

**VARIABILITAS KLON MANGGA MADU (*Mangifera indica* L. cv. Madu)
BERDASARKAN KARAKTER MORFOLOGI DAN MARKA
MOLEKULER ISSR (*Inter-Simple Sequences Repeat*)**

SKRIPSI

**Oleh:
RIZA NENSY MARANTIKA
NIM. 17620053**



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

**VARIABILITAS KLON MANGGA MADU (*Mangifera indica* L. cv. Madu)
BERDASARKAN KARAKTER MORFOLOGI DAN MARKA
MOLEKULER ISSR (*Inter-Simple Sequences Repeat*)**

SKRIPSI

**Oleh:
RIZA NENSY MARANTIKA
NIM. 17620053**

**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**

**VARIABILITAS KLON MANGGA MADU (*Mangifera indica* L. cv.
Madu) BERDASARKAN KARAKTER MORFOLOGI DAN
MARKA MOLEKULER ISSR (*Inter-Simple Sequences Repeat*)**

SKRIPSI

Oleh:
Riza Nensy Marantika
NIM. 17620053

Telah diperiksa dan disetujui untuk diuji:
Tanggal 4 Oktober 2021

Pembimbing I



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

Pembimbing II



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



Mengetahui,
Kepa Program Studi Biologi
UIN Maulana Malik Ibrahim Malang


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

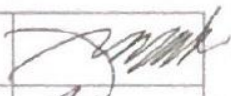
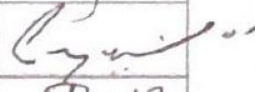
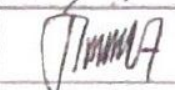
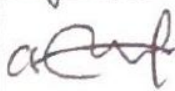
**VARIABILITAS KLON MANGGA MADU (*Mangifera indica* L. cv.
Madu) BERDASARKAN KARAKTER MORFOLOGI DAN
MARKA MOLEKULER ISSR (*Inter-Simple Sequences Repeat*)**

SKRIPSI

Oleh:
Riza Nensy Marantika
NIM. 17620053

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

Tanggal: 17 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 Bagus 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, khususnya:

1. Ibu Muntatimah, nenek Shofiyah, bapak alm. Muallim yang telah membesarkan dan merawat penulis tanpa pamrih, serta seluruh keluarga yang senantiasa memberikan doa dan semangat.
2. Dr. Eko Budi Minarno, M.Pd, 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, dan pikiran untuk memberikan bimbingan dengan penuh kesabaran.
4. Oky Bagus Prasetyo, M.Pd.I, selaku dosen pembimbing agama yang telah banyak memberikan bimbingan terkait integrasi sains dan islam.
5. Ir. Karsinah, M.Si, selaku pembimbing lapang yang telah banyak meluangkan waktu, tenaga, dan pikiran untuk memberikan bimbingan dengan penuh kesabaran.
6. Pak Canto, selaku petugas Kebun Percobaan Cukurgondang yang selalu menemani saya dan teman-teman untuk mengambil sampel penelitian.
7. Tim kekerabatan 2021 (Zahro, Prisela, Nopik, Waladin), Kikik, Kaif, Panji, Pendik yang membantu penulis dalam menyelesaikan penelitian dan selalu memberikan semangat.
8. Sahabat-sahabat saya (Dila, Laili, Laila, Ajeng, Tsania, Lailatul, Ayang) yang selalu memberikan semangat kepada penulis.
9. Teman-teman Biologi 2017, Biologi B dan rekan seperjuangan yang membantu penulis dalam menyelesaikan studi ini.

MOTTO HIDUP

“Allah tidak memberikan cobaan melebihi kemampuan hamba-Nya”

PERNYATAAN KEASLIAN TULISAN

Saya yang bertanda tangan di bawah ini:

Nama : Riza Nensy Marantika
NIM : 17620053
Program Studi : Biologi
Fakultas : Sains dan Teknologi
Judul Penelitian : Variabilitas Klon Mangga Madu
(*Mangifera indica* L. cv. Madu)
Berdasarkan Karakter Morfologi dan Marka
Molekuler ISSR (*Inter-Simple Sequences*
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, 6 Oktober 2021
yang membuat pernyataan



Riza Nensy Marantika
NIM. 17620053

PEDOMAN PENGGUNAAN SKRIPSI

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

**VARIABILITAS KLON MANGGA (*Mangifera indica* cv. Madu)
BERDASARKAN KARAKTER MORFOLOGI DAN MARKA
MOLEKULER ISSR (*INTER-SIMPLE SEQUENCES REPEAT*)**

Riza Nensy Marantika, Didik Wahyudi, Oky Bagus Prasetyo
Program Studi Biologi, Fakultas Sains dan Teknologi, Universitas Islam Negeri
Maulana Malik Ibrahim Malang

ABSTRAK

Mangga madu merupakan salah satu klon mangga budidaya di Kebun Percobaan Cukurgondang, Pasuruan yang dikoleksi dari beberapa wilayah di Indonesia. Namun, beberapa mangga madu yang ada belum terkarakterisasi dengan baik. Karakterisasi mangga yang tepat berguna dalam pengelolaan sumber daya genetik dan proses sertifikasi. Mangga madu yang bermutu bisa didapatkan melalui tahapan sertifikasi, sehingga dapat memberikan jaminan kepada konsumen. Karakterisasi mangga madu dapat dilakukan berdasarkan karakter morfologi maupun molekuler. Karakter morfologi yang diamati pada penelitian ini hanya terbatas pada morfologi pohon dan buah, sehingga perlu dilakukan karakterisasi molekuler. Salah satu marka molekuler yang digunakan dalam karakterisasi mangga adalah *Inter-Simple Sequences Repeat* (ISSR). Teknik ISSR pada penelitian ini menggunakan lima primer, yang terdiri dari ISSR-835, ISSR-843, ISSR-848, ISSR-855, ISSR-5. Mangga madu yang diamati sebanyak 8 klon, sedangkan 3 klon mangga kuweni digunakan sebagai *out-group*. Kedua karakterisasi dilakukan untuk mengetahui nilai similaritas, pengelompokan dan variasi genetik dari 11 aksesori yang diamati. Hasil skoring morfologi dari 8 klon mangga madu menunjukkan 11 karakter beragam dan 9 karakter seragam yang terbagi dalam 4 kelompok. Karakterisasi molekuler ISSR pada Mangga Madu menghasilkan 4 kelompok dengan anggota kelompok yang berbeda dari pengelompokan berdasarkan karakter morfologi. Variasi genetik 11 aksesori mangga pada karakter morfologi tergolong rendah, sedangkan cenderung tinggi pada karakter molekuler ISSR. Hasil amplifikasi DNA menggunakan kelima primer menunjukkan bahwa primer ISSR-835, ISSR-848, dan ISSR-855 dapat menghasilkan pita polimorfik hingga 100%.

Kata Kunci: *Karakter morfologi, mangga madu, , marka ISSR, variasi genetik*

**CLONAL VARIABILITY OF MADU MANGO (*Mangifera indica* cv. Madu)
BASED ON MORPHOLOGICAL MARKER AND ISSR (*INTER-SIMPLE
SEQUENCES REPEAT*) MOLECULAR MARKER**

Riza Nensy Marantika, Didik Wahyudi, Oky Bagus Prasetyo
Biology Department, Sains and Technology Faculty, State Islamic University of
Maulana Malik Ibrahim Malang

ABSTRACT

The madu mango is one of the mango clones cultivated at the Cukurgondang Experimental Garden, Pasuruan that has been collected from multiple regions in Indonesia. There are some existing madu mango varieties that have not been well characterized. Mango characterization is helpful in the management of genetic resources and in the certification process. Through the certification process, consumers can be guaranteed that madu mango is of high quality. Madu mango can be classified according to morphological and molecular characteristics. The morphological characters observed in this study were only limited to vegetative morphology, so it was necessary to carry out molecular characterization. One of the molecular markers used in mango characterization is *Inter-Simple Sequences Repeat* (ISSR). The ISSR technique in this study used five primers, consisting of ISSR-835, ISSR-843, ISSR-848, ISSR-855, ISSR-5. There were 8 madu mango clones observed, while 3 kuweni mango clones were used as an out-group. Both characterizations were carried out to determine the value of similarity, grouping and genetic variation of the 11 accessions observed. The morphological scoring of 8 madu mango clones revealed 11 different characteristics and nine identical characteristics that were divided into 4 groups. The molecular characterization of ISSR on madu mango resulted in 4 groups with different group members from the grouping based on morphological characters. The genetic variation among 11 mango accessions was low on morphological characters, but relatively high on the molecular character ISSR. According to the DNA amplification results using the five primers, the ISSR-835, ISSR-848, and ISSR-855 primers are able to produce polymorphic bands up to 100%.

Keywords: *Madu mango, morphological characters, ISSR markers, genetic variation*

تغيرات استنساخ المانجو (*Mangifera indica cv. Madu*) بناءً على الصفات المورفولوجية والعلامات الجزيئية (ISSR) (*Inter-Simple Sequences Repeat*)

ريزا نينسي مارانتیکا ، ديديك واحيودي ، أوكي باجاس براسيتيو
قسم علم الإحياء، كلية العلوم والتكنولوجيا، جامعة مولانا مالك إبراهيم الإسلامية الحكومية
مالانج

مستخلص البحث

يعتبر مانجو مادو أحدًا من استنساخات المانجو المزروع في الحديقة التجريبية *Cukurgondang*، باسوروان، والتي يجمعها من بعض المناطق في إندونيسيا. لكن بعض من مانجو مادو الموجود لم يميزها جيدًا. يعتبر التوصيف الصحيح للمانجو مفيدًا في عملية المورد الوراثي وعملية التصديق. مانجو مادو الجيد يحصل من مرحلة التصديق، بحيث يمكن أن يوفر الضمان للمستهلكين. وصف مانجو مادو بناءً على الصفات المورفولوجية والجزيئية. اقتصر الصفات المورفولوجية الملاحظة لهذا البحث على المورفولوجية النباتية فقط، لذلك لازم أن يقام بالتوصيف الجزيئي. واحدة من العلامات الجزيئية المستخدمة في توصيف المانجو هي (*Inter-Simple Sequences Repeat (ISSR)*). استخدمت تقنية *ISSR* في هذا البحث خمس أساسيات، تتكون من *ISSR - 835* و *ISSR - 843* و *ISSR - 848* و *ISSR - 855* و *ISSR - 5*. مانجو مادو الملاحظ يبلغ 8 استنساخات، وأما استخدم 3 استنساخات من المانجو ككويبي كمجموعة خارجية. يتم كلا التوصيفين لمعرفة قيمة التشابه والتجميع والتنوع الوراثي من إحدى عشر مجتمعًا الملاحظة. أظهرت نتائج التقييم المورفولوجي لـ 8 استنساخات من مانجو مادو 11 صفة متنوعة و 9 صفات موحدة التي تنقسم إلى 4 مجموعات. يحصل التوصيف الجزيئي *ISSR* لـ مانجو مادو على 4 مجموعات مع أعضاء المجموعة مختلفين بناءً على الصفات المورفولوجية. كان التنوع الوراثي لـ 11 مجتمعًا من المانجو في الصفات المورفولوجية النباتية منخفضًا، أما كان يميل إلى أن يكون مرتفعًا في الصفات الجزيئية لـ *ISSR*. أظهرت نتائج *DNA amplification* باستخدام خمسة أساسيات على أن أساسي *ISSR - 835* و *ISSR - 848* و *ISSR - 855* يؤنتج الشريط المتعدد الأشكال إلى حد 100٪.

الكلمات المفتاحية: مانجو مادو، الصفة المورفولوجية، العلامات الجزيئية، التنوع الوراثي

KATA PENGANTAR

Puji syukur kehadiran Allah SWT yang telah memberikan anugerah serta karunia-Nya, sehingga penulis dapat menyelesaikan skripsi dengan baik sebagai salah satu persyaratan kelulusan di Program Studi Biologi Fakultas Sains dan Teknologi Universitas Islam Negeri (UIN) Maulana Malik Ibrahim Malang.

Penulis mengucapkan terima kasih atas bantuan kepada semua pihak dalam penyusunan skripsi ini. Penulis menyampaikan ucapan terima kasih kepada:

1. Prof. Dr. H.M. Zainuddin, MA, selaku Rektor Universitas Islam Negeri Maulana Malik Ibrahim Malang.
2. Dr. Sri Harini, 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. Dr. Eko Budi Minarno, M.Pd, selaku dosen wali yang telah memberikan bimbingan kepada penulis dari awal hingga akhir studi.
5. Didik Wahyudi, M.Si, selaku dosen pembimbing skripsi yang telah banyak meluangkan waktu, tenaga, dan pikiran untuk memberikan bimbingan dengan penuh kesabaran.
6. Oky Bagas Prasetyo, M.Pd.I, selaku dosen pembimbing agama yang telah banyak memberikan bimbingan terkait integrasi sains dan islam.
7. Ir. Karsinah, M.Si, selaku pembimbing lapang yang telah banyak meluangkan waktu, tenaga, dan pikiran untuk memberikan bimbingan dengan penuh kesabaran.
8. Dr. Evika Sandi Savitri M.P dan Suyono, M.P, selaku penguji yang telah memberikan banyak saran terkait penulisan skripsi.

Penulis menyadari dalam penyusunan skripsi ini jauh dari kesempurnaan. Penulis berharap kritik dan saran yang bersifat membangun dari semua pihak. Penulis juga berharap skripsi ini dapat bermanfaat bagi pembaca.

Malang, 17 September 2021
Penulis,

DAFTAR ISI

HALAMAN SAMPUL	i
HALAMAN JUDUL.....	ii
HALAMAN PERSETUJUAN.....	iii
HALAMAN PENGESAHAN.....	iv
HALAMAN PERSEMBAHAN	v
MOTTO HIDUP	vi
PERNYATAAN KEASLIAN TULISAN	vii
PEDOMAN PENGGUNAAN SKRIPSI	viii
ABSTRAK	ix
ABSTRACT.....	x
مستخلص البحث	xi
KATA PENGANTAR	xii
DAFTAR ISI.....	xiii
DAFTAR GAMBAR	xv
DAFTAR TABEL.....	xvi
DAFTAR LAMPIRAN.....	xvii
BAB I PENDAHULUAN.....	1
1.1 Latar Belakang	1
1.2 Rumusan Masalah.....	6
1.3 Tujuan Penelitian	7
1.4 Manfaat Penelitian	7
1.5 Batasan Masalah	7
BAB II TINJAUAN PUSTAKA.....	9
2.1 Botani Umum Mangga Madu	9
2.1.1 Morfologi dan Taksonomi Mangga Madu.....	9
2.1.2 Habitat dan Persebaran Mangga Madu.....	14
2.1.3 Manfaat Mangga	16
2.2 Variasi Genetik	17
2.3 Karakterisasi Tumbuhan	18
2.4 Marka Molekuler ISSR (<i>Inter-Simple Sequence Repeats</i>).....	20
2.5 Analisis Pengelompokan (Clustering Analysis)	21
BAB III METODE PENELITIAN	23
3.1 Jenis Penelitian.....	23
3.2 Waktu dan Tempat Penelitian.....	23
3.3 Alat dan Bahan.....	23
3.3.1 Alat.....	23
3.3.2 Bahan	24
3.4 Prosedur Penelitian	24
3.4.1 Pengambilan Sampel.....	24
3.4.2 Karakterisasi Morfologi Mangga.....	25
3.4.3 Karakterisasi Molekuler Mangga.....	26
3.4.3.1 Isolasi DNA.....	26
3.4.3.2 Uji Kualitatif DNA.....	27
3.4.3.3 Amplifikasi DNA	28
3.4.4 Analisis Data.....	29

3.4.4.1 Analisis Variasi Genetik dan Pengelompokan Secara Morfologi	29
3.4.4.2 Analisis Variasi Genetik dan Pengelompokan Secara Molekuler	30
3.4.4.4 Analisis Efektivitas Primer.....	30
BAB IV HASIL DAN PEMBAHASAN	32
4.1 Variasi Genetik dan Pengelompokan Mangga Madu Berdasarkan Marka Morfologi.....	32
4.1.1 Variasi Genetik Mangga Madu Berdasarkan Marka Morfologi	32
4.1.2 Pengelompokan Mangga Madu Berdasarkan Marka Morfologi	36
4.2 Variasi Genetik dan Pengelompokan Mangga Madu Berdasarkan Marka Molekuler	44
4.2.1 Variasi Genetik Mangga Madu Berdasarkan Marka Molekuler.....	44
4.2.2 Pengelompokan Mangga Madu Berdasarkan Karakter Molekuler	48
4.2.3 Analisis Efektivitas Primer	51
4.3 Konsistensi Pengelompokan Klon Mangga Madu Berdasarkan Karakter Morfologi dan Marka Molekuler	54
BAB V PENUTUP.....	55
5.1 Kesimpulan	55
5.2 Saran	55
DAFTAR PUSTAKA.....	56
LAMPIRAN.....	64

DAFTAR GAMBAR

Gambar	Halaman
2.1. Penampakan morfologi pohon mangga madu.....	10
2.2. Penampakan morfologi daun mangga madu	11
2.3. Penampakan morfologi bunga mangga.....	13
2.4. Penampakan morfologi buah mangga.....	14
4.1. Pengelompokan klon mangga berdasarkan karakter morfologi.....	38
4.2. Bentuk pertumbuhan pohon <i>spreading</i>	39
4.3. Warna daun muda merah bata muda.....	40
4.4. Warna daun muda hijau muda dengan semburat cokelat.....	41
4.5. Karakter pada mangga madu banjar.....	41
4.6. Karakter seragam pada mangga kuweni	42
4.7. Analisis komponen utama karakter morfologi.....	43
4.8. Visualisasi DNA klon mangga berdasarkan marka ISSR	45
4.9. Pengelompokan klon mangga berdasarkan karakter molekuler.....	50

DAFTAR TABEL

Tabel	Halaman
3.1. Daftar primer ISSR untuk proses amplifikasi	24
3.2. Daftar klon mangga koleksi IP2TP Cukurgondang	25
3.3. Daftar karakter morfologi mangga.....	26
4.1. Hasil analisis variasi genetik klon mangga berdasarkan marka morfologi....	35
4.2. Koefisien similaritas karakter morfologi 11 klon mangga.....	37
4.3. Hasil analisis variasi genetik klon mangga berdasarkan marka molekuler....	48
4.4. Koefisien similaritas karakter molekuler 11 klon mangga	49
4.5. Hasil analisis efektivitas primer	51

DAFTAR LAMPIRAN

Lampiran	Halaman
1. Variasi tipe pohon pada klon mangga madu	64
2. Variasi bentuk kanopi dan pertumbuhan pohon.....	64
3. Susunan daun terhadap batang	65
4. Variasi panjang daun.....	65
5. Variasi panjang tangkai daun	66
6. Variasi bentuk ujung daun	66
7. Variasi bentuk pangkal daun.....	66
8. Variasi warna daun muda.....	67
9. Variasi bentuk helaian dan tepi daun	67
10. Visualisasi DNA klon mangga menggunakan primer ISSR-843.....	67
11. Visualisasi DNA klon mangga menggunakan primer ISSR-855.....	68
12. Visualisasi DNA klon mangga menggunakan primer ISSR-51	68
13. Tabel karakter morfologi mangga.....	69
14. Tabel karakterisasi mangga berdasarkan karakter morfologi	71
15. Tabel analisis PCA.....	72
16. Tabel karakterisasi mangga berdasarkan karakter molekuler ISSR.....	74
17. <i>Checklist</i> Plagiasi	77
18. Kartu Konsultasi Biologi	78
19. Kartu Konsultasi Agama	79

