & Patel, M. P. 2020. Multivariate Diversity Analysis for Grain Micronutrients Concentration, Yield and Agro-morphological Traits in Pearl millet (*Pennisetum glaucum* (L) R. Br.). *International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences*. 9(3):2209-2226.

- Kusmana, C., & Hikmat, A. 2015. Keanekaragaman hayati flora di Indonesia. *Journal of Natural Resources and Environmental Management*. 5(2):187-187.
- Lathankumar, K. J., Sreekala, A. K., Manikandan, K., Preetha, T. S., & Padmesh, P. 2016. Intravarietal diversity analysis of a Western Ghat *Mangifera indica* L. variety 'Kottoorkonam' using ISSR markers. *International Journal of Biotechnology and Biochemistry*. 12(1):85-94.
- Latif, A., Bilal, M., Hussain, S. B., & Ahmad, F. 2015. Estimation of genetic divergence, association, direct and indirect effects of yield with other attributes in cotton (*Gossypium hirsutum* L.) using biplot correlation and path coefficient analysis. *Tropical Plant Research*. 2(2):120-126.
- Ledesma, N. 2018. The genetic diversity of mangoes. In Victor Galán Saúco & Lu Ping (Ed.). *Achieving sustainable cultivation of mangoes*. Burleigh Dodds Science Publishing. Cambridge, UK. pp. 1-66.
- Lestari, D. A., Azrianingsih, R., & Hendrian, H. 2017. Taxonomical position of Annonaceae species from East Java, Indonesia: Collections of Purwodadi Botanic Garden based on morphological character. *Biodiversitas Journal of Biological Diversity*. 18(3):1067-1076.
- Lestari, S. U., & Julianto, R. P. D. 2020. Analisis Keragaman Genetik dan Kekerabatan Genotipe Ubi Jalar Berdasarkan Karakter Morfologi. *Buletin Palawija*. 18(2):113-122.
- Liu, X., & Yang, G. 2012. Assessment of clonal fidelity of micro-propagated guava (*Psidium guajava*) plants by ISSR markers. *Australian Journal of Crop Science*. 6(2):291-295.
- Litz, R. E., Gómez-Lim, M. A., & Lavi, U. 2009. Biotechnology. dalam Richard E. Litz (Ed.). *The Mango, 2nd Edition: Botany, Production and Uses*. CABI. United Kingdom. pp. 42-66.
- Lombardo, G., Schicchi, R., Marino, P., & Palla, F. 2012. Genetic analysis of *Citrus aurantium* L.(Rutaceae) cultivars by ISSR molecular markers. *Plant Biosystems-An International Journal Dealing with all Aspects of Plant Biology*. 146(1):19-26.
- Luo, A., Zhang, Y., Qiao, H., Shi, W., Murphy, R. W., & Zhu, C. 2010. Outgroup selection in tree reconstruction: a case study of the family Halictidae (Hymenoptera: Apoidea). *Acta Entomologica Sinica*. 53(2):192-201.
- Luo, C., He, X. H., Chen, H., Hu, Y., & Ou, S. J. 2012. Genetic relationship and diversity of *Mangifera indica* L.: revealed through SCoT analysis. *Genetic resources and crop evolution*. 59(7):1505-1515.
- Lyons-Weiler, J., Hoelzer, G. A., & Tausch, R. J. 1998. Optimal outgroup analysis. *Biological Journal of the Linnean Society*. 64(4):493-511.
- Malik, S. K., Rohini, M. R., Kumar, S., Choudhary, R., Pal, D., & Chaudhury, R. 2012. Assessment of genetic diversity in Sweet Orange [*Citrus sinensis* (L.) Osbeck] cultivars of India using morphological and RAPD markers. *Agricultural Research*. 1(4):317-324.
- Malik, R., Sharma, H., Sharma, I., Kundu, S., Verma, A., Sheoran, S., ... & Chatrath, R. 2014. Genetic diversity of agro-morphological characters in Indian wheat varieties using GT biplot. *Australian Journal of Crop Science*. 8(9):1266-1271.

- Manusama, L. 2015. Allah Dan Alam. *Kenosis: Jurnal Kajian Teologi*. 1(2):187-203.
- Muhonja, L., Yamanouchi, H., Yang, C. C., Kuwazaki, S., Yokoi, K., Kameda, T., ... & Jouraku, A. 2020. Genome-wide SNP marker discovery and phylogenetic analysis of mulberry varieties using double-digest restriction site-associated DNA sequencing. *Gene*. 726:144162.
- Nagaraju, J., Reddy, K. D., Nagaraja, G. M., & Sethuraman, B. N. 2001. Comparison of multilocus RFLPs and PCR-based marker systems for genetic analysis of the silkworm, *Bombyx mori*. *Heredity*. 86(5):588-597.
- Nalini, E., Bhagwat, S. G., & Jawali, N. 2004. A simple method for isolation of DNA from plants suitable for long term storage and DNA marker analysis. *BARC Newsletter*. 249:208-214.
- Neguse, T. B., Wanzala, F. K. R., Ali, W. M., Mwangi, G. S., & Owino, W. O. 2019. Phenotype characterization and diversity assessment of mango (*Mangifera indica* L.) cultivars in Ethiopia. *Journal of Plant Breeding and Crop Science*. 11(2):55-67.
- Ng, W. L., & Tan, S. G. 2015. Inter-simple sequence repeat (ISSR) markers: are we doing it right. *ASM Science Journal*. 9(1):30-39.
- Normah, M. N., Malik, S. K., Chaudhury, R., Salma, I., & Makeen, M. A. 2013. Conservation of tropical fruit genetic resources. dalam M. N. Normah., H. F. Chin., & Barbara M. Reed (Ed.). *Conservation of tropical plant species*. Springer. New York. pp. 137-170.
- Nurdianawati, S., Wicaksana, N., & Anas, A. 2016. Analisis Kesesuaian Marka SSR (Simple Sequence Repeats) untuk Identifikasi Keragaman Genetik pada Kacang Bambara Asal Jawa Barat. *Agrikultura*. 27(2):120-123.
- Oktavianto, Y., Sunaryo, S., & Suryanto, A. 2015. Karakterisasi tanaman mangga (*Mangifera indica* L.) Cantek, Ireng, Empok, Jempol di Desa Tiron, Kecamatan Banyakan Kabupaten Kediri. *Jurnal Produksi Tanaman*. 3(2):91-97.
- Ovesná, J., Russo, D., Frescura, D., Cusimamani, E. F., Svobodová, E., & Milella, L. 2018. Assessment of genetic diversity of *Smallanthus sonchifolius* (Poepp. & Endl.) h. Robinson landraces by using AFLP markers. *Genetika*. 50(3):803-816.
- Patil, M. V. B., Sawardekar, S. V., & Deshpande, R. S. 2019. Molecular analysis of Mango (*Mangifera indica* L.) Cv. Alphonso from different locations of South Konkan. *International Journal of Advanced Research in Biological Sciences*. 6(12):1-15.
- Pinto, A. C. D. Q., Saúco, V. G., Mitra, S. K., & Ferreira, F. R. 2018. Mango propagation. *Revista Brasileira de Fruticultura*. 40(1):98-100.
- Pracaya, P. 2011. *Bertanam Mangga*. Penebar Swadaya. Depok.
- Prevost, A., & Wilkinson, M. J. 1999. A new system of comparing PCR primers applied to ISSR fingerprinting of potato cultivars. *Theoretical and applied Genetics*. 98(1):107-112.
- Probojati, R.T., Didik W. dan Lia H. 2019. Clustering Analysis and Genome Inference of Pisang Raja Local Cultivars (*Musa* spp.) from Java Island by Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD) Marker. *Journal of Tropical Biodiversity and Biotechnology*. 4(2):42-53.