BAB I PENDAHULUAN

1.1 Latar Belakang

Indonesia merupakan negara dengan keanekaragaman flora berlimpah, karena terletak pada daerah khatulistiwa dengan tipe hutan hujan tropis (Angio & Irawanto, 2019; Kusmana & Hikmat, 2015). Jenis flora yang cukup melimpah di Indonesia adalah tanaman buah. Keanekaragaman tanaman buah tersebut memberikan banyak manfaat, baik untuk dikonsumsi maupun sebagai obat di bidang kesehatan (Agmalaro *et al.*, 2013; Hani & Milanda, 2016). Tanaman buah di Indonesia memiliki nilai ekonomi yang cukup tinggi. Namun, pemanfaatan sumber daya genetik tanaman buah belum dilakukan secara optimal (Angio & Irawanto, 2019). Keanekaragaman flora khususnya tanaman buah di Indonesia merupakan nikmat dari Allah SWT bagi manusia. Allah SWT berfirman dalam Al-Quran Surah Al-An'am [6] ayat 99:

وَهُوَ الَّذِي أَنْزَلَ مِنَ السَّمَاءِ مَاءً فَأَخْرَجْنَا بِهِ نَبَاتَ كُلِّ شَيْءٍ فَأَخْرَجْنَا مِنْهُ خَضِرًا
نُخْرِجُ مِنْهُ حَبًّا مُتَرَاكِبًا وَمِنَ النَّخْلِ مِنَ طَلْعِهَا قِنْوَانٌ دَانِيَةٌ وَجَنَّاتٍ مِنْ أَعْنَابٍ
وَالزَّيْتُونَ وَالرُّمَّانَ مُشْتَبِهًا وَغَيْرَ مُتَشَابِهٍ انظُرُوا إِلَى ثَمَرِهِ إِذَا أَثْمَرَ وَيَنْعِهِ إِنَّ فِي ذَلِكَُمْ
لَآيَاتٍ لِقَوْمٍ يُؤْمِنُونَ ٩٩

“Dan Dialah yang menurunkan air hujan dari langit, lalu Kami tumbuhkan dengan air itu segala macam tumbuh-tumbuhan maka Kami keluarkan dari tumbuh-tumbuhan itu tanaman yang menghijau. Kami keluarkan dari tanaman yang menghijau itu butir yang banyak; dan dari mayang korma mengurai tangkai-tangkai yang menjulai, dan kebun-kebun anggur, dan (Kami keluarkan pula) zaitun dan delima yang serupa dan yang tidak serupa. Perhatikanlah buahnya di waktu pohonnya berbuah dan (perhatikan pulalah) kematangannya. Sesungguhnya pada yang demikian itu ada tanda-tanda (kekuasaan Allah) bagi orang-orang yang beriman” (Q.S Al-An'am [6]: 99).

Lafadz نَبَاتٌ mengandung makna *jama'* atau banyak yang berarti segala macam tumbuhan yang meliputi bentuk, warna, rasa, manfaat, dan ciri khas masing-masing. Sementara lafadz انْظُرُوا merupakan *fi'il amr* yang bermakna “perhatikanlah”. Allah SWT memerintahkan umat manusia untuk memperhatikan sesuatu di sekitarnya, termasuk berbagai macam tumbuhan di bumi-Nya (Jazairi, 2007). Lafadz مُشْتَبِهًا وَغَيْرَ مُتَشَابِهٍ menunjukkan bahwa suatu tanaman tidak akan serupa dedaunannya, namun serupa dalam bentuknya. Beberapa dari tanaman tersebut serupa dengan sebagian yang lain, tetapi berbeda pada buah yang dihasilkan, baik dari segi rasa, bentuk, dan kandungan buahnya (Katsir, 2014). Penciptaan tumbuhan yang beraneka ragam ini merupakan tanda-tanda kekuasaan Allah. Apabila umat manusia senantiasa memperhatikan, mengamati, dan memahami tanda-tanda kekuasaan Allah tersebut, maka umat tersebut termasuk dalam golongan يُؤْمِنُونَ atau orang-orang yang beriman (Jazairi, 2007). Salah satu buah yang menarik untuk diperhatikan dan diamati adalah buah mangga.

Mangga merupakan tanaman komersial yang banyak dimanfaatkan bagian buahnya sebagai bahan konsumsi (Mukherjee & Litz, 2009; Mahopatra, 2015). Buah mangga sering dikonsumsi baik dalam kondisi matang maupun mentah (Kostermans & Bompard, 1993). Kebutuhan konsumsi buah mangga di Indonesia terus mengalami peningkatan dari 1.814.550 ton di tahun 2016-2020 menjadi 2.898.588 ton di tahun 2020, menempati urutan kedua tertinggi setelah pisang (Agmalaro *et al.*, 2013; BPS, 2016; BPS 2020).

Mangga termasuk dalam famili Anacardiaceae dan marga *Mangifera* yang terdiri atas 58 jenis mangga dan tersebar secara luas di Asia (Mal *et al.*, 2011).

Jenis *Mangifera* yang sering dibudidayakan dan dimanfaatkan adalah *Mangifera indica* (Taslih et al., 2016), *M. sylvatica*, *M. odorata*, dan *M. zeylanica* (Dar et al., 2016). Selain itu, terdapat beberapa spesies lain yang dapat dikonsumsi bagian buahnya, yaitu *M. foetida*, *M. caesia*, *M. kemanga*, *M. laurina*, *M. pajang*. Anggota marga *Mangifera* tersebut tersebar luas di Indonesia dan Malaysia (Mal et al., 2011). Jenis mangga yang beragam di Indonesia ini perlu dijaga sebagai sumber daya genetik (Rahadianoro, 2014) baik secara *insitu* melalui budidaya yang dilakukan oleh petani, maupun secara *exsitu* seperti yang dilakukan di Kebun Percobaan Cukurgondang Pasuruan (Taslih et al., 2016).

Kebun Percobaan Cukurgondang Pasuruan memiliki koleksi sebanyak 1.568 pohon mangga yang terbagi dalam 208 kultivar dan 298 klon yang berbeda. Masing-masing kultivar mangga menunjukkan adanya variasi fisiologi, morfologi, maupun genetik (Sembiring et al., 2020). Variasi morfologi tersebut dapat dilihat dari karakter buah yang beragam (Begum et al., 2014). Salah satu klon mangga budidaya di Kebun Percobaan Cukurgondang adalah mangga madu.

Klon mangga madu diperoleh dari perbanyakan secara aseksual melalui okulasi (Venkateswarlu, 2013). Beberapa klon mangga madu yang ada di Cukurgondang, diantaranya mangga madu 65, mangga madu 67, mangga madu 179, mangga madu 225, mangga madu 311, mangga madu *seedling/z* yang diperoleh dari beberapa daerah yang berbeda di Pasuruan. Selanjutnya, mangga madu 139 diperoleh dari Probolinggo dan mangga madu banjar diperoleh dari Kalimantan Selatan (Komunikasi Pribadi, 2021). Asal daerah dari masing-masing klon mangga madu yang berbeda-beda memungkinkan adanya variasi di dalamnya.

Salah satu mangga madu yang telah dikarakterisasi dan tersertifikasi adalah klon mangga madu 225. Dengan demikian, hanya 1 klon dari 8 klon mangga madu yang telah berhasil dikarakterisasi (Komunikasi Pribadi, 2021). Karakterisasi mangga penting untuk dilakukan guna proses pelepasan suatu kultivar atau varietas melalui sertifikasi dari Kementerian Pertanian (Santoso *et al.*, 2008). Sertifikasi dilakukan dengan mengikuti prosedur standar melalui penetapan kriteria mutu yang dipersyaratkan. Tanaman mangga yang bermutu bisa didapatkan melalui tahapan sertifikasi, sehingga dapat memberikan jaminan kepada konsumen (Haryanti *et al.*, 2013).

Karakterisasi mangga madu yang tepat berguna dalam pengelolaan sumber daya genetik dan proses sertifikasi (Anu *et al.*, 2015; Fitmawati *et al.*, 2009). Selain itu, karakterisasi diperlukan untuk mengetahui ada atau tidaknya variasi dalam klon mangga madu yang diperoleh dari beberapa wilayah yang berbeda. Karakterisasi mangga madu dapat dilakukan berdasarkan penanda morfologi maupun molekuler (Alcasid *et al.*, 2015; Gusmiati *et al.*, 2018; Pinar *et al.*, 2015; Ribeiro *et al.* 2013; Sani *et al.*, 2018; Subositi & Mujahid, 2013). Karakterisasi morfologi dilakukan dengan mengamati batang, daun, bunga, buah, dan biji (IPGRI, 2006). Pengamatan karakter morfologi lebih sering dipilih karena memiliki beberapa kelebihan, yaitu mudah dilakukan, lebih murah, dan sederhana (Gusmiati *et al.*, 2018; Subositi & Mujahid, 2013). Namun, identifikasi karakter morfologi bersifat subjektif dan dipengaruhi oleh lingkungan (Gusmiati *et al.*, 2018).

Mangga madu merupakan buah musiman atau tahunan, sehingga pengamatan karakter morfologi menjadi terbatas oleh waktu (Agmalaro *et al.*,

2013). Penggunaan teknik karakterisasi molekuler dapat dilakukan untuk menunjang karakter morfologi. Karakterisasi molekuler dapat meminimalisir kesalahan akibat faktor lingkungan dan mengkonfirmasi hasil karakterisasi morfologi (Gusmiati *et al.*, 2018; Pinar *et al.*, 2015; Subositi & Mujahid, 2013). Beberapa teknik karakterisasi molekuler baik menggunakan penanda molekuler maupun barcode DNA telah banyak dilakukan dalam analisis keanekaragaman genetik serta pengelompokan mangga (Hidayat *et al.*, 2011; Jagarlamudi *et al.*, 2011; Juliantari *et al.*, 2018; Souza *et al.*, 2011; Rocha *et al.*, 2012). Penanda molekuler yang sering digunakan dalam menilai keragaman genetik mangga yaitu *Random Amplified Polymorphic DNA* (RAPD) (Souza *et al.*, 2011), *Inter Simple Sequence Repeats* (ISSR) (Ariffin *et al.*, 2015; Damodaran *et al.*, 2012; Rocha *et al.*, 2012) dan *Simple Sequence Repeats* (SSR) (Kumar *et al.*, 2013). Barcode DNA yang digunakan dalam studi filogenetik mangga, antara lain gen *rbcL* (Juliantari *et al.*, 2018; Rafidah *et al.*, 2019; Suparman *et al.*, 2013), gen *mat-K* (Hidayat *et al.*, 2011), dan intron *trnL-F* (Jagarlamudi *et al.*, 2011).

Inter Simple Sequence Repeats (ISSR) merupakan marka molekuler yang sering digunakan untuk analisis keragaman genetik mangga (Ariffin *et al.*, 2015; Damodaran *et al.*, 2012; Rocha *et al.*, 2012). Penanda molekuler ISSR dapat membedakan genetik dari beberapa spesies dengan hubungan kekerabatan yang dekat secara cepat (Zietkiewicz *et al.*, 1994). Penanda molekuler ISSR memiliki tingkat akurasi dan polimorfisme yang cukup tinggi (Sulassih *et al.*, 2013). Polimorfisme yang lebih besar mencerminkan keragaman genetik yang lebih tinggi. Polimorfisme disebabkan oleh variasi urutan DNA pada tingkat

intraspesies maupun interspesies (Soliman *et al.*, 2013). Salah satu tanaman buah dengan keragaman genetik yang tinggi adalah mangga (Nilasari *et al.*, 2013).

Mangga sangat bervariasi pada tingkat intraspesies (Rahadianoro, 2014) maupun intrakultivar (Anu *et al.*, 2015; Begum *et al.*, 2014) yang terwujud dalam banyaknya klon mangga (Ariffin *et al.*, 2015). Setiap kultivar mangga menghasilkan buah dengan fenotipe, tekstur, rasa, dan aroma yang berbeda (Krishnapillai & Wijeratnam, 2016), sehingga karakterisasi morfologi maupun molekuler penting dilakukan untuk menggambarkan keragaman genetik di dalamnya. Untuk selanjutnya data variasi genetik yang diperoleh dapat dimanfaatkan dalam proses pemuliaan, konservasi, dan sertifikasi tanaman (Anu *et al.*, 2015; Fitmawati *et al.*, 2009; Rajwana *et al.*, 2011; Sari *et al.*, 2017), khususnya tanaman mangga madu.

1.2 Rumusan Masalah

Rumusan masalah dari penelitian ini yaitu:

1. Bagaimana variasi genetik dan pengelompokan klon mangga madu berdasarkan karakter morfologi?
2. Bagaimana variasi genetik dan pengelompokan klon mangga madu berdasarkan karakter molekuler?
3. Bagaimana konsistensi pengelompokan klon mangga madu berdasarkan karakter morfologi dan molekuler?

1.3 Tujuan Penelitian

Tujuan dari penelitian ini yaitu:

1. Menganalisis variasi genetik dan pengelompokan klon mangga madu berdasarkan karakter morfologi.
2. Menganalisis variasi genetik dan pengelompokan klon mangga madu berdasarkan karakter molekuler.
3. Menganalisis konsistensi pengelompokan klon mangga madu berdasarkan karakter morfologi dan molekuler.

1.4 Manfaat Penelitian

Manfaat penelitian dari penelitian ini yaitu:

1. Hasil dari analisis variasi genetik dan pengelompokan dapat digunakan sebagai sumber informasi plasma nutfah klon mangga madu untuk proses sertifikasi.
2. Informasi mengenai morfologi klon mangga madu dapat diketahui sebagai ciri-ciri yang dikenali masyarakat.
3. Hasil dari penelitian ini dapat digunakan sebagai acuan penelitian selanjutnya, proses pemuliaan tanaman, konservasi dan sertifikasi.

1.5 Batasan Masalah

Manfaat penelitian dari penelitian ini yaitu:

1. Sampel yang digunakan adalah klon mangga madu koleksi Kebun Percobaan Cukurgondang, yaitu mangga madu 65, mangga madu 67, mangga madu 139, mangga madu 179, mangga madu 225, mangga madu 311, mangga madu banjar, mangga madu *seedling/z*, mangga kuweni 51, mangga kuweni laki, mangga kuweni bini.

2. Karakter morfologi yang diamati adalah karakter pohon dan daun.
3. Karakterisasi molekuler menggunakan sampel daun muda dari masing-masing klon mangga madu dan kuweni.
4. Primer yang digunakan dalam penelitian ini adalah ISSR-835, ISSR-843, ISSR-848, ISSR-855, ISSR-5.

BAB II TINJAUAN PUSTAKA

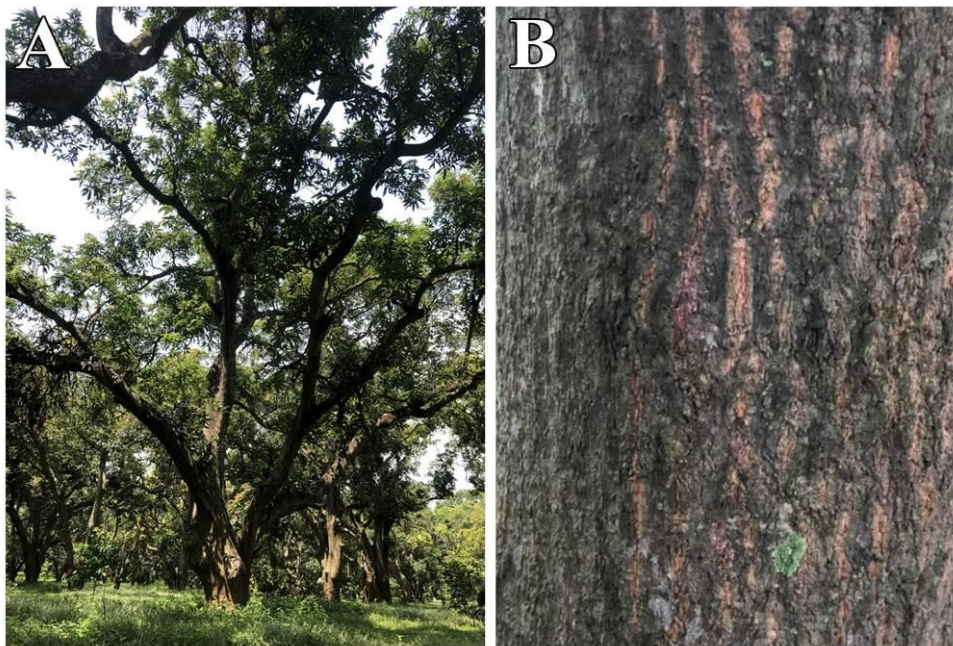
2.1 Botani Umum Mangga Madu

2.1.1 Morfologi dan Taksonomi Mangga Madu

Mangga madu termasuk dalam divisi Magnoliophyta, kelas Magnoliopsida, ordo Sapindales, suku Anacardiaceae, marga *Mangifera*, jenis *Mangifera indica*. Kelas Magnoliopsida terdiri atas 18 ordo, yang mana ordo dengan anggota suku paling banyak adalah ordo Rosales dan Sapindales. Ordo Sapindales terdiri atas 15 suku, salah satunya suku Anacardiaceae. Habitus mangga madu adalah pohon, yang mana karakter tersebut dimiliki oleh sebagian besar anggota dari ordo Sapindales, sehingga sangat jarang ditemui perawakan herba (Cronquist, 1981). Hampir semua spesies mangga memiliki getah pada kulit batang ketika dilukai. Getah tersebut merupakan campuran dari resin, gum, dan lateks yang dapat mengiritasi kulit (Kostermans & Bompard, 1993; Yadav *et al.*, 2018). Adanya getah tersebut merupakan karakter yang dapat dijumpai pada suku Anacardiaceae (Yadav *et al.*, 2018).

Mangga madu merupakan tanaman *evergreen* yang memiliki perawakan pohon dengan tinggi berkisar antara 10-40 m. Kanopi mangga madu melebar dengan percabangan yang rimbun berdaun rapat (Gambar 2.1.A.) (Keputusan Menteri Pertanian, 2007; Mukherjee & Litz, 2009; Yadav *et al.*, 2018). Arah tumbuh batang mangga madu tegak lurus dengan percabangan simpodial (Yadav *et al.*, 2018). Kulit batang mangga berwarna abu-abu tua kecoklatan sampai hitam dengan permukaan agak halus, sedikit retak, dan akan terkelupas jika sudah tua (Gambar 2.1.B.) (Keputusan Menteri Pertanian, 2007) Ranting mangga cukup

tebal, berbentuk silindris dengan permukaan yang halus (Kostermans & Bompard, 1993; Yadav *et al.*, 2018). Sistem perakaran mangga adalah perakaran tunggang dengan panjang mencapai 6-8 m serta dilengkapi dengan akar penyerap (Kostermans & Bompard, 1993; Mukherjee & Litz, 2009; Yadav *et al.*, 2018).



Gambar 2.1. Penampakan morfologi pohon mangga madu. Gambar A menunjukkan perawakan pohon *Mangifera indica* L. cv. Madu (Dokumentasi Pribadi, 2021). Gambar B menunjukkan kulit batang *Mangifera indica* L. cv. Madu (Dokumentasi Pribadi, 2021)

Mangga memiliki komposisi daun tunggal dengan susunan daun berseling dan tidak dilengkapi stipula (Gambar 2.2.A.) (Kostermans & Bompard, 1993; Mukherjee & Litz, 2009; Yadav *et al.*, 2018). Daun mangga madu berbentuk jorong dengan tepi daun bergelombang. Permukaan daun mangga madu halus, ujung daunnya meruncing, sedangkan pangkal daunnya tumpul (Keputusan Menteri Pertanian, 2007; Kusumo *et al.*, 1975). Panjang dan lebar daun bervariasi

antara 17-25 cm dan 5-7 cm, bergantung pada jenis klon dan pertumbuhannya (Komunikasi Pribadi, 2021). Daun muda berwarna hijau muda semburat cokelat hingga merah bata muda, lalu berubah secara bertahap menjadi hijau muda dan kemudian menjadi hijau tua (Gambar 2.2.B.) (Komunikasi Pribadi, 2021; Mukherjee & Litz, 2009; Yadav *et al.*, 2018). Permukaan daun bagian atas mengkilat dan permukaan bawahnya *glabrous* (Yadav *et al.*, 2018). Tangkai daun mangga madu memiliki panjang 2,5-6 cm dan menggembung di bagian pangkalnya (Komunikasi Pribadi, 2021; Mukherjee & Litz, 2009; Yadav *et al.*, 2018).



Gambar 2.2. Penampakan morfologi daun mangga madu. Gambar A menunjukkan komposisi daun tunggal dan susunan daun berseling pada *Mangifera indica* L. cv. Madu (Dokumentasi Pribadi, 2021). Gambar B menunjukkan daun muda *Mangifera indica* L. cv. Madu (Dokumentasi Pribadi, 2021)

Perbungaan pada mangga madu merupakan bunga tandan berganda (malai) yang memiliki bentuk piramida runcing dengan tipe terminal. Panjang malai berkisar antara 23,5-39 cm. Tangkai malai berwarna hijau keunguan (Gambar

2.3.A.) (Keputusan Menteri Pertanian, 2007; Komunikasi Pribadi, 2021; Kusumo *et al.*, 1975). Setiap malai menghasilkan 15-21 kuntum bunga yang terdiri atas 1-70% bunga biseksual dan sisanya merupakan bunga jantan (Keputusan Menteri Pertanian, 2007; Yadav *et al.*, 2018). Bunga mangga berukuran 5-10 mm dan terdiri atas 4-5 petal dan sepal (Kostermans & Bompard, 1993; Mukherjee & Litz, 2009; Yadav *et al.*, 2018). Sepal atau daun kelopak berbentuk lanset (*lanceolate*) hingga elips (*elliptic*) berwarna kuning. Petal atau daun mahkota berwarna kekuningan, merah muda, ungu, atau kombinasi di antaranya dan berbentuk elips (*elliptic*) hingga lanset (*lanceolate*) (Gambar 2.3.B.). Ukuran petal lebih panjang daripada sepal (Keputusan Menteri Pertanian, 2007; Komunikasi Pribadi, 2021; Kostermans & Bompard, 1993; Kusumo *et al.*, 1975). Setiap bunga terdiri atas 5 stamen, yang mana 1-2 stamen fertil dan lainnya steril (Kostermans & Bompard, 1993; Mukherjee & Litz, 2009; Yadav *et al.*, 2018). Musim perbungaan mangga madu sekitar bulan Juli-Agustus, sedangkan musim panen buahnya sekitar bulan Oktober-Desember (Keputusan Menteri Pertanian, 2007).



Gambar 2.3. Penampakan morfologi bunga mangga. Gambar A menunjukkan susunan bunga (Bally, 2006). Gambar B menunjukkan morfologi bunga *Mangifera indica* L. (Dokumentasi Pribadi, 2021)

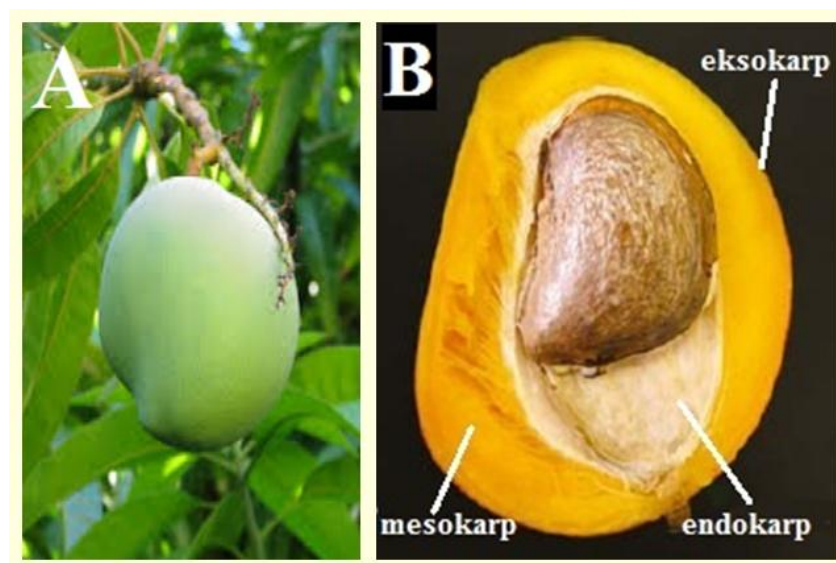
Buah mangga madu merupakan buah batu (drupa) berbentuk lonjong dengan pangkal dan pucuk buah bulat tidak berlekuk (Gambar 2.4.A.) (Kostermans & Bompard, 1993; Kusumo *et al.*, 1975; Mukherjee & Litz, 2009; Yadav *et al.*, 2018). Buah drupa terdiri atas 3 lapisan kulit, yaitu eksokarp, mesokarp, dan endokarp (Gambar 2.4.B.) (Tjitrosoepomo, 2011). Warna kulit buah saat muda adalah hijau muda, sedangkan saat matang berwarna hijau kekuningan (Keputusan Menteri Pertanian, 2007; Kusumo *et al.*, 1975). Allah SWT berfirman dalam Quran surah Fathir [32] ayat 27:

أَلَمْ تَرَ أَنَّ اللَّهَ أَنْزَلَ مِنَ السَّمَاءِ مَاءً فَأَخْرَجْنَا بِهِ ثَمَرَاتٍ مُخْتَلِفًا أَلْوَانُهَا وَمِنَ الْجِبَالِ جُدَدٌ بَيضٌ وَحُمْرٌ مُخْتَلِفٌ أَلْوَانُهَا وَغَرَابِيبُ سُودٌ ۚ

“Tidakkah kamu melihat bahwasanya Allah menurunkan hujan dari langit, lalu Kami hasilkan dengan hujan itu buah-buahan yang beraneka ragam jenisnya. Dan di antara gunung-gunung itu ada garis-garis putih dan merah yang beraneka macam warnanya dan ada (pula) yang hitam pekat” (Q.S Fathir [32]: 27).

Allah SWT dengan segala kuasa-Nya menciptakan tumbuhan beraneka ragam rupa dan bentuknya, meskipun diciptakan menggunakan air yang sama.

Lafadz **فَأَخْرَجْنَا بِهِ ثَمَرَاتٍ مُّخْتَلِفًا أَلْوَانُهَا** mengandung makna bahwa Allah telah menurunkan air hujan untuk mengairi pohon di bumi-Nya. Lalu, Allah menciptakan beraneka ragam pohon buah. Buah tersebut memiliki beragam warna, rasa, dan aroma (Katsir, 2014; At-Thabari, 2007). Misalnya, daging buah mangga madu berwarna putih kekuningan dengan serat yang halus, beraroma harum, dan rasa yang manis segar. Jumlah buah yang dihasilkan per tandan $\pm 3-7$ buah. Biji buahnya berbentuk lonjong pipih, berukuran sedang, berwarna kuning, dan sebagian biji berserat pendek (Keputusan Menteri Pertanian, 2007; Kusumo *et al.*, 1975).



Gambar 2.4. Penampakan morfologi buah mangga. Gambar A menunjukkan bentuk *Mangifera indica* L. (Parvez, 2016). Gambar B menunjukkan lapisan kulit buah *Mangifera indica* L. (Simpson, 2006)

2.1.2 Habitat dan Persebaran Mangga Madu

Mangga berasal dari Asia Selatan (India Timur, Burma, dan Kepulauan Andaman) sejak 4000 SM. Secara bertahap, mangga berpindah dari pusat asalnya

di kawasan Indo-Burma (Myanmar) ke seluruh negara pembudidaya mangga. Biji mangga dibawa oleh manusia untuk disebarkan ke wilayah lain. Awalnya, biji mangga dibawa ke wilayah Asia Tenggara dan Kepulauan Melayu hingga mencapai Cina pada abad ke-7. Kemudian, ke Afrika Timur sekitar abad ke-10 M dan Filipina pada awal abad ke-15. Persebaran mangga dari Asia Selatan dan Tenggara menuju daerah tropis dan subtropis di dunia dimulai pada akhir abad ke-15 dan seterusnya. Biji mangga tersebar di Afrika selama abad ke-16; Brasil pada tahun 1742; Jamaika pada 1782; Hawaii pada 1809; Meksiko di awal abad ke-19; dan Amerika selama paruh kedua abad ke-19. Setelah itu, mangga mulai bermunculan di seluruh dunia (Warschefsky & von Wettberg, 2019; Yadav & Singh, 2017).

Mangifera melimpah di Semenanjung Malaya, Sumatera, Jawa, dan Kalimantan (Mukherjee & Litz, 2009). Marga *Mangifera* terdiri atas 58 spesies yang tersebar di Asia tropis (Dinesh *et al.*, 2011; Kostermans & Bompard, 1993). Habitat marga *Mangifera* umumnya di wilayah tropis, baik di dataran rendah ataupun tinggi. Sebagian besar spesies tumbuh di dataran rendah hingga di ketinggian 700 mdpl (Kostermans & Bompard, 1993). Pohon mangga tumbuh optimal pada suhu 24-27°C (75-81°F) dengan rata-rata curah hujan tahunan 400-3600 mm. Pohon mangga dapat hidup di berbagai tekstur tanah dengan drainase yang baik dan pH 5,5-7,5 (Bally, 2006). Salah satu kebun plasma nutfah mangga terbesar di Asia Tenggara adalah Kebun Percobaan Cukurgondang (*Tasliah et al.*, 2016). Kebun Percobaan Cukurgondang Pasuruan memiliki koleksi sebanyak 1.568 pohon mangga yang terbagi dalam 208 kultivar dan 298 klon yang berbeda (Sembiring *et al.*, 2020).

Mangifera indica merupakan spesies mangga yang sering dibudidayakan di Cukurgondang. Koleksi mangga tersebut di peroleh dari berbagai wilayah di Indonesia. Kultivar mangga madu yang terdiri dari 8 klon dikoleksi dari beberapa daerah di Pasuruan, Probolinggo, dan Kalimantan Selatan. Klon mangga madu dari Pasuruan diantaranya, mangga madu 65, mangga madu 67, mangga madu 225, mangga madu 179, mangga madu 311, mangga madu *seedling/Z*. Klon mangga madu yang dikoleksi dari Probolinggo adalah mangga madu 139, sedangkan mangga madu banjar dari Banjarbaru, Kalimantan Selatan (Komunikasi Pribadi, 2021).

2.1.3 Manfaat Mangga

Mangga adalah tanaman komersial dan memiliki nilai ekonomi tinggi di Indonesia (Igbari *et al.*, 2019; Sulistyowati & Natawidjaja, 2016). Mangga merupakan salah satu buah dengan jumlah produksi yang terus meningkat tiap tahunnya. Provinsi Jawa Timur adalah produsen buah mangga terbanyak di tahun 2020 (BPS, 2020). Beberapa jenis mangga dapat dikonsumsi karena nilai gizinya yang tinggi. Mangga mengandung karbohidrat, protein, lemak, mineral, dan vitamin, khususnya vitamin A (β -karoten), B1, B2, dan vitamin C (asam askorbat) (Akin *et al.*, 2020). Buah mangga matang mengandung kalsium, fosfor, zat besi, retinol, thiamin, dan asam askorbat. Konsentrasi vitamin C pada buah yang matang akan menurun, sedangkan konsentrasi glukosa, fruktosa, dan sukrosa meningkat (Bally, 2006).

Buah mangga memiliki rasa dan aroma yang bermacam-macam. Aroma buah mangga dapat menunjukkan kualitas dan kematangan buahnya (Li *et al.*,

2017). Rasa pada buah mangga yang matang ditentukan oleh kandungan gula dan volatile, karena keduanya akan meningkat seiring dengan kematangan buah mangga. Terdapat lebih dari 280 aroma senyawa volatile yang berbeda pada tiap kultivar mangga. Variasi senyawa penyusun aromatik pada kultivar mangga menghasilkan keanekaragaman aroma dan rasa (Li *et al.*, 2017; Mukherjee & Litz, 2009). Rasa buah mangga dipengaruhi oleh kandungan asam sitrat dan tanin. Kandungan tanin menyebabkan rasa sepat atau kelat pada mangga, sedangkan rasa asam pada mangga disebabkan oleh adanya asam sitrat. Rasa asam tersebut diyakini mampu meningkatkan nafsu makan (Pracaya, 2011).

2.2 Variasi Genetik

Variasi genetik didefinisikan sebagai jumlah keragaman genetik yang diamati dari sekuen DNA individu suatu varietas maupun populasi suatu spesies (Romiguier *et al.*, 2014). Keragaman genetik mewakili variasi yang diwariskan baik intraspecies maupun interspecies (Nachimuthu *et al.*, 2014). Suatu individu yang terlihat berbeda secara fenotip dengan individu yang lain memiliki urutan DNA yang berbeda. Perbedaan tersebut membentuk keragaman genetik, yang dikenal sebagai polimorfisme pada suatu spesies (Ellegren & Galtier, 2016).

Analisis variasi genetik dari setiap plasma nutfah yang ada, khususnya mangga madu perlu dilakukan. Hasil analisis variasi genetik dapat dimanfaatkan dalam proses pemuliaan, konservasi, dan sertifikasi tumbuhan (Rajwana *et al.*, 2011; Sari *et al.*, 2017). Konservasi sumber daya genetik memerlukan karakterisasi, karakterisasi dan evaluasi potensi serta keunikan plasma nutfah sehingga dapat dimanfaatkan dalam program pemuliaan tanaman (Khan *et al.*,

2015). Dengan demikian, proses pengembangan kultivar tanaman baru yang lebih baik dapat dilakukan dengan karakteristik atau sifat yang diinginkan (Govindaraj *et al.*, 2015).

Mangga memiliki keragaman genetik yang tinggi antar kultivar. Variasi genetik mangga adalah sumber penting dalam karakterisasi karakter yang berhubungan (Kishor *et al.*, 2019). Karakterisasi dan karakterisasi mangga yang tepat berguna dalam pengelolaan sumber daya genetik dan sertifikasi kultivar ataupun klon (Anu *et al.*, 2015; Fitmawati *et al.*, 2009). Pengetahuan mengenai variasi genetik plasma nutfah mangga madu bermanfaat dalam strategi meningkatkan produktivitas mangga madu (Singh *et al.*, 2015).

2.3 Karakterisasi Tumbuhan

Karakterisasi tumbuhan merupakan suatu proses yang dilakukan untuk mengetahui sifat atau ciri spesifik yang ada pada tumbuhan tersebut (Miswarti *et al.*, 2014). Karakterisasi tumbuhan merupakan syarat yang diperlukan untuk pemuliaan, pemanfaatan dan konservasi sumber daya genetik tanaman (Begum *et al.*, 2012). Karakterisasi menjadi aspek penting untuk mengetahui sifat dari kultivar mangga (Majumder *et al.*, 2011). Karakterisasi berbagai tanaman buah, khususnya mangga madu dapat dilakukan dengan bantuan penanda atau marka yang berbeda. Terdapat dua tipe dasar penanda yaitu penanda molekuler dan penanda morfologi (Khan *et al.*, 2015).

Karakterisasi dengan menggunakan pendekatan morfologi merupakan metode konvensional yang sering digunakan sebagai dasar dalam taksonomi (Hasanuddin, 2018; Tjitrosoedirdjo & Chikmawati, 2014). Karakter morfologi

tetap dibutuhkan dalam analisis keanekaragaman genetik untuk menjelaskan ciri dan variasi dari suatu tumbuhan (Tjitrosoedirdjo & Chikmawati, 2014). Karakterisasi morfologi memiliki beberapa kelebihan, yaitu cukup mudah untuk dilakukan, biaya yang murah, dan mampu menghasilkan data yang cukup representatif (Gusmiati *et al.*, 2018; Subositi & Mujahid, 2013). Namun, karakterisasi morfologi membutuhkan waktu pengamatan yang cukup lama (Gusmiati *et al.*, 2018). Karakter morfologi bersifat subjektif dan mudah dipengaruhi oleh kondisi lingkungan (Gusmiati *et al.*, 2018; Sennhenn *et al.*, 2014). Karakterisasi menggunakan pendekatan morfologi memerlukan waktu yang lebih lama karena musim bunga dan buah yang tidak seragam (Khan *et al.*, 2015).

Perkembangan teknologi saat ini berdampak terhadap kemajuan ilmu (Tjitrosoedirdjo & Chikmawati, 2014). Karakterisasi tumbuhan secara modern dapat dilakukan dengan pendekatan molekuler (Subositi & Mujahid, 2013; Tjitrosoedirdjo & Chikmawati, 2014). Karakterisasi molekuler adalah cara yang tepat dan akurat dalam proses diskriminasi dan karakterisasi tumbuhan (Hollingsworth *et al.*, 2011). Karakterisasi molekuler dapat meminimalisir kesalahan akibat faktor lingkungan (Gusmiati *et al.*, 2018; Pinar *et al.*, 2015; Subositi & Mujahid, 2013). Karakterisasi molekuler menghasilkan data genetik yang lebih baik dan digunakan dalam analisis kekerabatan (Tjitrosoedirdjo & Chikmawati, 2014).

Penanda molekuler telah berkembang pesat dan banyak digunakan dalam karakterisasi kultivar tumbuhan (Abdelmigid, 2012). Penanda molekuler seperti *Random Amplified Polymorphic DNA* (RAPD) (Souza *et al.*, 2011), *Inter Simple*

Sequence Repeats (ISSR) (Ariffin *et al.*, 2015; Damodaran *et al.*, 2012; Rocha *et al.*, 2012) dan *Simple Sequence Repeats* (SSR) (Kumar *et al.*, 2013) digunakan dalam karakterisasi tumbuhan, khususnya mangga. Berbeda dengan karakterisasi morfologi yang sulit dilakukan untuk karakterisasi kultivar tumbuhan (Simpson, 2006), karakterisasi molekuler dapat digunakan dalam analisis keragaman dan kekerabatan kultivar tumbuhan (Luo *et al.*, 2011).

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

Marka atau penanda molekuler dapat didefinisikan sebagai urutan gen atau DNA yang dideteksi melalui probe atau primer yang mewakili perbedaan sifat kromosom di tingkat genom (Mondini *et al.*, 2009). Pendekatan molekuler memiliki beberapa keunggulan yaitu marka molekuler lebih akurat, bersifat stabil dan tidak terpengaruh oleh lingkungan (konsisten) (Mondini *et al.*, 2009; Moulin *et al.*, 2012). Marka atau penanda molekuler yang ideal dalam studi filogenik adalah bersifat polimorfik dan terdistribusi merata di seluruh genom. Selain itu, teknik yang digunakan dalam pendekatan molekuler harus sederhana dengan biaya yang terjangkau (Mondini *et al.*, 2009; Zietkiewicz *et al.*, 1994).