- Puslednik, L., & Serb, J. M. 2008. Molecular phylogenetics of the Pectinidae (Mollusca: Bivalvia) and effect of increased taxon sampling and outgroup selection on tree topology. *Molecular Phylogenetics and Evolution*. 48(3):1178-1188.
- Rahayu, S. E., & Handayani, S. 2011. Keragaman genetik pandan asal Jawa Barat berdasarkan penanda inter simple sequence repeat. *Makara Journal of Science*. 14(2):158-162.
- Rahayu, D. A., & Jannah, M. 2019. *DNA Barcode Hewan dan Tumbuhan Indonesia*. Yayasan Inspirasi Ide Berdaya. Jakarta.
- Ramadani, A. H., & Istiqomah, N. 2017. Karakterisasi Morfologi Mangga Podang (*Mangifera indica* L.) Berdasarkan Lingkungan Mikro dari Lima Kecamatan di Kabupaten Kediri. *Prosiding Seminar Nasional Hayati V*. 136-142.
- Rao, G. K., Kapadia, C., Patel, N. B., Desai, K. D., & Murthy, P. N. 2020. Genetic diversity analysis of greater yam (*Dioscorea alata* L.) genotypes through RAPD and ISSR markers. *Biocatalysis and Agricultural Biotechnology*. 23:1-11.
- Rebin & Karsinah. 2012. Perbaikan Pengelolaan Pohon Induk Mangga. *Iptek Hortikultura*. 8:1-7.
- Rocha, A., Salomão, L. C. C., Salomão, T. M. F., Cruz, C. D., & de Siqueira, D. L. 2012. Genetic diversity of 'Uba' mango tree using ISSR markers. *Molecular biotechnology*. 50(2):108-113.
- Roldàn-Ruiz, I., Dendauw, J., Van Bockstaele, E., Depicker, A., & De Loose, M. A. F. L. P. 2000. AFLP markers reveal high polymorphic rates in ryegrasses (*Lolium* spp.). *Molecular breeding*. 6(2):125-134.
- Samal, K. C., Jena, R. C., Swain, S. S., Das, B. K., & Chand, P. K. 2012. Evaluation of genetic diversity among commercial cultivars, hybrids and local mango (*Mangifera indica* L.) genotypes of India using cumulative RAPD and ISSR markers. *Euphytica*. 185(2):195-213.
- Samsampour, D., Kazemzadeh-Beneh, H., Damizadeh, G. R., & Mirzaei, Z. 2020. Morphological and biochemical classification of Iranian mango germplasm collection by multivariate analysis: implications for breeding. *Advances in Horticultural Science*. 34(4): 381-395.
- Sankaran, M., Dinesh, M. R., Abirami, K., & Murugan, C. 2021. Botany of Mango. dalam Chittaranjan Kole (Ed.). *The Mango Genome*. Springer. Switzerland. pp. 13-30.
- Sartiami, D., Magdalena, M., & Nurmansyah, A. 2015. Thrips parvispinus Karny (Thysanoptera: Thripidae) pada tanaman cabai: perbedaan karakter morfologi pada tiga ketinggian tempat. *Jurnal Entomologi Indonesia*. 8(2):85-95.
- Sembiring, M. B., Rahmi, D., Maulina, M., Tari, V., Rahmayanti, R., & Suwardi, A. B. 2020. Identifikasi Karakter Morfologi dan Sensoris Kultivar Mangga (*Mangifera Indica* L.) di Kecamatan Langsa Lama, Aceh, Indonesia. *Jurnal Biologi Tropis*. 20(2):179-184.
- Sennhenn, A., Prinz, K., Gebauer, J., Whitbread, A., Jamnadass, R., & Kehlenbeck, K. 2014. Identification of mango (*Mangifera indica* L.) landraces from Eastern and Central Kenya using a morphological and molecular approach. *Genetic Resources and Crop Evolution*. 61(1):7-22.