Marka molekuler ISSR (*Inter Simple Sequence Repeats*) diperkenalkan pada tahun 1994 (Zietkiewicz *et al.*, 1994). Marka ISSR merupakan marka *semiarbitrary* berbasis PCR (Damodaran *et al.*, 2012). ISSR adalah teknik yang cepat dan sederhana untuk menilai keragaman genetik (Luo *et al.*, 2011; Ng & Tan, 2015) dan mengkarakterisasi kultivar yang berkerabat dekat (Uddin & Cheng, 2015). Wilayah sekuens ISSR terdistribusi di seluruh genom, sehingga

polimorfisme yang dihasilkan cukup tinggi (Riupassa *et al.*, 2015; Son *et al.*, 2012; Sulassih *et al.*, 2013).

Penanda molekuler memberikan alternatif yang lebih menarik dan dapat diandalkan untuk penanda morfologi. Penanda morfologi pada mangga merupakan metode yang paling umum digunakan untuk menggambarkan kultivar. Penanda morfologi berguna untuk membedakan kultivar yang berkerabat jauh. Namun dalam penerapannya, penanda ini terbukti lebih sulit dalam membedakan galur yang berkerabat dekat atau di luar jenis kultivar tertentu. Kultivar yang secara morfologi tidak dapat dibedakan memiliki genetik berbeda, sehingga variasi suatu kultivar sulit dideteksi dengan penilaian morfologi (Schnell *et al.*, 1995). Marka molekuler ISSR banyak diterapkan pada penilaian kekerabatan genetik antar mangga (Damodaran *et al.*, 2012) dan analisis variasi genetik mangga (Ariffin *et al.*, 2015; Luo *et al.*, 2011; Samal *et al.*, 2012).

2.5 Analisis Pengelompokan (Clustering Analysis)

Perkembangan dan penerapan teknologi penanda molekuler bermanfaat dalam analisis keragaman genetik intraspesies maupun interspesies. Hal ini dapat digunakan untuk memperjelas hubungan evolusioner dan taksonomi, serta memberikan pemahaman tentang perubahan di tingkat genom (Hayward *et al.*, 2015). Hubungan kekerabatan dari organisme-organisme yang ada dapat diketahui dengan beberapa metode (Rahayu, 2019). Metode *clustering* atau pengelompokan merupakan metode untuk merekonstruksi hubungan kekerabatan. Metode ini pada dasarnya digunakan dalam pembuatan fenogram. Fenogram merupakan rekonstruksi pohon berdasarkan kesamaan fenotip secara keseluruhan. Semakin

banyak kemiripan antar organisme, maka hubungan kekerabatannya semakin dekat dan jarak genetik semakin kecil (Lemey *et al.*, 2009; Rahayu, 2019).

Pengelompokan fenetik merupakan metode pengelompokan yang didasarkan pada kemiripan karakter beberapa organisme secara keseluruhan. Banyak klasifikasi tradisional dalam sistematika tumbuhan bersifat fenetik. Analisis fenetik dapat mengelompokkan taksa berdasarkan karakter simplesiomorfik. Karakter tersebut merupakan karakter yang dimiliki oleh nenek moyang atau *ancestor* (Simpson, 2006). Analisis fenetik menghasilkan diagram yang sering disebut dengan fenogram. Berbeda dengan pengelompokan fenetik, pengelompokan filogenetik mengacu pada sejarah evolusi sekelompok organisme. Analisis filogenetik dipresentasikan dalam bentuk diagram yang disebut kladogram (Lemey *et al.*, 2009; Simpson, 2006).

Salah satu metode klustering adalah UPGMA (*Unweighted-Pair Group Method with Arithmetic*) (Lemey *et al.*, 2009; Santos *et al.*, 2019). UPGMA merupakan metode pengelompokan tertua dan paling sederhana yang digunakan untuk merekonstruksi pohon filogenetik. Pengelompokan metode UPGMA adalah pengelompokan berbasis jarak, yaitu dengan mencari nilai paling kecil pada matriks jarak (*pairwise distance matrix*) (Lemey *et al.*, 2009).

BAB III METODE PENELITIAN

3.1 Jenis Penelitian

Penelitian ini merupakan penelitian yang bersifat deskriptif eksploratif untuk mengetahui variasi genetik dan karakter klon mangga koleksi Kebun Percobaan Cukurgondang, Pasuruan berdasarkan karakter morfologi dan marka molekuler ISSR.

3.2 Waktu dan Tempat Penelitian

Penelitian ini dilakukan pada bulan April-Juli 2021. Pengamatan karakter morfologi dan pengambilan sampel dilakukan di Kebun Percobaan Cukurgondang, Pasuruan. Analisis ISSR dilakukan di Laboratorium Genetika dan Molekuler Griya Sains, Kelurahan Merjosari, Kecamatan Lowokwaru, Kota Malang.

3.3 Alat dan Bahan

3.3.1 Alat

Alat-alat yang digunakan pada penelitian ini adalah kamera, laptop, lembar karakterisasi, alat tulis, penggaris, meteran, *cutter*, mortar dan alu, *tube* 1,5 ml, *tube* PCR, rak tabung, *water bath*, mikropipet, *blue tip*, *yellow tip*, *white tip*, *centrifuge*, *vortex*, cetakan agarose, spatula, neraca analitik, gelas ukur, gelas beaker, *hot plate*, perangkat elektroforesis, *power supply*, *molecular gel documentation*, *thermal cycler*.

3.3.2 Bahan

Bahan-bahan yang digunakan pada penelitian ini adalah sampel daun muda mangga madu dan mangga kuweni koleksi dari IP2TP, nitrogen cair, *Biospin Omni Plant Genomic DNA Extraction Kit*, ethanol 70%, bubuk agarose, pewarna *peqGreen*, *Nuclease free water*, $\frac{1}{2}$ x Tris-Boric EDTA (TBE), *red PCR Master Mix* (Genaxon), marker 1 kbp DNA ladder, marker 100 bp DNA ladder, 5 primer ISSR (ISSR-835, ISSR-843, ISSR-848, ISSR-855, ISSR-5).

Tabel 3.1. Daftar primer ISSR untuk proses amplifikasi

Primer	Sequence (5'-3')	TM (°C)	TA (°C)
ISSR-835	(AG) ₈ YC	53,9°C	48,9°C
ISSR-843	(CT) ₈ RA	51,6°C	46,6°C
ISSR-848	(CA) ₈ RG	53,9°C	48,9°C
ISSR-855	(AC) ₈ YT	51,6°C	46,6°C
ISSR-5	(GAG) ₅ AT	51,8°C	46,8°C

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

3.4 Prosedur Penelitian

3.4.1 Pengambilan Sampel

Penelitian ini menggunakan 11 sampel yang terdiri dari 8 klon mangga madu dan 3 klon mangga kuweni koleksi IP2TP Cukurgondang (Tabel 3.2.). Sampel daun muda digunakan dalam karakterisasi molekuler. Daun muda dari masing-masing sampel disimpan dalam plastik dan diberikan *silica gel* untuk pengamatan lebih lanjut.

Tabel 3.2. Daftar klon mangga koleksi IP2TP Cukurgondang

No.	Nama Spesies	Kultivar	Asal Daerah
1.	<i>Mangifera indica</i> L.	Mangga madu 65	Klanggrend, Pasuruan
2.	<i>Mangifera indica</i> L.	Mangga madu 67	Bayeman, Pasuruan
3.	<i>Mangifera indica</i> L.	Mangga madu 139	Banjarsari, Probolinggo
4.	<i>Mangifera indica</i> L.	Mangga madu 225	Pucangan, Pasuruan
5.	<i>Mangifera indica</i> L.	Mangga madu 179	Karanganyar, Pasuruan
6.	<i>Mangifera indica</i> L.	Mangga madu 311	Bukir, Pasuruan
7.	<i>Mangifera indica</i> L.	Mangga madu z	Cukurgondang, Pasuruan
8.	<i>Mangifera indica</i> L.	Mangga madu banjar	Banjarbaru, Kalimantan Selatan
9.	<i>Mangifera odorata</i>	Mangga kuweni laki	Kalimantan Selatan
10.	<i>Mangifera odorata</i>	Mangga kuweni bini	Kalimantan Selatan
11.	<i>Mangifera odorata</i>	Mangga kuweni 51	Gunung Gangsir, Pasuruan

3.4.2 Karakterisasi Morfologi Mangga

Pengamatan ciri morfologi dilakukan pada pohon dan daun tanaman mangga madu dan kuweni koleksi IP2TP Cukurgondang. Karakterisasi morfologi kedua kultivar mangga mengacu pada *Descriptor for Mango* (IPGRI, 2006) dengan 20 karakter yang diamati. Berikut adalah karakter morfologi yang diamati (Tabel 3.3.):

Tabel 3.3. Daftar karakter morfologi mangga

No.	Karakter
1.	Tipe pohon
2.	Bentuk kanopi pohon
3.	Bentuk pertumbuhan pohon
4.	Bentuk helaian daun
5.	Susunan daun terhadap batang
6.	Panjang daun
7.	Lebar daun
8.	Panjang tangkai daun
9.	Tipe pelvinus
10.	Sudut antara tulang daun primer dan sekunder
11.	Lekukan pada tulang daun sekunder
12.	Tekstur daun
13.	Bentuk ujung daun
14.	Bentuk pangkal daun
15.	Bentuk tepi daun
16.	Indumentum daun
17.	Warna daun muda
18.	Warna permukaan atas daun tua
19.	Warna permukaan bawah daun tua
20.	Aroma daun

3.4.3 Karakterisasi Molekuler Mangga

3.4.3.1 Isolasi DNA

Isolasi DNA dilakukan dengan menggunakan *Biospin Omni Plant Genomic DNA Extraction Kit* sesuai dengan protokol yang ada di kit DNA tersebut. Sampel daun muda dihaluskan hingga menjadi serbuk dengan menggunakan mortar dan nitrogen cair. Kemudian 100 mg serbuk sampel dimasukkan ke dalam *tube* 1,5 ml dan ditambahkan 450 μ L *LP plus buffer* dan 4 μ L *RNAse A* (100 mg/mL). Larutan dihomogenkan dengan cara di-vortex dan diinkubasi pada suhu 65°C selama 15 menit. Kemudian 150 μ L *DA buffer* ditambahkan pada larutan dan dihomogenkan, lalu diinkubasi selama 5 menit dalam *freezer*. Setelah itu, sampel disentrifugasi dengan kecepatan 15.000 rpm

selama 3 menit pada suhu ruang. Supernatan dipindahkan dalam tube 1,5 ml yang baru dan ditambahkan dengan 750 μ L P *Binding buffer*, lalu dihomogenkan. Larutan yang telah homogen dipindahkan ke *spin column* dan disentrifugasi pada kecepatan 14.000 rpm selama 1 menit. Setelah disentrifugasi, cairan di bagian tube dibuang dan ditambahkan 500 μ L G *Binding buffer* ke dalam *spin column*. Kemudian sampel disentrifugasi pada kecepatan 14.000 rpm selama 30 detik, lalu dibuang cairan di bagian *tube*. Sampel dalam *spin column* ditambahkan dengan 600 μ L *washing buffer* dan disentrifugasi pada kecepatan 14.000 rpm selama 30 detik, lalu dibuang cairan di bagian *tube*. Sampel ditambahkan lagi dengan 600 μ L *washing buffer* dan dilakukan langkah yang sama. Kemudian sampel disentrifugasi pada kecepatan 14.000 rpm selama 1 menit. *Spin column* dipindahkan ke *tube* 1,5 mL yang baru, lalu ditambahkan dengan 100 μ L *elution buffer* dan diinkubasi pada suhu ruang selama 1 menit. Kemudian sampel disentrifugasi pada kecepatan 15.000 rpm selama 1 menit. *Buffer* pada *tube* tersebut mengandung DNA sampel dan dapat disimpan pada suhu -20°C jika tidak segera digunakan.

3.4.3.2 Uji Kualitatif DNA

Uji kualitatif DNA menggunakan elektroforesis gel agarosa. Elektroforesis hasil isolasi DNA menggunakan gel agarosa 1%. Sebanyak 0,2 gr gel agarose ditimbang, lalu dimasukkan ke dalam gelas beaker dan ditambahkan dengan 20 mL $\frac{1}{2}$ x TBE. *Magnet stirrer* dimasukkan pada larutan, kemudian dipanaskan pada *hot plate* hingga bening. Setelah itu, larutan didinginkan dan ditambahkan 2 μ L pewarna *peqGreen*, lalu dihomogenkan. Larutan gel dituang pada cetakan gel

yang telah dipasang sisir, kemudian didiamkan hingga mengeras (± 25 menit). Gel yang sudah mengeras, dipindahkan dalam *chamber* elektroforesis, lalu dituangkan *buffer* TBE sebanyak 25 mL. Sebanyak 3 μ L *loading dye* dan 5 μ L sampel hasil isolasi dihomogenkan, lalu dimasukkan dalam *chamber*. Elektroda dihubungkan dengan *power supply* dan dinyalakan dengan tegangan 50 volt selama ± 25 menit. Setelah itu, hasil elektroforesis divisualisasi menggunakan *molecular gel documentation*. Marker 1 Kbp DNA ladder digunakan untuk menentukan ukuran genom.

3.4.3.3 Amplifikasi DNA

Amplifikasi DNA dengan teknik PCR menggunakan total 10 μ l larutan yang berisi 3 μ l *nuclease free water*, 1 μ l primer (10 pmol), 5 μ l PCR mix, 1 μ l sampel DNA hasil isolasi. Kemudian, sampel dimasukkan dalam *thermal cycler* untuk diamplifikasi. Pra-denaturasi pada suhu 94°C selama 5 menit, kemudian diikuti dengan 35 siklus yang terdiri atas denaturasi pada suhu 94°C selama 40 detik, annealing selama 1 menit disesuaikan dengan suhu spesifik primer ISSR (Tabel 3.1.), *extension* pada suhu 72°C selama 1 menit 30 detik. *Post-extension* dilakukan pada suhu 72°C selama 7 menit. Hasil amplifikasi dikonfirmasi dengan elektroforesis pada gel agarosa 2% dengan tegangan 50 volt selama 25 menit. Setelah itu, hasil amplifikasi divisualisasi menggunakan *molecular gel documentation* dengan marker 100bp DNA ladder.

3.4.4 Analisis Data

3.4.4.1 Analisis Variasi Genetik dan Pengelompokan Secara Morfologi

Analisis data morfologi meliputi analisis variasi genetik (He), *similarity*, *clustering*, PCA (*Principal Component Analysis*). Analisis variasi genetik dilakukan menggunakan *software* GenAIEx (*Genetic Analysis in Excel*) (Peakall & Smouse, 2012). Data interval hasil karakterisasi morfologi dikonversi menjadi data biner. Analisis keragaman genetik (He) dihitung menggunakan rumus:

$$He = \text{Keragaman} = 1 - (p^2 + q^2)$$

Keterangan:

He = Nilai variasi genetik Nei (1987)

p dan q = frekuensi alel

Analisis *similarity* dan *clustering* dilakukan pada data hasil *scoring character* morfologi menggunakan program *Paleontological Statistics* (PAST) versi 4.02 dengan metode UPGMA (*Unweighted-Pair Group Method with Arithmetic*) dan koefisien Bray-Curtis. Analisis *similarity* dan *clustering* dilakukan untuk mengetahui besarnya kemiripan dan pola pengelompokan kultivar mangga. Kemudian analisis PCA (*Principal Component Analysis*) dilakukan untuk mengetahui kontribusi karakter yang paling berpengaruh pada suatu keberagaman menggunakan program *Paleontological Statistics* (PAST) versi 4.02. Interpretasi data berupa tabel similaritas dan dendogram.

3.4.4.2 Analisis Variasi Genetik dan Pengelompokan Secara Molekuler

Analisis variasi genetik dilakukan menggunakan *software* GenAIEx (*Genetic Analysis in Excel*) (Peakall & Smouse, 2012). Analisis keragaman genetik (H_e) dihitung menggunakan rumus:

$$H_e = \text{Keragaman} = 1 - (p^2 + q^2)$$

Keterangan:

H_e = Nilai variasi genetik Nei (1987)

p dan q = frekuensi alel

Data hasil *scoring character* pita DNA dianalisis menggunakan program *Paleontological Statistics* (PAST) versi 4.02. Analisis *similarity* dan *clustering* dengan koefisien persamaan Jaccard dilakukan untuk mengetahui besarnya kemiripan dan pola pengelompokan klon mangga. Interpretasi data berupa tabel similaritas dan dendogram.

3.4.4.4 Analisis Efektivitas Primer

Analisis polimorfisme dan daya diskriminatif masing-masing primer dapat dievaluasi dengan menggunakan empat parameter yaitu *Polymorphism Information Content* (PIC), *Effective Multiplex Ratio* (EMR), *Marker Index* (MI), dan *Resolving Power* (RP). *Polymorphism Information Content* (PIC) merupakan parameter standar untuk mengevaluasi hasil amplifikasi PCR berdasarkan pita DNA. Nilai PIC berkisar antara 0-0,5 yang mana semakin tinggi nilai PIC maka semakin baik suatu primer yang digunakan untuk mengetahui adanya variasi genetik. Nilai PIC dapat dihitung menggunakan rumus (Adhikari *et al.*, 2014; Probojati *et al.*, 2019):

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

Keterangan:

f = frekuensi pita DNA yang muncul

$1-f$ = frekuensi pita DNA yang tidak muncul

Effective Multiplex Ratio (EMR) digunakan untuk mengetahui keseluruhan jumlah pita DNA yang terbentuk dari setiap primer dan jumlah pita DNA polimorfik. Semakin tinggi nilai EMR, maka semakin baik suatu primer. Nilai EMR dihitung menggunakan rumus (Chesnokov & Artemyeva, 2015):

$$EMR = n_p (n_p / n)$$

n_p = jumlah pita DNA polimorfik

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

Marker Index (MI) menunjukkan kapasitas setiap primer untuk mendeteksi lokus polimorfik di antara genotipe, sehingga dapat menunjukkan keefektifan primer. *Marker Index* didefinisikan sebagai produk dari indeks keragaman rata-rata untuk pita polimorfik. Nilai MI dapat dihitung menggunakan rumus (Adhikari *et al.*, 2014; Chesnokov & Artemyeva, 2015; Damodaran *et al.*, 2012):

$$MI = PIC \times EMR$$

Resolving Power (RP) didasarkan pada distribusi alel dalam genotipe sampel. *Resolving Power* dapat menunjukkan kemampuan primer yang paling informatif dalam membedakan pita DNA antar genotipe. Nilai RP dapat dihitung menggunakan rumus (Adhikari *et al.*, 2014; Chesnokov & Artemyeva, 2015):

$$RP = \sum I_b$$

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

P = nilai proporsi dari genotipe yang mengandung pita DNA

BAB IV HASIL DAN PEMBAHASAN

4.1 Variasi Genetik dan Pengelompokan Mangga Madu Berdasarkan Marka Morfologi

4.1.1 Variasi Genetik Mangga Madu Berdasarkan Marka Morfologi

Karakter morfologi yang diamati pada klon mangga madu koleksi IP2TP menunjukkan karakter beragam dan karakter seragam. Karakter seragam pada klon mangga madu meliputi tipe pelvinus tebal dan menyudut, sudut antar tulang daun primer dan sekunder melebihi 60°, memiliki lekukan tulang daun sekunder, tidak memiliki indumentum pada daun, permukaan atas daun tua berwarna hijau tua, sedangkan permukaan bawah daun tua berwarna hijau pucat. Sembiring *et al.*, (2020) juga menyatakan bahwa kultivar mangga madu memiliki daun berwarna hijau dengan tepi bergelombang dan beraroma harum. Klon mangga madu dengan aroma yang kuat antara lain: mangga madu 65, mangga madu 67, mangga madu 179, mangga madu 311. Keempat klon mangga madu yang lain memiliki aroma daun yang tidak terlalu kuat. Selain itu, Orwa *et al.*, (2009) menjelaskan bahwa salah satu karakter yang secara umum terdapat pada daun mangga adalah terbentuknya sudut antar tulang daun yang lebih dari 60°. Sudut tersebut terbentuk karena tulang daun sekunder yang mengarah ke pucuk atau ujung daun mangga.

Klon mangga madu juga memiliki kerakter beragam yang meliputi tipe pohon (Lampiran 1.), bentuk kanopi pohon (Lampiran 2.), bentuk pertumbuhan pohon (Lampiran 2.), susunan daun terhadap batang (Lampiran 3.), panjang daun (Lampiran 4.), lebar daun, panjang tangkai daun (Lampiran 5.), bentuk ujung daun (Lampiran 6.), bentuk pangkal daun (Lampiran 7.), aroma daun, dan warna daun

muda (Lampiran 8.). Allah SWT berfirman dalam Quran surah Al-An'am [6] ayat 141:

وَهُوَ الَّذِي أَنْشَأَ جَنَّاتٍ مَعْرُوشَاتٍ وَغَيْرَ مَعْرُوشَاتٍ وَالنَّخْلَ وَالزَّرْعَ مُخْتَلِفًا أَكْلُهُ
وَالزَّيْتُونَ وَالرُّمَّانَ مُتَشَابِهًا وَغَيْرَ مُتَشَابِهٍ كُلُوا مِنْ ثَمَرِهِ إِذَا أَثْمَرَ وَآتُوا حَقَّهُ يَوْمَ
حَصَادِهِ وَلَا تُسْرِفُوا إِنَّهُ لَا يُحِبُّ الْمُسْرِفِينَ ١٤١

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

Allah SWT menciptakan segala sesuatu di bumi, seperti tanaman, buah, dan ternak sesuai dengan kehendak-Nya. Lafadz *وَالزَّيْتُونَ وَالرُّمَّانَ* bermakna bahwa Allah menciptakan zaitun dan delima, masing masing buah tersebut memiliki bentuk yang serupa dengan yang lain. Namun, rasa dari setiap buah tidak akan sama (Katsir, 2014). Lafadz *مُتَشَابِهًا وَغَيْرَ مُتَشَابِهٍ* menunjukkan bahwa setiap buah bisa saja serupa saat dilihat dari luar, tetapi tidak akan sama perihal rasa (Ath-Thabari, 2009). Allah menciptakan tanaman tersebut dengan karakternya masing-masing. Tanaman yang terlihat sama, akan memiliki perbedaan apabila diamati secara cermat. Hal tersebut sesuai dengan penelitian ini, yang mana klon mangga madu yang secara kasat mata terlihat sama ternyata memiliki beberapa karakter yang berbeda. Warna daun muda adalah salah satu karakter yang berbeda dalam klon mangga madu tersebut. Karakter yang berbeda tidak hanya ditemukan dalam anggota klon mangga madu. Perbedaan karakter tersebut juga terjadi antar spesies, misalnya mangga madu dan mangga kuweni.

Klon mangga madu memiliki karakter yang berbeda dengan klon mangga kuweni. Perbedaan karakter tersebut terletak pada bentuk helaian daun (Lampiran 9.), tekstur daun dan bentuk tepi daun (Lampiran 9.). Klon mangga kuweni memiliki bentuk helaian daun *elliptic*, tekstur daun kasar (*coriaceous*) dan tepi daun rata, sedangkan pada klon mangga madu memiliki bentuk helaian daun *lanceolate*, tekstur daun *chartaceous* dan tepi daun bergelombang. Perbedaan karakter tersebut disebabkan karena klon mangga madu tergolong jenis *Mangifera indica*, sedangkan klon mangga kuweni termasuk pada jenis *Mangifera odorata*. Menurut Oktavianto (2015) *Mangifera indica* L. memiliki bentuk helaian daun yang bervariasi, umumnya berbentuk jorong hingga lanset. Selain itu, tepi daun *Mangifera indica* L. bergelombang dengan ujung daun yang meruncing.

Variasi genetik 11 klon mangga madu dan kuweni berdasarkan karakter morfologi menunjukkan nilai 0,197 (Tabel 4.1.). Nilai tersebut tergolong rendah dalam rentang nilai 0-0,5. Hal tersebut dapat terjadi karena karakter morfologi yang diamati pada penelitian ini hanya terbatas pada karakter morfologi pohon dan daun. Perbedaan musim perbungaan menjadi salah satu faktor karakter morfologi bunga dan buah tidak dapat teramati. Selain itu, faktor lingkungan juga dapat mempengaruhi variasi genetik, karena berpengaruh pada morfologi dari 11 klon yang diamati. Sharma *et al.* (2012) menyatakan bahwa faktor lingkungan mempengaruhi karakter morfologi, sehingga dimungkinkan karakter yang tampak merupakan bentuk adaptasi suatu individu terhadap lingkungannya.

Tabel 4.1. Hasil analisis variasi genetik klon mangga berdasarkan marka morfologi

	Karakter Morfologi
N	11 ± 0
Na	1,5 ± 0,185
Ne	1,316 ± 0,075
He	0,197 ± 0,04
%P	70%

Keterangan: N = jumlah sampel; Na = jumlah alel; Ne = jumlah alel efektif; He = indeks keragaman genetik; %P = persentase lokus polimorfik.

Allah SWT berfirman dalam Quran surah Ar-Ra'd [13] ayat 4:

وَفِي الْأَرْضِ قِطْعٌ مُتَجَاوِرَاتٌ وَجَنَّاتٌ مِنْ أَعْنَابٍ وَزَرْعٌ وَنَخِيلٌ صِنْوَانٌ وَغَيْرُ صِنْوَانٍ يُسْقَى بِمَاءٍ وَاحِدٍ وَنُفْضِلُ بَعْضَهَا عَلَى بَعْضٍ فِي الْأَكْلِ إِنَّ فِي ذَلِكَ لَآيَاتٍ لِقَوْمٍ يَعْقِلُونَ

“Dan di bumi ini terdapat bagian-bagian yang berdampingan, dan kebun-kebun anggur, tanaman-tanaman dan pohon kurma yang bercabang dan yang tidak bercabang, disirami dengan air yang sama. Kami melebihkan sebagian tanaman-tanaman itu atas sebagian yang lain tentang rasanya. Sesungguhnya pada yang demikian itu terdapat tanda-tanda (kebesaran Allah) bagi kaum yang berpikir” (Q.S Ar-Ra'd [13]: 4).

Lafadz *وَفِي الْأَرْضِ قِطْعٌ مُتَجَاوِرَاتٌ* mengandung makna tanah yang ada di bumi

Allah SWT memiliki perbedaan, meskipun terletak berdampingan. Terdapat tanah yang subur, mengandung banyak kadar garam, maupun yang kurang bagus untuk bercocok tanam. Perbedaan tanah tersebut menghasilkan tanaman dengan karakteristiknya masing-masing, meskipun disirami dengan air yang sama (Ath-Thabari, 2007). Tanaman buah akan menghasilkan bentuk, warna, rasa, dan aroma buah yang berbeda. Sebagian di antaranya memiliki rasa manis, masam, pahit, bahkan hambar. Keadaan ini termasuk tanda-tanda kekuasaan Allah SWT, yang mana dijadikan berbeda segala sesuatunya menurut kehendak-Nya (Katsir, 2014). Dengan demikian, tumbuhan yang ditanam di lahan yang sama belum tentu

memiliki ciri atau karakter yang sama. Misalnya, tanaman mangga yang ada di Kebun Percobaan Cukurgondang yang memiliki ciri masing-masing.

4.1.2 Pengelompokan Mangga Madu Berdasarkan Marka Morfologi

Nilai koefisien similaritas 11 klon mangga berada pada rentang nilai 0,78-0,99 (Tabel 4.2.). Nilai koefisien similaritas terendah pada 11 klon mangga yang telah diamati dimiliki oleh mangga madu 139 (Probolinggo), mangga madu banjar (Kalimantan Selatan) dan mangga madu *seedling* (Pasuruan) dengan kuweni bini (Kalimantan Selatan), yaitu sebesar 0,78. Nilai similaritas yang rendah menunjukkan jarak kekerabatan antara ketiga mangga madu dan kuweni bini cukup jauh. Hal tersebut dapat terjadi karena mangga madu 139 (Probolinggo), mangga madu banjar (Kalimantan Selatan) dan mangga madu *seedling* (Pasuruan) termasuk dalam *Mangifera indica* L., sedangkan kuweni bini (Kalimantan Selatan) termasuk dalam *Mangifera odorata*.

Tabel 4.2. Koefisien similaritas karakter morfologi 11 klon mangga

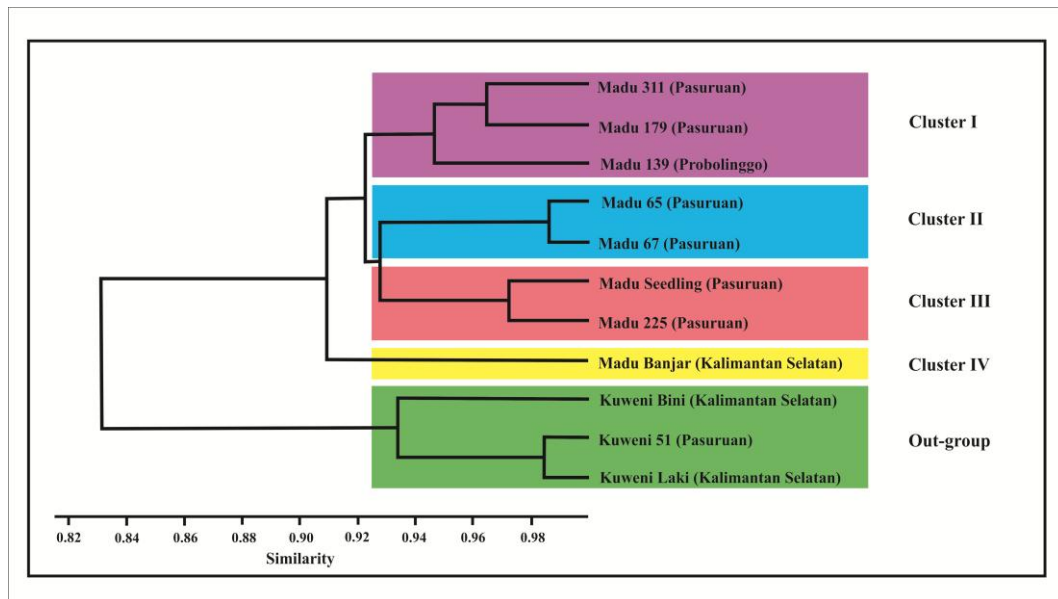
	MD 65	MD 67	MD 139	MD 179	MD 225	MD 311	MD Z	MD B	KW L	KW B	KW 51
MD 65	1										
MD 67	0,99	1									
MD 139	0,91	0,93	1								
MD 179	0,92	0,93	0,95	1							
MD 225	0,95	0,94	0,94	0,91	1						
MD 311	0,93	0,94	0,94	0,97	0,93	1					
MD Z	0,92	0,91	0,91	0,91	0,97	0,93	1				
MD B	0,92	0,94	0,94	0,89	0,92	0,88	0,89	1			
KW L	0,89	0,88	0,83	0,81	0,86	0,82	0,83	0,83	1		
KW B	0,86	0,85	0,78	0,81	0,81	0,79	0,78	0,78	0,94	1	
KW 51	0,87	0,84	0,84	0,82	0,87	0,83	0,84	0,82	0,99	0,93	1

Keterangan: MD 65 (Mangga madu 65); MD 67 (Mangga madu 67); MD 139 (Mangga madu 139); MD 179 (Mangga madu 179); MD 225 (Mangga madu 225); MD 311 (Mangga madu 311); MD Z (Mangga madu *seedling*/Z); MD B (Mangga madu banjar); KW L (Kuweni laki); KW B (Kuweni bini); KW 51 (Kuweni 51).

Nilai koefisien similaritas tertinggi dimiliki oleh mangga madu 65 (Pasuruan) dan mangga madu 67 (Pasuruan), yaitu sebesar 0,99 dengan 19 karakter yang sama. Selain itu, nilai koefisien similaritas 0,99 juga dimiliki oleh kuweni laki (Kalimantan Selatan) dan kuweni 51 (Pasuruan). Dengan demikian, jarak kekerabatan antar kedua aksesori tersebut sangat dekat. Klon mangga madu dengan kemiripan atau nilai koefisien similaritas terendah dimiliki oleh mangga madu banjar (Kalimantan Selatan) dan mangga madu 311 (Pasuruan), yaitu sebesar 0,88 dengan 12 karakter yang sama. Fitriana (2017) menyebutkan bahwa apabila nilai koefisien similaritas semakin mendekati nol maka hubungan kekerabatannya akan semakin jauh. Namun, apabila nilai koefisien similaritas semakin mendekati satu, maka hubungan kekerabatannya semakin dekat.

Pengelompokan 11 klon mangga ditentukan berdasarkan pada nilai minimum similaritas. Nilai minimum similaritas yang digunakan dalam penelitian

ini adalah $\geq 0,925$. Nilai minimum similaritas menyatakan tingkat akurasi klustering yang dilakukan (Amzeri, 2017). Dengan demikian, pengelompokan 11 klon mangga terbagi menjadi 5 cluster (Gambar 4.1.).



Gambar 4.1. Pengelompokan klon mangga berdasarkan karakter morfologi

Cluster I terdiri dari 3 klon mangga madu, yaitu mangga madu 311 (Pasuruan), mangga madu 179 (Pasuruan), dan mangga madu 139 (Probolinggo). Klon mangga madu pada cluster pertama mengelompok karena memiliki 14 karakter yang sama. Karakter tersebut, antara lain: tipe pohon *grafting*, bentuk kanopi pohon *semi-circular*, bentuk pertumbuhan pohon *spreading* (Gambar 4.2.), bentuk helaian daun *lanceolate*, lebar daun sedang (5-7 cm), tipe pelvinus tebal dan menyudut, sudut antara tulang daun primer dan sekunder yang luas ($>60^\circ$). Selain itu, terdapat lekukan pada tulang daun sekunder, tekstur daun *chartaceous*, bentuk ujung meruncing dan tepi daun bergelombang, tidak memiliki indumentum

daun, warna permukaan atas daun tua hijau tua, sedangkan permukaan bawahnya berwarna hijau pucat.



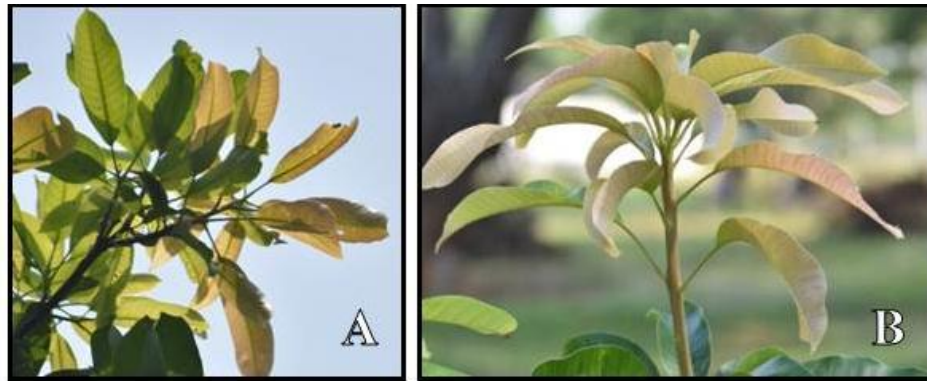
Gambar 4.2. Bentuk pertumbuhan pohon *spreading*. Keterangan : A) Mangga madu 311 (Pasuruan); B) Mangga madu 179 (Pasuruan); C) Mangga madu 139 (Probolinggo).

Cluster II hanya terdiri dari 2 klon mangga madu, yaitu mangga madu 65 (Pasuruan) dan mangga madu 67 (Pasuruan). Klon mangga madu tersebut mengelompok karena memiliki beberapa karakter yang sama. Nilai koefisien antara mangga madu 65 (Pasuruan) dan mangga madu 67 (Pasuruan) sebesar 0,99 dengan 19 karakter yang seragam. Karakter tersebut, antara lain: tipe pohon *grafting*, bentuk kanopi pohon oblong, bentuk helaian daun *lanceolate*, susunan daun terhadap batang horizontal (mendatar), panjang daun sedang (17-24 cm), lebar daun sedang (5-7 cm), panjang tangkai daun sedang (3,5-5 cm), tipe pelvinus tebal dan menyudut, sudut antara tulang daun primer dan sekunder yang luas ($>60^\circ$). Selain itu, terdapat lekukan pada tulang daun sekunder, tekstur daun *chartaceous*, bentuk ujung dan pangkal daunnya runcing, serta tepi daun bergelombang. Daun mangga madu 67 dan 65 tidak memiliki indumentum, permukaan atas daun tua berwarna hijau tua, sedangkan permukaan bawahnya berwarna hijau pucat dengan aroma yang kuat, serta daun muda berwarna merah bata muda (Gambar 4.3.).



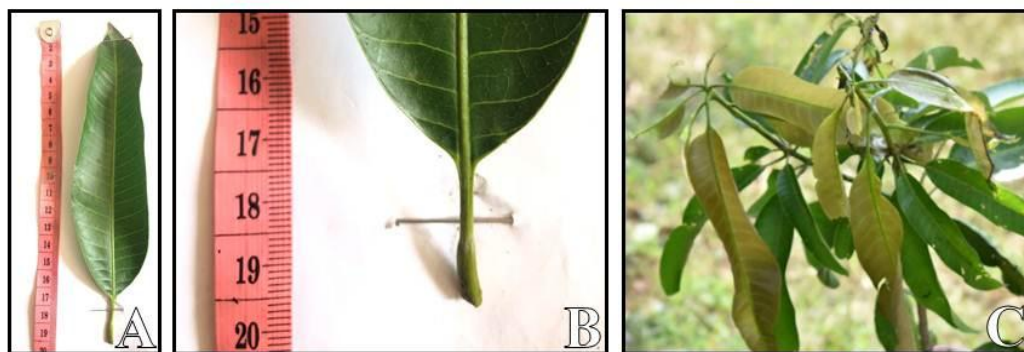
Gambar 4.3. Warna daun muda merah bata muda. Keterangan : A) Mangga madu 65 (Pasuruan); B) Mangga madu 67 (Pasuruan).