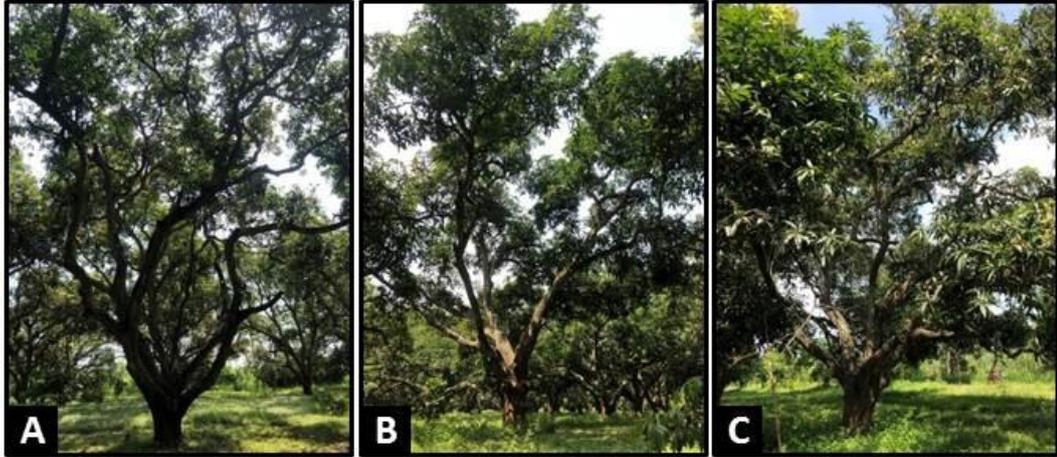
- Setiawati, T., Supriatun, T., & Karuniawan, A. 2013. Analisis keragaman genetik kerabat liar ubi jalar asal Citatah sebagai sumber gen untuk merakit ubi jalar unggul berdasarkan karakter morfologi. *Jurnal Biodjati*. 3(1):14-20.
- Shama, R., Jabeen, N., & Sofi, P. A. 2019. Principal component analysis for assessment of variability in phenological and morphological traits in French bean (*Phaseolus vulgaris* L). *Electronic Journal of Plant Breeding*. 10(4):1569-1575.
- Shamili, M., Fatahi, R., & Hormaza, J. I. 2012. Characterization and evaluation of genetic diversity of Iranian mango (*Mangifera indica* L., Anacardiaceae) genotypes using microsatellites. *Scientia horticulturae*. 148:230-234.
- Shi, S., Wu, H., Wang, S., Liu, L., Wang, Y., & Ma, W. 2011. Genetic diversity of mango germplasm based on morphological characters and AFLP markers. *Acta Horticulturae Sinica*. 38(3):449-456.
- Siddiq, M. 2017. *Handbook of mango fruit: production, postharvest science, processing technology and nutrition*. Wiley. Oxford, UK.
- Singh, P. K., Sharma, H., Srivastava, N., & Bhagyawant, S. S. 2014. Analysis of genetic diversity among wild and cultivated chickpea genotypes employing ISSR and RAPD markers. *American Journal of Plant Sciences*. 5:676-682.
- Singh, S. K., Singh, A., Nath, V., Parthasarathy, V. A., Sthapit, B., Rajan, S., & Vinoth, S. 2015. Genetic Diversity in Seedling Populations of Mango. *Indian Journal of Plant Genetic Resources*. 28(1):123-131.
- Singh, N. K., Mahato, A. K., Jayaswal, P. K., Singh, A., Singh, S., Singh, N., ... & Sharma, T. R. 2016. Origin, diversity and genome sequence of mango (*Mangifera indica* L.). *Indian Journal of History of Science*. 355-368.
- Solin, N. W., & Mathius, N. T. 2016. Keragaman Genetik Populasi Tetua Saudara Kandung (Sibs) Kelapa Sawit Dura Deli Berdasarkan Penanda DNA Mikrosatelit. *Buletin Palma*. 14(2):100-108.
- Souza, I. G. B., Valente, S. E. S., Britto, F. B., de Souza, V. A. B., & Lima, P. D. C. 2011. RAPD analysis of the genetic diversity of mango (*Mangifera indica*) germplasm in Brazil. *Genetics and Molecular Research*. 10(4):3080-3089.
- Sumiasri, N., Rijadi, J., & Priadi, D. 2005. Variasi jenis dan kultivar mangga di madiun dan sekitarnya; pengembangan dan permasalahannya. *Biodiversitas*. 7(1):39-43.
- Surapaneni, M., Vemireddy, L. R., Begum, H., Reddy, B. P., Neetasri, C., Nagaraju, J., ... & Siddiq, E. A. 2013. Population structure and genetic analysis of different utility types of mango (*Mangifera indica* L.) germplasm of Andhra Pradesh state of India using microsatellite markers. *Plant Systematics and Evolution*. 299(7):1215-1229.
- Suresh, K., Yallappa, H., Pappachan, A., Laskar, M., Manjunath, G. R., Chakravarthy, D., & Sivaprasad, V. 2021. Selection of Mulberry Genotypes for Rainfed Conditions through Principal Component Analysis. *International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences*. 10(01):2762-2778.
- Suryaningsih, V., Ferniah, R. S., & Kusdiyantini, E. 2018. Karakteristik morfologi, biokimia, dan molekuler isolat khamir IK-2 hasil isolasi dari