Cluster III terdiri dari klon mangga madu *seedling* (Pasuruan) dan mangga madu 225 (Pasuruan). Kedua klon tersebut memiliki nilai koefisien similaritas sebesar 0,97 dengan 18 karakter yang sama. Karakter seragam pada kelompok ini hampir sama dengan kelompok kedua. Namun, karakter tipe pohon dari kedua klon mangga madu ini berbeda. Tipe pohon pada mangga madu z (Pasuruan) adalah *seedling*, sehingga disebut dengan mangga madu *seedling* (Lampiran 1A.). Klon mangga madu 225 (Pasuruan) memiliki tipe pohon *grafting* seperti klon mangga madu yang lain. Selain itu, bentuk pertumbuhan pohon kedua klon tersebut adalah erect dan susunan daun terhadap batang terangkat (*semi-erect*). Daun mangga madu z (Pasuruan) dan 225 (Pasuruan) memiliki ujung yang meruncing dengan aroma yang tidak terlalu kuat (ringan). Berbeda dengan cluster II, warna daun muda dari anggota cluster III adalah hijau muda dengan semburat coklat (Gambar 4.4.).



Gambar 4.4. Warna daun muda hijau muda dengan semburat cokelat.
Keterangan: A) Mangga madu *seedling* (Pasuruan); B) Mangga madu 225 (Pasuruan).

Cluster IV hanya terdiri dari klon mangga madu banjar (Kalimantan Selatan). Mangga madu banjar (Kalimantan Selatan) memiliki ciri yang berbeda dengan klon mangga madu lainnya. Karakter pembeda tersebut adalah ukuran daun mangga madu banjar (Kalimantan Selatan) yang lebih kecil (Gambar 4.5.A.). Panjang daun mangga madu banjar (Kalimantan Selatan) ± 17 cm, sedangkan lebar daunnya 4,9 cm. Selain itu, tangkai daun mangga madu banjar (Kalimantan Selatan) tergolong pendek yaitu 2,3 cm (Gambar 4.5.B.). Mangga madu banjar (Kalimantan Selatan) memiliki daun dengan ujung runcing, pangkal tumpul dan aroma daun yang ringan. Warna daun muda dari mangga ini adalah hijau muda dengan semburat cokelat (Gambar 4.5.C.).



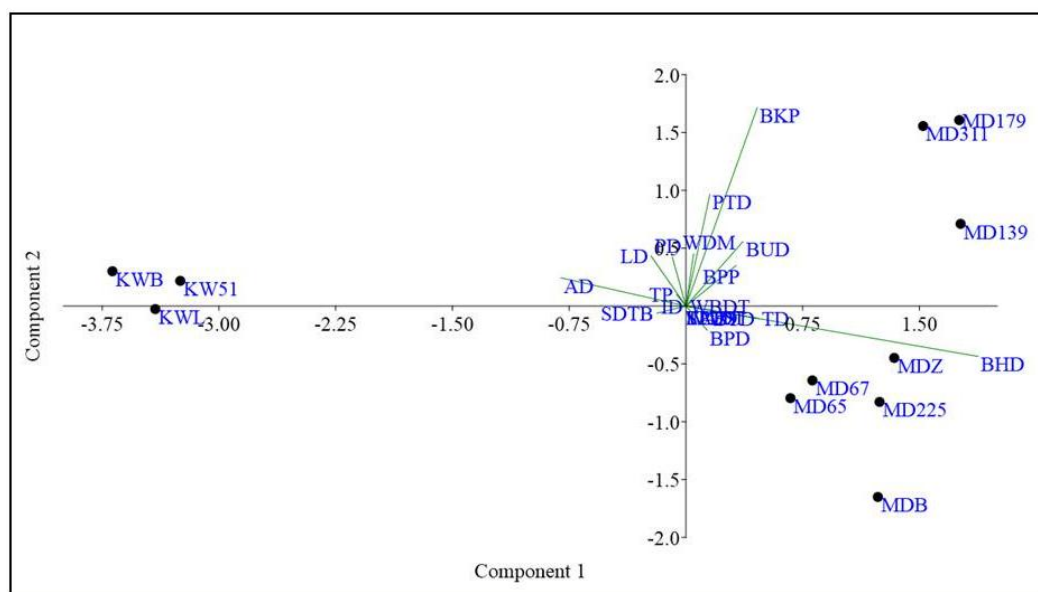
Gambar 4.5. Karakter pada mangga madu banjar (Kalimantan Selatan).
Gambar A menunjukkan ukuran daun; Gambar B menunjukkan panjang tangkai daun; Gambar C menunjukkan warna daun muda.

Kelompok terakhir adalah kelompok yang terdiri dari *out-group*. Klon mangga kuweni (*Mangifera odorata*) yang digunakan terdiri dari mangga kuweni laki (Kalimantan Selatan), mangga kuweni bini (Kalimantan Selatan), dan mangga kuweni 51 (Pasuruan). Ketiga klon mengelompok karena 16 karakter yang seragam. Karakter tersebut antara lain: tipe pohon *grafting*, bentuk kanopi pohon oblong, bentuk pertumbuhan pohon *erect*, susunan daun terhadap batang horizontal (mendatar), panjang tangkai daun sedang, tipe pelvinus tebal dan menyudut, sudut antara tulang daun primer dan sekunder yang luas ($>60^\circ$). Selain itu, terdapat lekukan pada tulang daun sekunder, bentuk pangkal daunnya runcing, tidak memiliki indumentum daun, warna permukaan atas daun tua hijau tua, sedangkan permukaan bawahnya berwarna hijau pucat, warna daun mudanya coklat kemerahan (Gambar 4.6.B.). Bentuk helaian daun klon mangga kuweni *elliptic* dengan tepian rata (Gambar 4.6.A.) dan tekstur daun *coriaceous*. Ketiga karakter tersebut menjadi karakter pembeda dengan klon mangga madu.



Gambar 4.6. Karakter seragam pada mangga kuweni. Gambar A menunjukkan bentuk helaian dan tepi daun; Gambar B menunjukkan warna daun muda

Karakter morfologi yang telah diamati juga dianalisis kontribusinya dalam keragaman 11 akses mangga. *Principal Component Analysis* (PCA) atau analisis komponen utama digunakan untuk menyederhanakan serta menganalisis variabel dalam jumlah yang banyak (Nwangburuka *et al.*, 2011). PCA menghasilkan *eigen value* dan skor yang digunakan masing-masing untuk mengukur kekuatan diskriminatif relatif dari sumbu dan karakter terkaitnya. *Eigen value* hasil PCA yang baik ditunjukkan dengan nilai yang semakin tinggi (>1). Komponen utama pada penelitian ini yang memiliki *eigen value* >1 adalah komponen utama 1 (PC1) dan 2 (PC2) sebesar 5,02 dan 1,03 (Lampiran 15.). Kedua komponen tersebut berkontribusi pada keragaman karakter morfologi 11 akses mangga sebesar 64,54% dan 13,24% (Lampiran 15.).



Gambar 4.7. Analisis komponen utama karakter morfologi

Hasil analisis biplot pada 20 karakter morfologi menunjukkan beberapa karakter dengan garis vektor pendek dari titik asal (Gambar 4.7.). Menurut Hetharie *et al.* (2018) garis vektor pendek pada analisis biplot menandakan bahwa karakter tersebut kurang berkontribusi pada keragaman akses yang diamati.

Karakter dengan garis vektor yang panjang dimiliki oleh karakter bentuk helaian daun dengan skor 0,82 pada PC1 dan karakter bentuk kanopi pohon dengan skor 0,75 pada PC2 (Lampiran 15.).

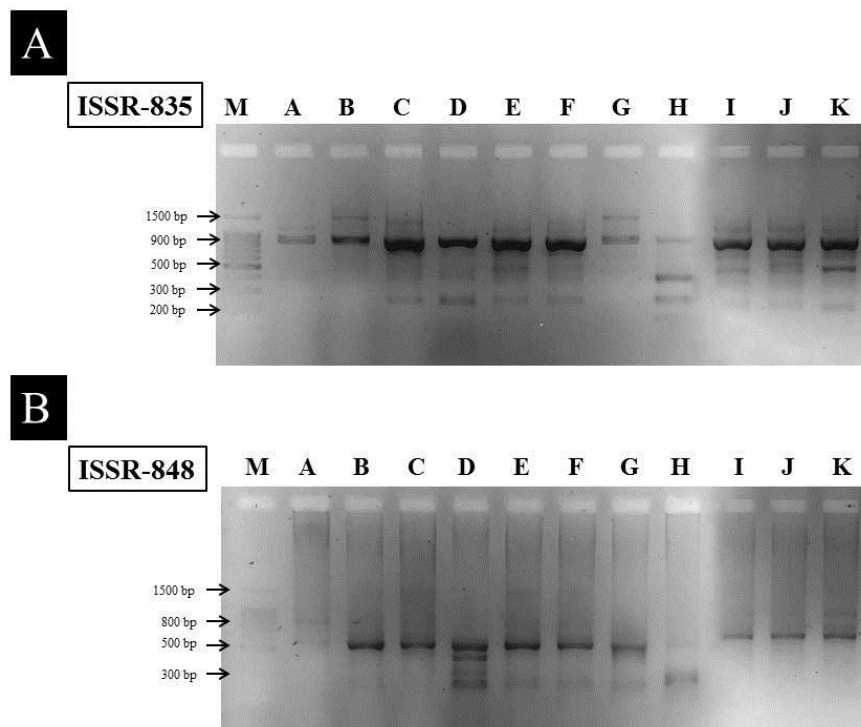
Analisis biplot juga menunjukkan pengelompokan klon berdasarkan karakter penciri kelompok tersebut (Gambar 4.7.). Hetharie *et al.* (2018) menyatakan bahwa klon pada analisis biplot mengelompok dengan ciri tertentu ditunjukkan melalui arah vektor dengan objek pada suatu kuadran. Karakter bentuk helaian daun *lanceolate* menjadi karakter khusus pada mangga madu 67 (Pasuruan), mangga madu 65 (Pasuruan), mangga madu z (Pasuruan), mangga madu 225 (Pasuruan), dan mangga madu banjar (Kalimantan Selatan). Selain itu, kelompok mangga madu 139 (Probolinggo), mangga madu 179 (Pasuruan), dan mangga madu 311 (Pasuruan) memiliki karakter penciri berupa bentuk kanopi pohon *semi-circular*. Setiawati *et al.* (2013) menyatakan bahwa hubungan kekerabatan yang dekat ditunjukkan dengan aksesori atau klon yang berada pada kuadran yang sama, begitu juga sebaliknya.

4.2 Variasi Genetik dan Pengelompokan Mangga Madu Berdasarkan Marka Molekuler

4.2.1 Variasi Genetik Mangga Madu Berdasarkan Marka Molekuler

Klon mangga yang berhasil diamplifikasi berjumlah 11 sampel. Sampel tersebut terdiri dari 8 sampel ingrup (A-H) dan 3 sampel outgrup (I-K). Sampel yang tergabung dalam ingrup diantaranya mangga madu *seedling/z*, mangga madu banjar, mangga madu 139, mangga madu 65, mangga madu 67, mangga madu

179, mangga madu 225, dan mangga madu 311. Klon kuweni laki, kuweni bini, dan kuweni 51 termasuk dalam sampel outgrup.



Gambar 4.8. Visualisasi DNA klon mangga berdasarkan marka ISSR. Gambar A menunjukkan pita monomorfik 900 bp. Gambar B menunjukkan pita polimorfik. M) Marker; A) Mangga madu 65; B) Mangga madu 67; C) Mangga madu 139; D) Mangga madu 179; E) Mangga madu 225; F) Mangga madu 311; G) Mangga madu *z/seedling*; H) Mangga madu banjar; I) Mangga kuweni laki; J) Mangga kuweni bini; K) Mangga kuweni 51

Hasil visualisasi DNA berdasarkan amplifikasi PCR menggunakan kelima primer menunjukkan adanya dua pita yang berbeda, yaitu pita polimorfik dan monomorfik (Gambar 4.8.). Pita monomorfik merupakan pita yang terdapat pada semua sampel atau aksesori. Pita monomorfik ditemukan pada dua primer yang berbeda, yaitu ISSR-835 (900 bp) (Gambar 4.8.A) dan ISSR-5 (800 bp). Selain

itu, terdapat pita polimorfik yang hanya muncul pada beberapa aksesori saja (Gambar 4.8.B). Pita polimorfik terdapat pada semua primer, yaitu primer ISSR-835, ISSR-843 (Lampiran 10.), ISSR-848, ISSR-855 (Lampiran 11.), dan ISSR-5 (Lampiran 12.). Pratiwi (2012) menyebutkan bahwa keragaman genetik suatu organisme dapat ditandai dengan adanya pita polimorfik.

Amplifikasi PCR ISSR pada sebelas sampel mangga yang diuji menunjukkan rentang panjang pita antara 200 - 1500 bp. Selain pita polimorfik dan monomorfik juga terdapat *band* unik. *Band* tersebut hanya ditemukan pada delapan klon mangga madu, yaitu pada primer ISSR-848 dengan panjang 500 bp (Gambar 4.8.B.). Dengan demikian, *band* unik tersebut dapat dijadikan sebagai penanda yang hanya dimiliki oleh klon mangga madu saja. Allah SWT berfirman dalam Quran Surah Al-A'la [87] ayat 1-3:

سَبِّحْ اسْمَ رَبِّكَ الْأَعْلَى ۝ ۱ الَّذِي خَلَقَ فَسَوَّى ۝ ۲ وَالَّذِي قَدَّرَ فَهَدَى ۝ ۳

“Sucikanlah nama Tuhanmu Yang Mahatinggi, yang menciptakan dan yang menyempurnakan (penciptaan-Nya) dan yang menentukan kadar (masing-masing) dan memberi petunjuk” (Q.S Al-A'la [87]: 1-3).

Allah SWT telah menciptakan segala sesuatu di bumi sesuai dengan ukurannya. Allah SWT juga memberikan petunjuk ketetapan tersebut kepada makhluk-Nya. Ketetapan Allah SWT telah ada sebelum segala sesuatu tersebut diciptakan (Katsir, 2014). Misalnya, pada penelitian ini Allah menetapkan adanya pita polimorfik dan monomorfik sesuai dengan ukurannya. Dengan demikian, jumlah pita yang dihasilkan berbeda pada masing-masing primer yang digunakan. Setiap sampel yang diamati pada primer yang berbeda juga menunjukkan ukuran rentang pita yang bervariasi. Penelitian mengenai karakter mangga yang

dilakukan ini merupakan salah satu bentuk amal soleh, seperti yang disebutkan dalam firman Allah SWT Quran surah Al-Imran [3] ayat 190-191:

إِنَّ فِي خَلْقِ السَّمَاوَاتِ وَالْأَرْضِ وَاخْتِلَافِ اللَّيْلِ وَالنَّهَارِ لَآيَاتٍ لِأُولِي الْأَلْبَابِ ۚ
الَّذِينَ يَذْكُرُونَ اللَّهَ قِيَامًا وَقُعُودًا وَعَلَىٰ جُنُوبِهِمْ وَيَتَفَكَّرُونَ فِي خَلْقِ السَّمَاوَاتِ
وَالْأَرْضِ رَبَّنَا مَا خَلَقْتَ هَذَا بَاطِلًا سُبْحَانَكَ فَقِنَا عَذَابَ النَّارِ ۚ

“Sesungguhnya dalam penciptaan langit dan bumi, dan silih bergantinya malam dan siang terdapat tanda-tanda bagi orang-orang yang berakal (190). (yaitu) orang-orang yang mengingat Allah sambil berdiri atau duduk atau dalam keadan berbaring dan mereka memikirkan tentang penciptaan langit dan bumi (seraya berkata): "Ya Tuhan kami, tiadalah Engkau menciptakan ini dengan sia-sia, Maha Suci Engkau, maka peliharalah kami dari siksa neraka (191)” (Q.S Al-Imron [3]: 190-191).

Allah SWT dengan kuasa-Nya menciptakan dan mengendalikan segala sesuatu yang Dia kehendaki. Penciptaan segala sesuatu tersebut menjadi tanda-tanda bagi mukmin yang berakal. Seorang mukmin yang berakal memiliki ciri seperti tersebut dalam Q.S Al-Imran ayat 191. Mereka selalu berdzikir dan mengingat Allah SWT dalam kondisi apapun baik dalam lisan, hati, maupun jiwa mereka. Orang-orang tersebut memahami adanya hikmah dalam penciptaan segala sesuatu. Allah menunjukkan kebesaran, kekuasaan, pengetahuan, dan rahmat-Nya (Katsir, 2014). Begitu pula dalam penciptaan macam-macam tumbuhan, salah satunya buah mangga merupakan tanda-tanda kekuasaan Allah. Apabila umat manusia senantiasa memperhatikan, mengamati, dan memahami tanda-tanda kekuasaan Allah tersebut, maka umat tersebut termasuk dalam golongan *ulul albab*, yaitu orang yang menjaga pikir, zikir, dan amal sholeh.

Tabel 4.3. Hasil analisis variasi genetik klon mangga berdasarkan marka molekuler

Karakter Molekuler ISSR	
N	11 ± 0
Na	1,952 ± 0,033
Ne	1,367 ± 0,046
He	0,237 ± 0,023
%P	95,24%

Keterangan: N = jumlah sampel; Na = jumlah alel; Ne = jumlah alel efektif; He = indeks keragaman genetik; %P = persentase lokus polimorfik.

Nilai variasi genetik 11 aksesori mangga berdasarkan karakter molekuler ISSR sebesar 0,237 (Tabel 4.3.). Menurut Chesnokov dan Artemveya (2015) indeks keragaman genetik (He) dalam marka dominan maksimal sebesar 0,5. Selain itu, Irsyad (2020) menyatakan bahwa nilai $He > 0,2$ tergolong tinggi. Dengan demikian, nilai keragaman genetik berdasarkan karakter molekuler sebesar 0,237 termasuk tinggi. Nilai persentase polimorfik berdasarkan karakter molekuler menunjukkan nilai yang tergolong tinggi, yaitu 95,24%. Menurut Ajambang *et al.* (2012) persentase lokus polimorfik yang semakin tinggi menunjukkan semakin tinggi tingkat keragamannya.

4.2.2 Pengelompokan Mangga Madu Berdasarkan Karakter Molekuler

Nilai koefisien similaritas 11 klon mangga yang telah diamati berdasarkan penanda molekuler ISSR berada pada rentang nilai 0,16-0,79 (Tabel 4.4.). Nilai koefisien similaritas terendah pada 11 klon mangga yang telah diamati dimiliki oleh mangga madu banjar (Kalimantan Selatan) dan kuweni bini (Kalimantan Selatan), yaitu sebesar 0,16, sehingga jarak kekerabatan antara mangga madu banjar (Kalimantan Selatan) dan kuweni bini (Kalimantan Selatan) tergolong cukup

jauh. Nilai similaritas tertinggi dimiliki oleh mangga kuweni laki (Kalimantan Selatan) dan kuweni 51 (Pasuruan), yaitu sebesar 0,79. Hal tersebut sejalan dengan hasil karakterisasi morfologi, yang mana mangga kuweni laki (Kalimantan Selatan) dan kuweni 51 (Pasuruan) menunjukkan nilai koefisien similaritas tertinggi.

Tabel 4.4. Koefisien similaritas karakter molekuler 11 klon mangga

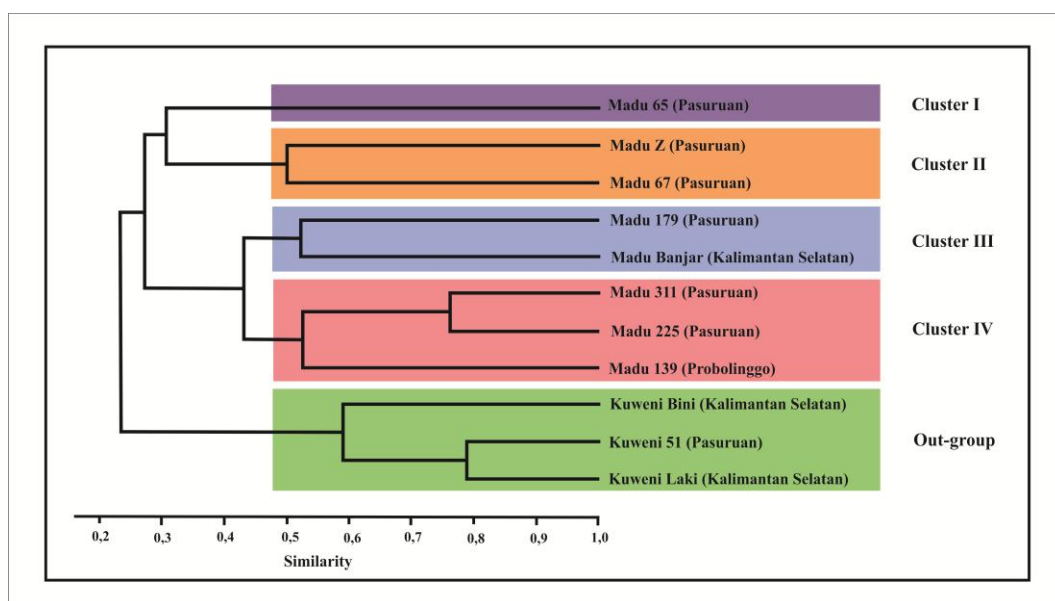
	MD 65	MD 67	MD 139	MD 179	MD 225	MD 311	MD Z	MD B	KW L	KW B	KW 51
MD 65	1										
MD 67	0,21	1									
MD 139	0,28	0,33	1								
MD 179	0,25	0,3	0,52	1							
MD 225	0,3	0,42	0,57	0,46	1						
MD 311	0,29	0,33	0,48	0,5	0,76	1					
MD Z	0,4	0,5	0,23	0,28	0,26	0,25	1				
MD B	0,21	0,2	0,43	0,52	0,27	0,42	0,17	1			
KW L	0,21	0,2	0,25	0,23	0,32	0,30	0,24	0,2	1		
KW B	0,22	0,15	0,26	0,24	0,33	0,26	0,18	0,16	0,61	1	
KW 51	0,17	0,17	0,26	0,24	0,32	0,31	0,19	0,21	0,79	0,57	1

Keterangan: MD 65 (Mangga madu 65); MD 67 (Mangga madu 67); MD 139 (Mangga madu 139); MD 179 (Mangga madu 179); MD 225 (Mangga madu 225); MD 311 (Mangga madu 311); MD Z (Mangga madu *seedling/z*); MD B (Mangga madu banjar); KW L (Kuweni laki); KW B (Kuweni bini); KW 51 (Kuweni 51).

Analisis similaritas pada delapan klon mangga madu (*in-group*) menunjukkan rentang nilai 0,17-0,76. Nilai similaritas tertinggi antar *in-group* dimiliki oleh mangga madu 225 (Pasuruan) dan mangga madu 311 (Pasuruan) yaitu sebesar 0,76, sedangkan nilai terendah dimiliki oleh mangga madu banjar (Kalimantan Selatan) dan mangga madu *seedling/z* (Pasuruan) yaitu sebesar 0,17 (Tabel 4.4.). Pratiwi (2012) menyebutkan bahwa apabila nilai koefisien similaritas

semakin mendekati satu maka individu tersebut akan semakin dekat secara genetik.

Pengelompokan 11 klon mangga ditentukan berdasarkan pada nilai minimum similaritas. Nilai minimum similaritas yang digunakan dalam pengelompokan berdasarkan karakter molekuler ini adalah $\geq 0,48$. Nilai minimum similaritas menyatakan tingkat akurasi klustering yang dilakukan (Amzeri, 2017). Dengan demikian, pengelompokan 11 klon mangga terbagi menjadi 5 cluster (Gambar 4.9.).



Gambar 4.9. Pengelompokan klon mangga berdasarkan karakter molekuler

Cluster I hanya terdiri dari klon mangga madu 65 (Pasuruan). Cluster II diisi oleh klon mangga madu *z/seedling* (Pasuruan) dan mangga madu 67 (Pasuruan). Cluster III terdiri dari mangga madu 179 (Pasuruan) dan mangga madu banjar (Kalimantan Selatan). Cluster IV diisi oleh 3 klon mangga madu, yaitu mangga madu 311 (Pasuruan), mangga madu 225 (Pasuruan), mangga madu 139

(Probolinggo). Cluster terakhir terdiri dari ketiga *out-group*, yaitu mangga kuweni bini (Kalimatan Selatan), kuweni 51 (Pasuruan), dan kuweni laki (Kalimatan Selatan).

4.2.3 Analisis Efektivitas Primer

Primer yang digunakan dalam penelitian ini terdiri dari 5 jenis, yaitu ISSR-835, ISSR-843, ISSR-848, ISSR-855, dan ISSR-5 (Tabel 4.5.). Amplifikasi menggunakan kelima primer tersebut menghasilkan 42 pita. Namun, tidak semua primer mampu menunjukkan presentase nilai polimorfik 100%. Jenis primer yang dengan presentase polimorfik 100% adalah ISSR-843, ISSR-848, dan ISSR-855. Kedua primer lain yaitu ISSR-835 dan ISSR-5 menghasilkan pita monomorfik pada panjang 900 bp dan 800 bp.

Tabel 4.5. Hasil analisis efektivitas primer

Primer	TNB	NPB	PB %	PIC	EMR	MI	RP
ISSR-835	11	10	91%	0,291	9,090	2,645	7,272
ISSR-843	10	10	100%	0,403	10	4,03	7,091
ISSR-848	9	9	100%	0,268	9	2,412	13,818
ISSR-855	9	9	100%	0,308	9	2,772	6,545
ISSR-5	3	2	67%	0,264	1,333	0,352	3,091
Jumlah				1,534	38,424	12,211	37,817
Rata-rata				0,3068	7,684	2,442	7,5634

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

Jenis primer ISSR yang digunakan dalam penelitian ini didasarkan pada penelitian sebelumnya (Adhikari *et al.*, 2014; Damodaran *et al.*, 2012; Rocha *et*

al., 2012; Tomar *et al.*, 2014). Analisis kekuatan primer dilakukan untuk mengetahui efektivitas primer dalam proses amplifikasi DNA mangga. Surahman *et al.*, (2012) menyebutkan bahwa hasil yang diperoleh pada proses amplifikasi DNA target sangat dipengaruhi oleh primer yang digunakan. Proses penggandaan yang dilakukan oleh enzim taq-polimerase hanya terjadi apabila primer yang digunakan sesuai dengan sekuen nukleotida target. Primer yang efektif dapat dilihat dari beberapa parameter, seperti *Polymorphic Information Content* (PIC), *Effective Multiplex Ratio* (EMR), *Marker Index* (MI), dan *Resolving Power* (RP) (Adhikari *et al.*, 2014; Chesnokov & Artemyeva, 2015).

Parameter *Polymorphic Information Content* (PIC) pada penelitian ini berkisar antara nilai 0,264-0,403 (Tabel 4.5.). Primer dengan nilai PIC terendah adalah ISSR-5, sedangkan primer dengan nilai PIC tertinggi adalah ISSR-843. Dengan demikian, primer ISSR-843 dapat digunakan untuk mengetahui keragaman genetik klon mangga madu yang diamati karena nilai PIC yang tinggi. Primer yang baik ditunjukkan dengan nilai PIC yang semakin tinggi, yaitu mendekati 0,5. Pendapat tersebut sesuai dengan Probojati *et al.*, (2019) yang menyatakan bahwa nilai PIC berkisar antara 0-0,5, yang mana semakin tinggi nilai PIC maka semakin baik suatu primer yang digunakan untuk mengetahui adanya variasi genetik.

Analisis selanjutnya adalah parameter *Effective Multiplex Ratio* (EMR). Jumlah pita polimorfik dari setiap primer perlu diketahui untuk menghitung nilai EMR. Primer ISSR-843 merupakan primer dengan nilai EMR tertinggi, yaitu sebesar 10. Nilai EMR terendah sebesar 1,333 dimiliki oleh primer ISSR-5. Hal tersebut berbanding lurus dengan jumlah nilai polimorfik. Presentase nilai

polimorfik primer ISSR-843 adalah 100%, sedangkan ISSR-5 hanya 67%. Struktur pita polimorfik pada primer ISSR-843 sangat beragam, yaitu 300 bp, 500 bp, 650 bp, 700 bp, 750 bp, 800 bp, 900 bp, 1250 bp, 1300 bp, dan 1500 bp. Chesnokov & Artemyeva (2015) menyatakan bahwa primer yang semakin baik ditunjukkan dengan nilai *Effective Multiplex Ratio* (EMR) yang semakin tinggi. Dengan demikian, primer ISSR-843 merupakan primer terbaik pada parameter EMR.

Marker Index (MI) merupakan parameter yang diperoleh dari perkalian *Polymorphic Information Content* (PIC) dengan *Effective Multiplex Ratio* (EMR). Nilai *Marker Index* pada penelitian ini berkisar antara 0,352-4,03. Primer dengan nilai MI terendah adalah ISSR-5, sedangkan primer dengan nilai MI tertinggi adalah ISSR-843. Nilai *Marker Index* (MI) berbanding lurus dengan keefektifan suatu primer. Semakin tinggi nilai *Marker Index* (MI), maka semakin efektif primer tersebut saat digunakan (Chesnokov & Artemyeva, 2015).

Parameter terakhir adalah *Resolving Power* (RP) yang mampu menunjukkan kemampuan primer untuk membedakan pita DNA antar genotipe (Chesnokov & Artemyeva, 2015). Kelima jenis primer yang digunakan menunjukkan nilai RP yang berkisar antara 3,091-13,818. Primer ISSR-848 merupakan primer dengan nilai *Resolving Power* (RP) tertinggi. Kayis *et al.*, (2010) menyebutkan bahwa informasi dari genotip yang dianalisis berbanding lurus dengan nilai RP yang ditunjukkan oleh primer yang digunakan, semakin tinggi nilai RP maka semakin tinggi polimorfisme. Dengan demikian, primer ISSR-848 merupakan primer terbaik sesuai dengan parameter *Resolving Power* (RP).

4.3 Konsistensi Pengelompokan Klon Mangga Madu Berdasarkan Karakter

Morfologi dan Marka Molekuler

Pengelompokan berdasarkan marka molekuler belum mampu mengelompokkan masing-masing klon mangga madu dari asal daerah yang sama. Sehingga pengelompokan berdasarkan penanda ISSR yang telah dianalisis berbeda dengan pengelompokan berdasarkan karakter morfologi. Penelitian Kheshin *et al.* (2016) juga menunjukkan hasil pengelompokan mangga yang berbeda antara marka morfologi dan molekuler. Hal tersebut dimungkinkan terjadi karena karakter yang diamati dalam penelitian ini hanya karakter morfologi pohon dan daun. Begum *et al.* (2014) menyatakan bahwa variabilitas mangga dapat diamati dari karakter buahnya. Selain itu, visualisasi DNA klon mangga menunjukkan hasil yang kurang begitu jelas. Beberapa sampel menunjukkan hasil pita *smear* sehingga tidak terbaca dengan baik. Langga (2012) menyebutkan bahwa kemurnian DNA sampel mempengaruhi terjadinya proses penempelan primer, sehingga berdampak pada hasil visualisasi DNA.

Hasil visualisasi menunjukkan pita DNA juga tidak muncul pada 3 sampel, yaitu pada klon mangga madu 65 (Pasuruan) dan z (Pasuruan) menggunakan primer ISSR-843 (Lampiran 10.) dan klon mangga madu 67 (Pasuruan) menggunakan primer ISSR-855 (Lampiran 11.). Proses pemilihan primer berpengaruh dalam keberhasilan amplifikasi DNA klon mangga madu. Surahman *et al.* (2012) menyatakan bahwa proses amplifikasi tidak akan terjadi apabila primer yang dipilih atau digunakan tidak komplemen dengan sekuen nukleotida target. Selain itu, *human error* juga dapat menjadi salah satu faktor proses amplifikasi tidak terjadi sehingga pita DNA tidak muncul.

BAB V PENUTUP

5.1 Kesimpulan

Kesimpulan pada penelitian ini yaitu:

1. Karakterisasi klon mangga madu berdasarkan karakter morfologi menunjukkan 11 karakter beragam dan 9 karakter seragam yang mana klon mangga madu tersebut terbagi dalam 4 kelompok dengan nilai variasi genetik sebesar 0,197.
2. Karakterisasi klon mangga madu berdasarkan karakter molekuler ISSR menggunakan 5 primer menghasilkan pita polimorfik, pita monomorfik, dan *band* unik, sehingga terbagi dalam 4 kelompok dengan nilai variasi genetik sebesar 0,237.
3. Pengelompokan klon mangga madu berdasarkan marka morfologi dan molekuler menunjukkan hasil yang tidak konsisten.

5.2 Saran

Saran pada penelitian ini, yaitu karakterisasi morfologi perlu dilakukan pada organ bunga dan buah klon mangga, sehingga dapat diketahui karakter yang lebih beragam, selain itu perlu dilakukan karakterisasi dengan menggunakan primer ISSR yang lebih bervariasi sehingga dapat dihasilkan data yang lebih baik lagi.

DAFTAR PUSTAKA

- Abdelmigid, H. M. (2012). Efficiency of random amplified polymorphic DNA (RAPD) and inter-simple sequence repeats (ISSR) markers for genotype fingerprinting and genetic diversity studies in canola (*Brassica napus*). *African Journal of Biotechnology*, 11(24), 6409–6419.
- Adhikari, S., Saha, S., Bandyopadhyay, T. K., & Ghosh, P. (2015). Efficiency of ISSR marker for characterization of Cymbopogon germplasms and their suitability in molecular barcoding. *Plant systematics and evolution*, 301(1), 439-450.
- Agmalaro, M. A., Kustiyo, A., & Akbar, A. R. (2013). Karakterisasi tanaman buah tropika berdasarkan tekstur permukaan daun menggunakan jaringan syaraf tiruan. *Jurnal Ilmu Komputer Agri-Informatika*, 2(2), 73–82.
- Ajambang, W., Sudarsono, D. Asmono, N. Toruan. (2012). Microsatellite markers reveal Cameroon's wild oil palm population as a possible solution to broaden the genetic base in the Indonesia-Malaysia oil palm breeding programs. *Afr. J. Biotechnol*, 11, 13244-13249.
- Akin-Idowu, P. E., Adebo, U. G., Egbekunle, K. O., Olagunju, Y. O., Aderonmu, O. I., & Aduloju, A. O. (2020). Diversity of mango (*Mangifera indica* L.) cultivars based on physicochemical, nutritional, antioxidant, and phytochemical traits in South West Nigeria. *International Journal of Fruit Science*, 20(2), 1-26.
- Alcasid, C. E., Gueco, L. S., & Valencia, L. D. (2015). Diversity analysis based on morphological traits of different mango accessions collected from selected areas in the Philippines. *Asian Journal of Agriculture and Food Sciences*, 3(6), 628-636.
- Amzeri, A., Indradewa, D., Daryono, B. S., & Rachmawati, D. (2011). Kekerabatan Jagung (*Zea mays* L.) Lokal Madura Berdasarkan Karakter Morfologi dan Penanda RAPD. *Biota*. 16(2): 227-235.
- Angio, M. H., & Irawanto, R. (2019). Pendataan Jenis Buah Lokal Indonesia Koleksi Kebun Raya Purwodadi. *Jambura Edu Biosfer Journal*, 1(2), 41–46.
- 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.
- At-Thabari. (2007). *Tafsir Ath-Thabari Jilid 15*. Terjemahan oleh Syaikh Ahmad Muhammad Syakir dan Syaikh Mahmud Muhammad Syakir. Pustaka Azzam. Jakarta.
- Ath-Thabari, Abu Ja'far Muhammad bin Jarir. (2009). *Jami' Al-Bayan at Ta'wil Ayi Al-Qur'an*, penerjemah: Abdul Somad, Yusuf Hamdani, dkk, jilid 3, 12, 13, 21. Pustaka Azzam. Jakarta.
- Badan Pusat Statistik. (2016). *Statistik Produksi Tanaman Buah-Buahan*. Badan Pusat Statistik. Jakarta.