- jus buah sirsak (*Annona muricata* L.). *Jurnal Akademika Biologi*. 7(1):18-25.
- Swita, A. Fimawati dan Minarni. 2013. Analisis Hubungan Kekerbatan Beberapa Jenis Mangga (*Mangifera*) Berdasarkan Karakter Morfologi dan Fluoresensi Klorofil. *Jurnal Produksi Tanaman*. 1-10.
- Tasliyah, T., Karsinah, K., & Prasetyono, J. 2016. Keragaman sebelas klon mangga komersial Indonesia. *Jurnal Hortikultura*. 26(1):31-40.
- Tjitrosoedirdjo, S. S., Chikmawati, T., Ariyanti, N., & Djuitasari, N. R. 2014. *Taksonomi Tumbuhan Tinggi*. Edisi 2. Penerbit Universitas Terbuka. Tangerang Selatan.
- Toili, M. E. M., Rimberia, F. K., Nyende, A. B., & Sila, D. 2016. Morphological diversity of mango germplasm from the Upper Athi River region of eastern Kenya: An analysis based on non-fruit descriptors. *African Journal of Food, Agriculture, Nutrition and Development*. 16(2):10913-10935.
- Uddin, M., Sun, W., He, X., da Silva, J. T., & Cheng, Q. 2014. An improved method to extract DNA from mango *Mangifera indica*. *Biologia*. 69(2):133-138.
- Varshney, R. K., Chabane, K., Hendre, P. S., Aggarwal, R. K., & Graner, A. 2007. Comparative assessment of EST-SSR, EST-SNP and AFLP markers for evaluation of genetic diversity and conservation of genetic resources using wild, cultivated and elite barleys. *Plant Science*. 173(6):638-649.
- Venkateswarlu, K. 2013. Clonal variability studies in 'Alphonso' mango (*Mangifera indica* L.) by phenotypic characters and molecular markers. *International Journal of Pharmamedix India*. 1(2):398-414.
- Wahyudi, D., & Rifliyah, K. 2020. Genome evaluation of banana cultivars based on morphological character and Inter-Simple Sequence Repeat (ISSR) molecular marker. *Biodiversitas Journal of Biological Diversity*. 21(7): 2982-2990.
- Wahyuni, S., & Siregar, H. M. 2020. Keragaman dan Analisis Kekerbatan 30 Jenis Begonia Berdasarkan Karakter Morfologi. *Buletin Kebun Raya*. 23(2):91-103.
- Wang, H. Z., Wu, Z. X., Lu, J. J., Shi, N. N., Zhao, Y., Zhang, Z. T., & Liu, J. J. 2009. Molecular diversity and relationships among *Cymbidium goeringii* cultivars based on inter-simple sequence repeat (ISSR) markers. *Genetica*. 136(3):391-399.
- Wijayanto, T., Dirvamena, B., & Ente, L. 2013. Hubungan kekerabatan aksesori Pisang Kepok (*Musa paradisiaca* Formatypica) di Kabu-paten Muna berdasarkan karakter morfologi dan penanda RAPD. *Jurnal Agroteknos*. 3(3):163-170.
- Wilberg, E. W. 2015. What's in an outgroup? The impact of outgroup choice on the phylogenetic position of Thalattosuchia (Crocodylomorpha) and the origin of Crocodyliformes. *Systematic Biology*, 64(4):621-637.
- Yadav, D., & Singh, S. P. 2017. Mango: History origin and distribution. *Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry*. 6(6):1257-1262.
- Yadav, D., Yadav, K. S., & Singh, S. 2018. Mango: Taxonomy and botany. *Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry*. 7(2):3253-3258.

- Yamanaka, N., Hasran, M., Xu, D. H., Tsunematsu, H., Idris, S., & Ban, T. 2006. Genetic relationship and diversity of four *Mangifera* species revealed through AFLP analysis. *Genetic Resources and Crop Evolution*. 53(5):949-954.
- Yonemori, K., Honsho, C., Kanzaki, S., Eiadthong, W., & Sugiura, A. 2002. Phylogenetic relationships of *Mangifera* species revealed by ITS sequences of nuclear ribosomal DNA and a possibility of their hybrid origin. *Plant Systematics and Evolution*. 231(1):59-75.
- Yousefi, V., Najaphy, A., Zebarjadi, A., & Safari, H. 2015. Molecular characterization of *Thymus* species using ISSR markers. *The Journal of Animal & Plant Sciences*. 25(4):1087-1094.
- Yusuf, S. N. A., Rahman, A. M. A., Zakaria, Z., Subbiah, V. K., Masnan, M. J., & Wahab, Z. 2020. Morphological Variability Identification of Harumanis Mango (*Mangifera indica* L.) Harvested from Different Location and Tree Age. *Tropical Life Sciences Research*. 31(2):107-143.
- Zhang, C., Xie, D., Bai, T., Luo, X., Zhang, F., Ni, Z., & Chen, Y. 2020. Diversity of a large collection of natural populations of mango (*Mangifera indica* Linn.) revealed by agro-morphological and quality traits. *Diversity*, 12(1):27.
- Zietkiewicz, E., Rafalski, A., & Labuda, D. 1994. Genome fingerprinting by simple sequence repeat (SSR)-anchored polymerase chain reaction amplification. *Genomics*. 20(2):176-183.

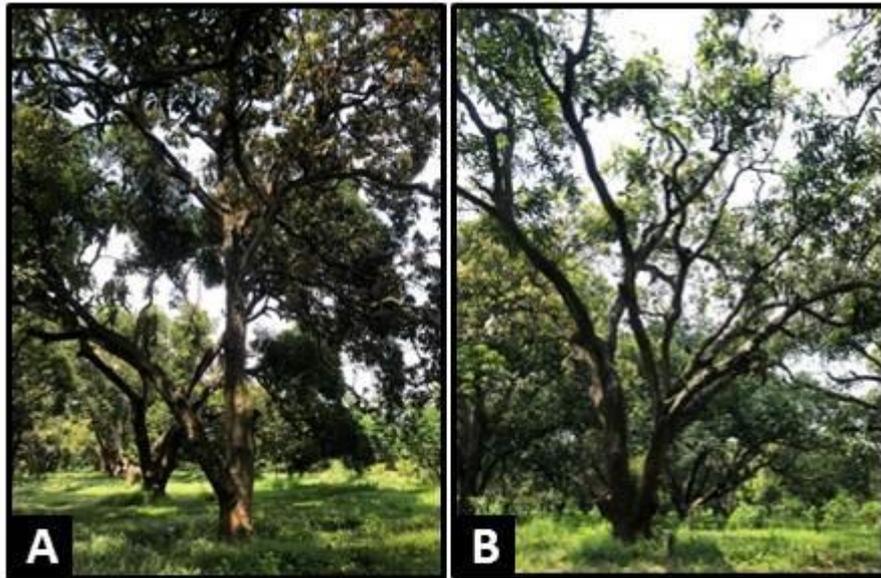
LAMPIRAN

Lampiran 1. Variasi Bentuk Kanopi Pada Klon Mangga

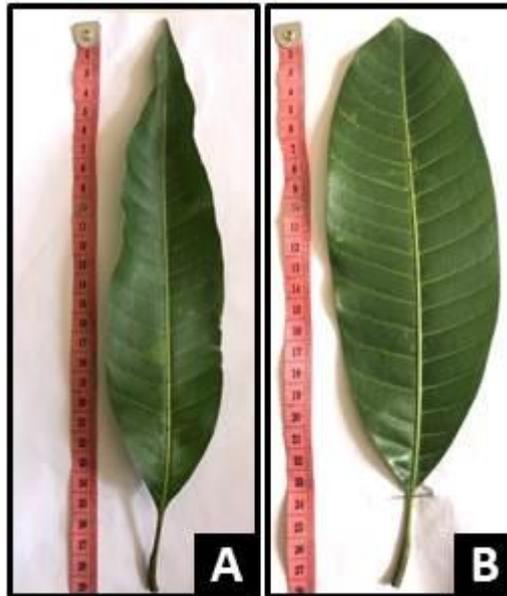


Keterangan: A) berbentuk *oblong* pada mangga Golek 33, B) berbentuk *broadly pyramidal* pada mangga Golek 35, dan C) berbentuk *semi-circular* pada mangga Golek 31.

Lampiran 2. Variasi Bentuk Pertumbuhan Pohon Pada Klon Mangga



Keterangan: A) berbentuk *erect* pada mangga Kuweni 51 dan B) berbentuk *spreading* pada mangga Golek 177.

Lampiran 3. Variasi Bentuk Helai Daun Pada Klon Mangga

Keterangan: A) berbentuk *lanceolate* pada mangga Golek India dan B) berbentuk *elliptic* pada mangga Kuweni Bini.

Lampiran 4. Variasi Susunan Daun Terhadap Batang Pada Klon Mangga

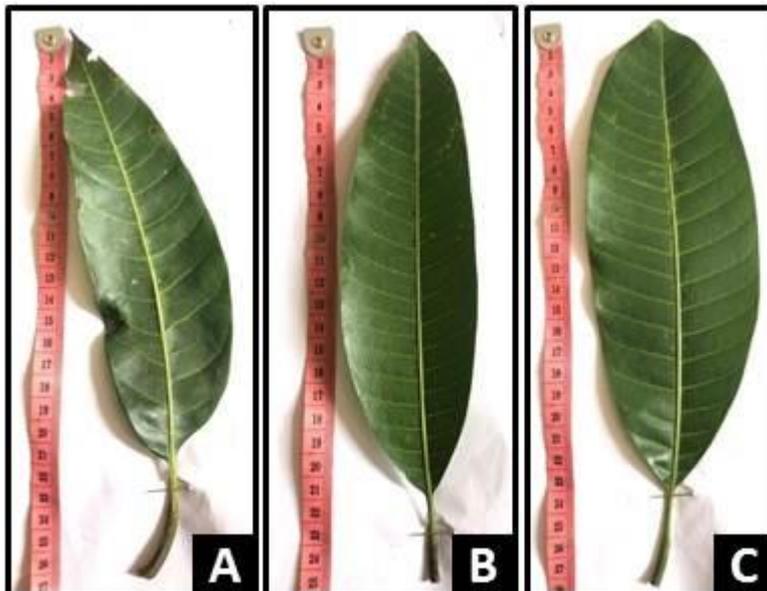
Keterangan: A) tersusun terangkat (*semi-erect*) pada mangga Golek 31 dan B) tersusun mendatar (*horizontal*) pada mangga Golek Amerika.

Lampiran 5. Variasi Panjang Daun Pada Klon Mangga



Keterangan: A) berukuran pendek (11-17 cm) pada mangga Golek Lanang, B) berukuran sedang (17-24 cm) pada mangga Golek 195, dan C) berukuran panjang (24-32 cm) pada mangga Golek Malaysia.

Lampiran 6. Variasi Lebar Daun Pada Klon Mangga



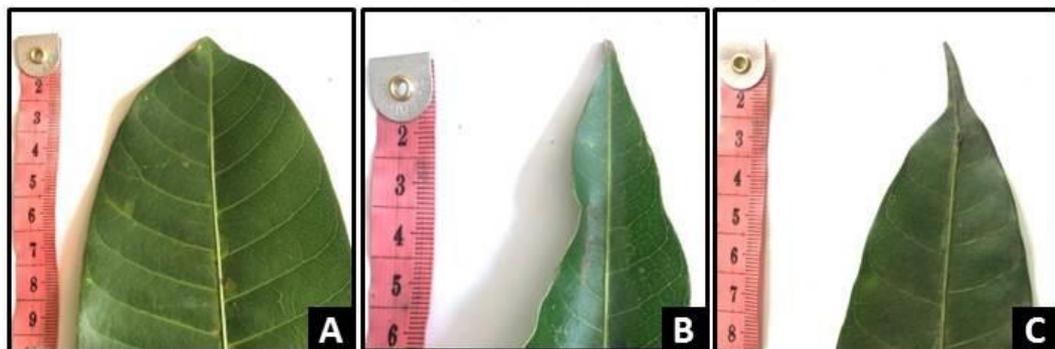
Keterangan: A) berukuran pendek (3-5 cm) pada mangga Golek Lanang, B) berukuran sedang (5-7 cm) pada mangga Kuweni Laki, dan C) berukuran panjang (7-9 cm) pada mangga Kuweni Bini.

Lampiran 7. Variasi Panjang Tangkai Daun Pada Klon Mangga



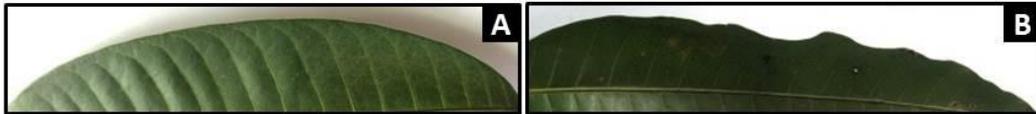
Keterangan: A) berukuran pendek (2-3,5 cm) pada mangga Golek Lanang, B) berukuran sedang (3,5-5 cm) pada mangga Golek India, dan C) berukuran panjang (5-6,5 cm) pada mangga Golek 31.

Lampiran 8. Variasi Bentuk Ujung Daun Pada Klon Mangga



Keterangan: A) berbentuk tumpul (*obtuse*) pada mangga Kuweni Bini, B) berbentuk runcing (*acute*) pada mangga Golek India, dan C) berbentuk meruncing (*acuminate*) pada mangga Golek 33.

Lampiran 9. Variasi Bentuk Tepi Daun Pada Klon Mangga



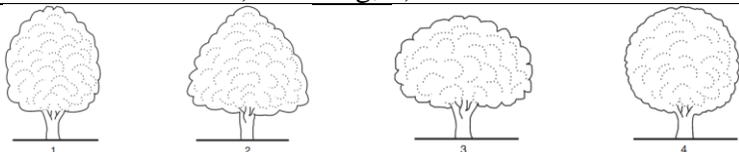
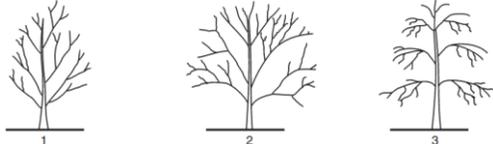
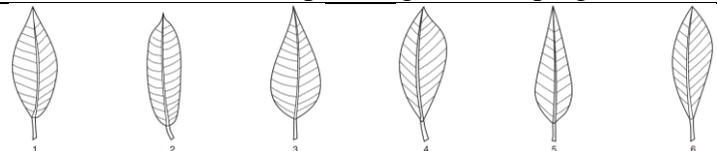
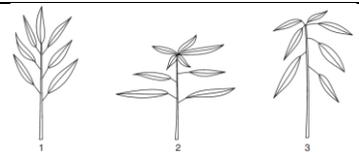
Keterangan: A) berbentuk rata (*entire*) pada mangga Kuweni 51 dan B) berbentuk bergelombang (*wavy*) pada mangga Golek 195.

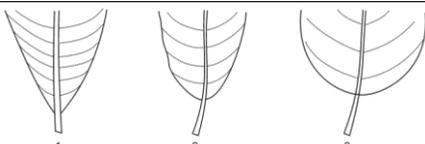
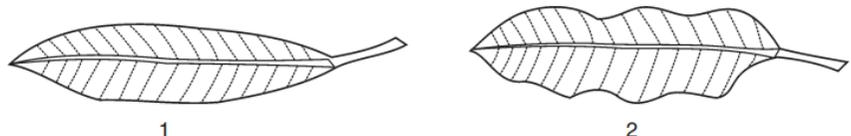
Lampiran 10. Variasi Warna Daun Muda Pada Klon Mangga



Keterangan: A) berwarna hijau muda dengan semburat coklat (*Light green with brownish tinge*) pada mangga Golek 195, B) berwarna merah bata muda (*Light brick red*) pada mangga Golek Malaysia, dan C) berwarna coklat kemerahan (*Reddish brown*) pada mangga Kuweni Laki.

Lampiran 11. Tabel Karakter Morfologi Mangga Yang Diamati

No	Karakter Morfologi	Kode	Keterangan
1	Tipe Pohon	TP	1) Seedling; 2) Grafted
2	Bentuk Kanopi Pohon	BKP	 <p>1) Oblong; 2) Broadly pyramidal; 3) Semi-circular; 4) Spherical</p>
3	Bentuk Pertumbuhan Pohon	BPP	 <p>1) Erect; 2) Spreading; 3) Drooping</p>
4	Bentuk Helaian Daun	BHD	 <p>1) Elliptic; 2) Oblong; 3) Ovate; 4) Obovate; 5) Lanceolate; 6) Oblanceolate</p>
5	Susunan Daun Terhadap Batang	SDTB	 <p>1) Semi-erect; 2) Horizontal; 3) Semi-drooping</p>
6	Panjang Daun*	PD	1) Pendek (11-17 cm); 2) Sedang (17-24 cm); 3) Panjang (24-32 cm)
7	Lebar Daun*	LD	1) Pendek (3-5 cm); 2) Sedang (5-7 cm); 3) Panjang (7-9 cm)
8	Panjang Tangkai Daun*	PTD	1) Pendek (2-3,5 cm) 2) Sedang (3,5-5 cm); 3) Panjang (5-6,5 cm)
9	Tipe Pelvinus	TPv	1) Tipis (Thin); 2) Tebal dan Menyudut (Thick and Tapering)

10	Sudut Antara Tulang Daun primer dan sekunder*	SATD	1) Sempit (<45°); 2) Sedang (45-60°); 3) Luas (>60°)
11	Lekukan pada Tulang Daun Sekunder	LTDS	0) Tidak Ada (Absent); 1) Ada (Present)
12	Tekstur Daun	TD	1) Coriaceous; 2) Chartaceous; 3) Membranous
13	Bentuk Ujung Daun	BUD	 <p>1) Obtuse; 2) Acute; 3) Acuminate</p>
14	Bentuk Pangkal Daun	BPD	 <p>1) Acute; 2) Obtuse; 3) Round</p>
15	Bentuk Tepi Daun	BTD	 <p>1) Rata (Entire); 2) Bergelombang (Wavy)</p>
16	Indumentum Daun	ID	0) Tidak Ada (Absent); 1) Ada (Present)
17	Warna permukaan Atas Daun Tua	WADT	1) Hijau Pucat (Pale green); 2) Hijau (Green); 3) Hijau Tua (Dark Green)
18	Warna permukaan Bawah Daun Tua	WBDT	1) Hijau Pucat (Pale green); 2) Hijau (Green); 3) Hijau Tua (Dark Green)
19	Aroma Daun	AD	0) Tidak Ada (Absent); 1) Ringan (Mild); 2) Kuat (Strong)
20	Warna Daun Muda	WDM	1) Hijau Muda (Light green); 2) Hijau Muda dengan Semburat Cokelat (Light green with brownish tinge); 3) Merah Bata Muda (Light brick red); 4) Cokelat Kemerahan (Reddish brown); 5) Cokelat Kehitaman (Deep coppery tan)

*Karakter diukur pada 10 daun dewasa

Lampiran 12. Tabel Karakterisasi Mangga Berdasarkan Karakter Morfologi

	TP	BKP	BPP	BHD	SDTB	PD	LD	PTD	TPv	SATD	LTDS	TD	BUD	BPD	BTD	ID	WADT	WBDT	AD	WDM
G 31	2	3	1	5	1	3	2	3	2	3	1	2	3	1	2	0	3	1	1	2
G 33	2	1	1	5	1	3	2	3	2	3	1	2	3	1	2	0	3	1	1	2
G 35	2	2	1	5	1	3	2	3	2	3	1	2	2	1	2	0	3	1	1	2
G 177	2	3	2	5	2	2	2	2	2	3	1	2	3	1	2	0	3	1	1	3
G 195	2	1	2	5	2	2	2	2	2	3	1	2	3	1	2	0	3	1	1	2
G A	2	2	2	5	2	2	2	2	2	3	1	2	3	1	2	0	3	1	1	3
G I	2	1	2	5	2	2	2	2	2	3	1	2	2	1	2	0	3	1	2	2
G M	2	1	2	5	2	3	3	2	2	3	1	2	2	1	2	0	3	1	1	3
G L	2	1	1	5	2	1	1	1	2	3	1	2	2	1	2	0	3	1	1	2
K L	2	1	1	1	2	2	2	2	2	3	1	1	2	1	1	0	3	1	1	4
K B	2	1	1	1	2	3	3	2	2	3	1	1	1	1	1	0	3	1	2	4
K 51	2	1	1	1	2	2	2	2	2	3	1	1	3	1	1	0	3	1	1	4

Keterangan: G 31 (Golek 31); G 33 (Golek 33); G 35 (Golek 35); G 177 (Golek 177); G 195 (Golek 195); G A (Golek Amerika); G I (Golek India); G M (Golek Malaysia); G L (Golek Lanang); K L (Kuweni Laki); K B (Kuweni Bini); K 51 (Kuweni 51); TP (Tipe Pohon); BKP (Bentuk Kanopi Pohon); BPP (Bentuk Pertumbuhan Pohon); BHD (Bentuk Helaiian Daun); SDTB (Susunan Daun Terhadap Batang); PD (Panjang Daun), LD (Lebar Daun); PTD (Panjang Tangkai Daun); TPv (Tipe Pelvinus); SATD (Sudut Antara Tulang Daun primer dan sekunder); LTDS (Lekukan pada Tulang Daun Sekunder); TD (Tekstur Daun); BUD (Bentuk Ujung Daun); BPD (Bentuk Pangkal Daun); BTD (Bentuk Tepi Daun); ID (Indumentum Daun); WADT (Warna permukaan Atas Daun Tua); WBDT (Warna permukaan Bawah Daun Tua); AD (Aroma Daun); WDM (Warna Daun Muda).

Lampiran 13. Tabel Nilai Analisis PCA

	PC 1	PC 2	PC 3	PC 4	PC 5	PC 6	PC 7	PC 8	PC 9	PC 10	PC 11	PC 12
TP	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BKP	0,16	0,39	0,57	0,31	-0,60	0,09	0,05	-0,17	2,63E-12	-7,17E-13	-3,26E-13	0,16
BPP	0,10	-0,18	-0,01	0,55	0,24	0,33	-0,49	-0,21	-0,41	0,19	-0,10	0,10
BHD	0,84	-0,10	-0,14	0,15	0,00	-0,21	0,04	0,27	0,12	-0,15	-0,29	0,84
SDTB	-0,08	-0,35	0,03	0,33	0,02	0,07	0,05	-0,22	0,81	0,24	-0,02	-0,08
PD	0,003	0,58	-0,33	0,13	0,15	-0,13	0,25	-0,07	-0,01	0,61	-0,23	0,003
LD	-0,08	0,24	-0,31	0,46	0,17	-0,06	0,30	-0,28	0,01	-0,61	0,23	-0,08
PTD	0,06	0,53	-0,03	-0,15	0,19	0,24	-0,60	0,16	0,41	-0,19	0,10	0,06
TPv	-8,96E-26	3,15E-20	-1,81E-18	-1,82E-17	4,41E-18	8,74E-16	-2,73E-14	-4,18E-14	0,00	-0,11	-0,13	-8,96E-26
SATD	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2,90E-12	5,32E-12	0
LTDS	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1,11E-12	0	0
TD	0,21	-0,02	-0,04	0,04	0,00	-0,05	0,01	0,07	-0,03	0,21	0,62	0,21
BUD	0,14	0,07	0,58	-0,05	0,65	0,25	0,39	0,07	-2,32E-12	1,86E-12	-1,56E-13	0,14
BPD	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
BTD	0,21	-0,02	-0,04	0,04	0,00	-0,05	0,01	0,07	-0,03	0,21	0,62	0,21
ID	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
WADT	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
WBDT	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
AD	-0,05	-0,03	-0,28	0,11	-0,24	0,73	0,30	0,48	-1,46E-12	-5,68E-14	-6,01E-14	-0,05
WDM	-0,36	0,02	0,19	0,45	0,07	-0,40	-0,10	0,68	1,96E-13	-2,22E-12	1,59E-12	-0,36
Eigenvalue	4,58	0,98	0,66	0,49	0,29	0,11	0,02	0,02	1,25E-27	4,17E-28	2,65E-29	4,58
% variance	64,01	13,67	9,29	6,85	4,07	1,52	0,33	0,27	1,75E-27	5,82E-28	3,70E-29	64,01

Lampiran 14. Tabel Karakterisasi Mangga Berdasarkan Marka Molekuler ISSR

ISSR 835	G 31	G 33	G 35	G 177	G 195	G A	G I	G M	G L	K L	K B	K 51
1100 bp	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
1000 bp	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
900 bp	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
800 bp	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
750 bp	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1
700 bp	0	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0	0
650 bp	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1
600 bp	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
550 bp	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
500 bp	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1
400 bp	0	0	0	0	0	1	0	1	0	0	0	0
200 bp	0	1	1	1	1	0	1	1	1	1	1	1

ISSR 843	G 31	G 33	G 35	G 177	G 195	G A	G I	G M	G L	K L	K B	K 51
1500 bp	1	0	1	0	0	0	0	0	1	0	0	0
1000 bp	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0
900 bp	0	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1
800 bp	1	0	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0
750 bp	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1
700 bp	1	0	1	0	1	0	0	1	1	0	0	0
650 bp	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
550 bp	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
500 bp	0	0	1	0	0	0	0	1	0	0	0	0
350 bp	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
300 bp	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0

ISSR 848	G 31	G 33	G 35	G 177	G 195	G A	G I	G M	G L	K L	K B	K 51
1500 bp	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0	0	0
500 bp	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
250 bp	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0

ISSR 855	G 31	G 33	G 35	G 177	G 195	G A	G I	G M	G L	K L	K B	K 51
1500 bp	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
900 bp	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1	1
800 bp	0	1	1	1	1	0	0	1	0	0	0	0
700 bp	1	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
550 bp	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
450 bp	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
400 bp	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
350 bp	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
300 bp	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1

Keterangan: G 31 (Golek 31); G 33 (Golek 33); G 35 (Golek 35); G 177 (Golek 177); G 195 (Golek 195); G A (Golek Amerika); G I (Golek India); G M (Golek Malaysia); G L (Golek Lanang); K L (Kuweni Laki); K B (Kuweni Bini); K 51 (Kuweni 51).

Lampiran 15. Kartu Konsultasi Pembimbing I

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

KARTU KONSULTASI SKRIPSI

Nama : Ahmad Waladin Syafa
 NIM : 17620014
 Program Studi : S1 Biologi
 Semester : Ganjil TA 2021/2022
 Pembimbing : Didik Wahyudi, M.Si
 Judul Skripsi : Pengelompokan Klon Mangga Golek
 (*Mangifera indica* L. cv. Golek) Berdasarkan
 Karakter Morfologi Dan Marka Molekuler
 ISSR (*Inter-Simple Sequence Repeat*)

No	Tanggal	Uraian Materi Konsultasi	Ttd. Pembimbing
1	13 Februari 2021	Konsultasi Proposal Skripsi	
2	26 Februari 2021	Simulasi Seminar Proposal	
3	27 Februari 2021	Konsultasi BAB I, II dan III	
4	13 Maret 2021	Simulasi Seminar Proposal	
5	17 Maret 2021	Revisi BAB I, II dan III	
6	1 April 2021	Acc Proposal Skripsi	
7	1 November 2021	Konsultasi BAB VI	
8	4 November 2021	Acc Naskah Skripsi	

Malang, 4 November 2021

Pembimbing Skripsi,

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

Ketua Program Studi,



Dr. Erika Sandi Savitri, M.P
 NIP. 19741018 200312 2 002

Lampiran 16. Kartu Konsultasi Pembimbing II

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

KARTU KONSULTASI AGAMA SKRIPSI

Nama : Ahmad Waladin Syafa
 NIM : 17620014
 Program Studi : S1 Biologi
 Semester : Ganjil TA 2021/2022
 Pembimbing : Oky Bagas Prasetyo, M.Pd.I
 Judul Skripsi : Pengelompokan Klon Mangga Golek
 (*Mangifera indica* L. cv. Golek) Berdasarkan
 Karakter Morfologi Dan Marka Molekuler
 ISSR (*Inter-Simple Sequence Repeat*)

No	Tanggal	Uraian Materi Konsultasi	Ttd. Pembimbing
1	11 Maret 2021	Integrasi BAB I	
2	29 Maret 2021	Revisi Integrasi BAB I	
3	31 Maret 2021	Acc Proposal Skripsi	
4	31 Oktober 2021	Integrasi BAB II dan VI	
5	4 November 2021	Acc Naskah Skripsi	

Malang, 4 November 2021

Pembimbing Skripsi,

Ketua Program Studi,



Dr. Evika Sandi Savitri, M.P

Oky Bagas Prasetyo, M.Pd.I
 NIDT. 19890113 20180201 1 244

NIP. 19741018 200312 2 002

Lampiran 17. Checklist Plagiasi



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

Form Checklist Plagiasi

Nama : Ahmad Waladin Syafa
 NIM : 17620014
 Judul Skripsi : Pengelompokan Klon Mangga Golek
 (*Mangifera indica* L. cv. Golek) Berdasarkan
 Karakter Morfologi Dan Marka Molekuler
 ISSR (*Inter-Simple Sequence Repeat*)

No	Tim Check Plagiasi	Skor Plagiasi	Tanggal	TTD
1	Azizatur Rohmah, M.Sc			
2	Berry Fakhry Hanifa, M.Sc			
3	Bayu Agung Prahardika, M.Si			
4	Maharani Retna Duhita, M.Sc., PhD.Med.Sc	16%	5 Nov 2021	



Mengetahui,
 Ketua Program Studi Biologi

Dr. Erika Sandi Savitri, M. P
 NIP. 19741018 200312 2 002