- Badan Pusat Statistik. (2017). *Statistik Produksi Tanaman Buah-Buahan*. Badan Pusat Statistik. Jakarta.
- Badan Pusat Statistik.(2018). *Statistik Produksi Tanaman Buah-Buahan*. Badan Pusat Statistik. Jakarta.
- Badan Pusat Statistik.(2019). *Statistik Produksi Tanaman Buah-Buahan*. Badan Pusat Statistik. Jakarta.
- Badan Pusat Statistik. (2020). *Statistik Produksi Tanaman Buah-Buahan*. Badan Pusat Statistik. Jakarta.
- Bally, I. S. . (2006). *Mangifera indica* (Mango). *Species Profiles for Pacific Island Agroforestry*, 4(7), 1–25.
- Begum, H., Reddy, M. T., Malathi, S., Reddy, B. P., Arcahk, S., Nagaraju, J., & Siddiq, E. A. (2012). Molecular analysis for genetic distinctiveness and relationships of indigenous landraces with popular cultivars of mango (*Mangifera indica* L.) in Andhra Pradesh, India. *The Asian and Australasian Journal of Plant Science and Biotechnology*, 6(1), 24-37.
- Begum, H., Reddy, M. T., Malathi, S., Reddy, B. P., Narshimulu, G., Nagaraju, J., & Siddiq, E. A. (2014). Morphological and microsatellite analysis of intravarietal heterogeneity in ‘Beneshan’ mango (*Mangifera indica* L.). *International Journal of Agricultural and Food Research*, 3(2), 16-33.
- Chesnokov, Y. V., & Artemyeva, A. M. (2015). Evaluation of the measure of polymorphism information of genetic diversity. *Agricultural Biology*, 50(5), 571-578.
- Cronquist, A. (1981). *An Integrated System of Classification of Flowering Plant*. Columbia University Press.
- 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.
- Dar, M. S., Oak, P., Chidley, H., Deshpande, A., Giri, A., & Gupta, V. (2016). Nutrient and flavor content of mango (*Mangifera indica* L.) cultivars: an appurtenance to the list of staple foods. In *Nutritional composition of fruit cultivars* (pp. 445-467). Academic Press.
- Dinesh, M. R., Hemanth, K. V., Ravishankar, K. V., Thangadurai, D., Narayanaswamy, P., Ali, Q., ... & Basha, S. M. (2011). *Mangifera*. In *Wild crop relatives: genomic and breeding resources* (pp. 61-74). Springer, Berlin, Heidelberg.
- Ellegren, H., & Galtier, N. (2016). Determinants of genetic diversity. *Nature Reviews Genetics*, 17(7), 422-433.
- Fitmawati, F., Hartana, A., & Purwoko, B. S. (2009). Taksonomi mangga budidaya Indonesia dalam praktik. *Indonesian Journal of Agronomy*, 37(2), 130-137.
- Fitriana, R. A., Yulistyarini, T., Soegianto, A., & Ardiarini, N. R. (2018). Hubungan Kekerabatan Plasma Nutfah Bambu Koleksi Kebun Raya Purwodadi Berdasarkan Karakter Morfologi. *Jurnal Produksi Tanaman*. 5(5): 812-820.
- Govindaraj, M., Vetriventhan, M., & Srinivasan, M. (2015). Importance of

- genetic diversity assessment in crop plants and its recent advances: An overview of its analytical perspectives. *Genetics Research International*, 2015(1–14).
- Gusmiati, L. H., Hapsari, L., & Wahyudi, D. (2018). Keberagaman dan pengelompokan morfologi 10 pisang olahan (Musa cv. Grup abb) koleksi Kebun Raya Purwodadi - LIPI. *Floribunda*, 5(8), 299–314.
- Hani, R. C., & Milanda, T. (2016). Review: Manfaat antioksidan pada tanaman buah di Indonesia. *Farmaka*, 14(1), 184–190.
- Haryanti, Sri Esti, Rimta Terra Rosa Pinem, Nur Eva Hayati, Wiwi Sutiwi, Fahrudin, Irma Santi, Roni Ramadan, Slamet Syaifuddin. (2013). *Pedoman Teknis Penilaian Proses Produksi Benih Florikultura*. Kementerian Pertanian. Jakarta.
- Hasanuddin. (2018). *Botani Tumbuhan Tinggi*. Syiah Kuala University Press. Banda Aceh.
- Hayward, A. C., Tollenaere, R., Dalton-Morgan, J., & Batley, J. (2015). Molecular marker applications in plants. *Plant Genotyping*, 13-27.
- Hetharie, Helen, Simon Hadi Teguh Raharjo, Edizon Jambormias. (2018). Pengelompokan klon-klon ubi jalar berdasarkan analisis gerombol, komponen utama, dan biplot dari karakter morfologi. *J. Agron Indonesia*, 46(3), 276-282.
- Hidayat, T., Pancoro, A., Kusumawaty, D., & Eiadthong, W. (2011). molecular diversification and phylogeny of *Mangifera* (Anacardiaceae) in Indonesia and Thailand. *International Journal on Advanced Science, Engineering and Information Technology*, 1(1), 88.
- Hollingsworth, P. M., Graham, S. W., & Little, D. P. (2011). Choosing and using a plant DNA barcode. *PLoS ONE*, 6(5), 1–13.
- 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, T. I. P. G. R. I. (2006). Descriptors for Mango (*Mangifera indica*). In *International Plant Genetic Resources Institute (IPGRI)*. International Plant Genetic Resources Institute (IPGRI).
- Irsyad, A. F., Rindyastuti, R., Yulistyarini, T., Darmayanti, A. S., & Daryono, B. S. (2020). Genetic variation of agarwood producing tree (*Gyrinops versteegii*) from Pongkor, Manggarai District, Flores Island, Indonesia using ISSR molecular markers. *Biodiversitas Journal of Biological Diversity*, 21(2).
- Jagarlamudi, S., G, R., Kurapati, R. K., & Pinnamaneni, R. (2011). Molecular identification of Mango, *Mangifera indica* L. var. Totupura. *Bioinformation*, 5(10), 405–409.
- Jazairi, Syaikh Abu Bakar Jabir. (2007). *Tafsir al-Quran Al-Aisar Jilid 4*, Terjemahan oleh Suratman dan Fityan Amali. Darus Sunnah Press. Jakarta.
- Juliantari, E., Fitmawati, & Sofiyanti, N. (2018). Phylogeny of mango (*Mangifera*) in Eastern Sumatra using molecular markers of cpDNA rbcL. *International Journal of Science and Applied Technology*
- Katsir, Ibnu. (2014). *Tafsir Ibnu Katsir*. Terjemahan oleh M. Abdul Ghoffar dan Abu Ihsan al-Atsari. Pustaka Imam Syafi'i. Jakarta.

- Kayis, S.A., Hakki, E. E., Pinarkara, E. (2010). Comparison of effectiveness of ISSR and RAPD markers in genetic characterization of seized marijuana (*Cannabis sativa* L.) in Turkey. *Afr. J. Agric. Res*, 5(21), 2925-2933.
- Keputusan Menteri Pertanian. (2007). *Deskripsi Mangga Varietas Madu* 225. Nomor: 481/Kpts/SR.120/9/2007. Tanggal: 5 September 2007.
- 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.
- 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). Clonal variability in mango (*Mangifera indica* L.) orchards cv. Dashehari. *Annals of Plant and Soil Research*, 21(2), 193–199.
- Kostermans, A. J. G. ., & Bompard, J. . (1993). The Mangoes : Their Botany, Nomenclature, Horticulture and Utilization. In *Academic Press*. Academic Press.
- 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., Ponnuswami, V., Nagarajan, P., Jeyakumar, P., & Senthil, N. (2013). Molecular characterization of ten mango cultivars using simple sequences repeat (SSR) markers. *African Journal of Biotechnology*, 12(47), 6568–6573.
- Kusmana, C., & Hikmat, A. (2015). The biodiversity of flora in Indonesia. *Jurnal Pengelolaan Sumberdaya Alam Dan Lingkungan*, 5(2), 187–198.
- Kusumo, Surachmat, Soehendro, Poernomo, Suminto. (1975). *Mangga* (*Mangifera indica* L.). Lembaga Penelitian Hortikultura. Jakarta.
- Langga, Indah Fajarwati, Muh. Restu, Tutik Kuswinanti. 2012. Optimalisasi suhu dan lama inkubasi dalam ekstraksi tanaman bitti (*Vitex cofassus* Reinw) serta analisis keragaman genetik dengan teknik RAPD-PCR. *J. Sains & Teknologi*, 12(3), 265-276.
- Lemey, P., Salemi, M., & Vandamme, A. M. (2009). The Phylogenetic Handbook Second Edition: A Practical Approach to Phylogenetic Analysis and Hypothesis Testing. In *Cambridge University Press*. Cambridge University Press.
- Li, L., Ma, X. W., Zhan, R. L., Wu, H. X., Yao, Q. S., Xu, W. T., ... & Wang, S. B. (2017). Profiling of volatile fragrant components in a mini-core collection of mango germplasms from seven countries. *PLoS One*, 12(12), 1-14.
- Luo, C., He, X. hua, Chen, H., Ou, S. jin, Gao, M. ping, Brown, J. S., Tondo, C. T., & Schnell, R. J. (2011). Genetic diversity of mango cultivars estimated using SCoT and ISSR markers. *Biochemical Systematics and Ecology*, 39(4–6), 676–684.
- Mohapatra, S. (2015). Residue levels and dissipation behaviors for trifloxystrobin and tebuconazole in mango fruit and soil. *Environmental monitoring and*

- assessment, 187(3), 1-10.
- Majumder, D. A. N., Hassan, L., Rahim, M. A., & Kabir, M. A. (2011). Studies on physio-morphology, floral biology and fruit characteristics of mango. *Journal of the Bangladesh Agricultural University*, 9(2), 187-199.
- Mal, B., Ramanatha Rao, V., Arora, R. K., Sajise, P. E., & Sthapit, B. R. (2011). Conservation and sustainable use of tropical fruit species diversity: Bioversity's efforts in Asia, the Pacific and Oceania. *Indian Journal of Plant Genetic Resources*, 24(1), 1-22.
- Miswarti, M., Nurmala, T., & Anas, A. (2014). Karakterisasi dan kekerabatan 42 aksesori tanaman jawawut (*Setaria italica* L. Beauv). *Jurnal Pangan*, 23(2), 166–177.
- Mondini, L., Noorani, A., & Pagnotta, M. A. (2009). Assessing plant genetic diversity by molecular tools. *Diversity*, 1(1), 19–35.
- Moulin, M. M., Rodrigues, R., Gonçalves, L. S. A., Sudré, C. P., & Pereira, M. G. (2012). A comparison of RAPD and ISSR markers reveals genetic diversity among sweet potato landraces (*Ipomoea batatas* (L.) Lam.). *Acta Scientiarum. Agronomy*, 34(2), 139–147.
- Mukherjee, S. K., & Litz, R. E. (2009). The Mango : Botany, Production, And Uses second edition. In *CAB International Publisher*. CAB International Publisher.
- Nachimuthu, V. V., Robin, S., Sudhakar, D., Raveendran, M., Rajeswari, S., & Manonmani, S. (2014). Evaluation of rice genetic diversity and variability in a population panel by principal component analysis. *Indian journal of Science and Technology*, 7(10), 1555-1562.
- 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.
- Nilasari, A., Heddy, S., & Wardiyati, T. (2013). Karakterisasi keragaman morfologi daun mangga (*Mangifera indica* L.) pada tanaman hasil persilangan antara varietas Arumanis 143 dengan Podang Urang umur 2 tahun. *Jurnal Produksi Tanaman*, 1(1), 61–69.
- Nwangburuka, C.C., O. B. Kehinde, D. K. Ojo, O. A. Denton, A. R. Popoola. (2011). Morphological classification of genetic diversity in cultivated okra, *Abelmoschus esculentus* (L) Moench using principal component analysis (PCA) and single linkage cluster analysis (SLCA). *African Journal of Biotechnology* 10(54), 11165-11172.
- Orwa, C., A. Mutua., Kindt R., Jamnades. R., S. Anthony. (2009). *Agroforestry Database: A Reference and Selection Guide*. Version 4.0
- Parvez, G. M. (2016). Pharmacological activities of mango (*Mangifera indica*): A review. *Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry*, 5(3), 1-7.
- Peakall, R., & Smouse, P. E. (2012). GenALEx 6.5: Genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research-an update. *Bioinformatics*, 28(19), 2537–2539.
- Pinar, H., Uzun, A., Unlu, M., Bircan, M., Gulsen, O., Yilmaz, C., & Gubbuk, H. (2015). Identification of banana accessions sampled from subtropical region of Turkey using srp markers. *Bulgarian Journal of Agricultural Science*, 21(2), 270–276.
- Pracaya, Ir. (2011). *Bertanam Mangga*. Penebar Swadaya. Jakarta.

- Pratiwi, Y.S., D. Martanti & F. Ahmad. 2018. Genetic variation of wild *Musa acuminata* Colla from Indonesia based on RAPD and ISSR markers. *HAYATI*. 26(2), 1-18.
- Probojati, R. T., Wahyudi, D., & Hapsari, L. (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.
- Rafidah, N., Fitmawati, F., Juliantari, E., & Sofiyanti, N. (2019). Variasi intraspecies macang (*Mangifera foetida*) berdasarkan sekuen gen rbcL. *Al-Kauniah: Jurnal Biologi*, 12(1), 1–7.
- Rahadianoro, A. (2014). Keanekaragaman jenis dan potensi mangga (*Mangifera* spp., Anacardiaceae) Koleksi Kebun Raya Purwodadi. *Proceeding Seminar Nasional Biodiversitas V Surabaya*, 304–308.
- Rahayu, Dwi Anngorowati, Miftahul Jannah. (2019). *DNA Barcode Hewan dan Tumbuhan Indonesia*. Yayasan Inspirasi Ide Berdaya. Jakarta.
- Rajwana, I. A., Khan, I. A., Malik, A. U., Saleem, B. A., Khan, A. S., Ziaf, K., ... & Amin, M. (2011). Morphological and biochemical markers for varietal characterization and quality assessment of potential indigenous mango (*Mangifera indica*) germplasm. *International Journal of Agriculture and Biology*, 13(2), 151-158.
- Rhodes, & Maxted. (2016). *Mangifera casturi*, Kalimantan Mango. *The IUCN Red List of Threatened Species*, 1–6.
- Ribeiro, S., Santos, C. A. F., & Neto, F. P. L. (2013). Morphological characterization of mango (*Mangifera indica*) accessions based on Brazilian adapted descriptors. *Journal of Agricultural Science and Technology. B*, 3(11B), 798-806.
- Riupassa, P. A., Chikmawati, T., Miftahudin, M., & Suharsono, S. (2015). The molecular diversity-based ISSR of *Durio tanjungpurensis* originating from West Kalimantan, Indonesia. *Makara Journal of Science*, 19(1), 27–36.
- 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.
- Romiguier, J., Gayral, P., Ballenghien, M., Bernard, A., Cahais, V., Chenuil, A., Chiari, Y., Dernet, R., Duret, L., Faivre, N., Loire, E., Lourenco, J. M., Nabholz, B., Roux, C., Tsagkogeorga, G., Weber, A. A. T., Weinert, L. A., Belkhir, K., Bierne, N., ... Galtier, N. (2014). Comparative population genomics in animals uncovers the determinants of genetic diversity. *Nature*, 515(7526), 261–263.
- 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.
- Sani, M. A., Abbas, H., Jaafar, M. N., & Abd Ghaffar, M. B. (2018). Morphological characterisation of Harumanis Mango (*Mangifera indica* Linn.) in Malaysia. *International Journal of Environmental & Agriculture Research*, 4(1), 45–51.
- Santos, I. G. D., Carneiro, V. Q., Silva Junior, A. C. D., Cruz, C. D., & Soares, P.

- C. (2019). Self-organizing maps in the study of genetic diversity among irrigated rice genotypes. *Acta Scientiarum. Agronomy*, 41, 1-9.
- Santoso, Amir Pandji, Nur Eva Hayati, Sri Esti Haryanti, Fahrudin, Endro Sukoco, Syaifuddin. (2008). *Pedoman Penilaian Pohon Induk Tanaman Buah*. Direktorat Jenderal Hortikultura. Jakarta
- Sari, V., Miftahudin, & Sobir. (2017). Keragaman genetik bawang merah (*Allium cepa* L.) berdasarkan marka morfologi dan ISSR. *Jurnal Agron Indonesia*, 45(2), 175–181.
- Schnell, R. J., Ronning, C. M., & Knight, R. J. (1995). Identification of cultivars and validation of genetic relationships in *Mangifera indica* L. using RAPD markers. *Theoretical and Applied Genetics*, 90(2), 269–274.
- Sembiring, M. B., Rahmi, D., Maulina, M., Tari, V., Rahmayanti, R., & Suwardi, A. B. (2020). Karakterisasi 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., Karyono, T. Supriatun, A. Karuniawan. (2013). Analisis keragaman genetik kerabat liar ui jalar asal Citatah sebagai sumber gen untuk merakit ubi jalar unggul berdasarkan karakter morfologi. *Jurnal Biodjati* 3(1), 14-20.
- Sharma, B. G., Albert, S., & Dhaduk, H. K. (2012). Petiolar anatomy as an aid to the identification of *Mangifera indica* L. varieties. *Int. J. Emerg. Trends sci. technol.*, 144.
- Simpson, M. G. (2006). *Plants Systematics*. Elsevier Academic Press.
- Singh, S. K., Singh, A., Nath, V., Parthasarathy, V., Sthapit, B., Rajan, S., & Vinoth, S. (2015). Genetic diversity in seedling populations of mango. *Indian Journal of Plant Genetic Resources*, 28(1), 123-131.
- Soliman, M. I., Zaghloul, M. S., & Heikal, Y. M. (2014). Genetic variation within and among three Egyptian *Mesembryanthemum* species using different genetic markers. *Egyptian journal of basic and applied sciences*, 1(3-4), 127-135.
- Son, J. H., Park, K. C., Lee, S. Il, Kim, J. H., & Kim, N. S. (2012). Species relationships among *Allium* species by ISSR analysis. *Horticulture Environment and Biotechnology*, 53(3), 256–262.
- 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. *Genetic and Molecular Research Journal* 10(4), 3080-3089.
- Subositi, D., & Mujahid, R. (2013). Karakterisasi genetik tempuyung (*Sonchus arvensis* L.) berdasarkan penanda molekuler *sequence-related amplified polymorphism*. *Jurnal Biologi Indonesia*, 9(2), 167–174.
- Sulassih, Sobir, & Santosa, E. (2013). Phylogenetic analysis of mangosteen (*Garcinia mangostana* L.) and its relatives based on morphological and inter simple sequence repeat (ISSR) markers. *Sabrao Journal of Breeding and Genetics*, 45(3), 478–490.

- Sulistiyowati, L., & Natawidjaja, R. (2016). Commercialization determinant of mango farmers in West Java-Indonesia. *Ijaber*, 11(11), 7537-7557.
- Suparman, P. A., & Hidayat, T. (2013). Phylogenetic analysis of *Mangifera* based on rbcL sequences, chloroplast DNA. *Sci Papers Ser B Hort*, 57, 235-240.
- Surahman, M., Giyanto, A. Takdir, A. Hipi. (2012). Evaluasi kemurnian genetik dengan marka mikrosatelit dan aplikasi rizobakteria untuk meningkatkan produksi dan mutu benih jagung hibrida. *Indonesia J. Agric. Sci*, 17(1), 22-34.
- Tasliah, T., Karsinah, K., & Prasetyono, J. (2016). Keragaman sebelas klon mangga komersial Indonesia. *Jurnal Hortikultura*, 26(1), 31-40.
- Tjitrosoedirdjo, S. S., & Chikmawati, T. (2014). *Taksonomi tumbuhan tinggi*. Universitas Terbuka.
- Tjitrosoepomo, Gembong. (2011). *Morfologi Tumbuhan*. Universitas gadjah Mada Press. Yogyakarta.
- Tomar, Rukam S., .P Gajera, R.R. Viradiya, S.V Patel, B.A Golakiya. (2014). Characterization of mango genotypes of Gir region based on ISSR markers. *Indian J. Hort*, 71(1), 1-5.
- Uddin, M. S., & Cheng, Q. (2015). Recent application of biotechniques for the improvement of mango research. In *Applied Plant Genomics and Biotechnology* (pp. 195-212). Woodhead Publishing.
- 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.
- Warschefsky, E. J., & von Wettberg, E. J. B. (2019). Population genomic analysis of mango (*Mangifera indica*) suggests a complex history of domestication. *New Phytologist*, 222(4), 2023–2037.
- Yadav, D., & Singh. (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.
- Zietkiewicz, E., Rafalski, A., & Labuda, D. (1994). Genome fingerprinting by simple sequence repeat (SSR)-anchored polymerase chain reaction amplification. In *Genomics*, 20(2), 176–183.

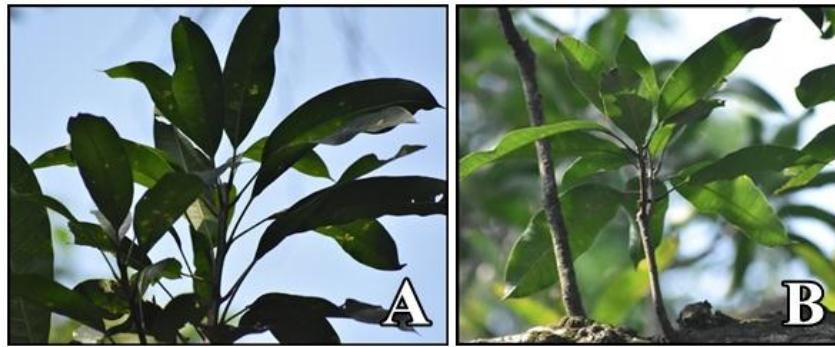
LAMPIRAN



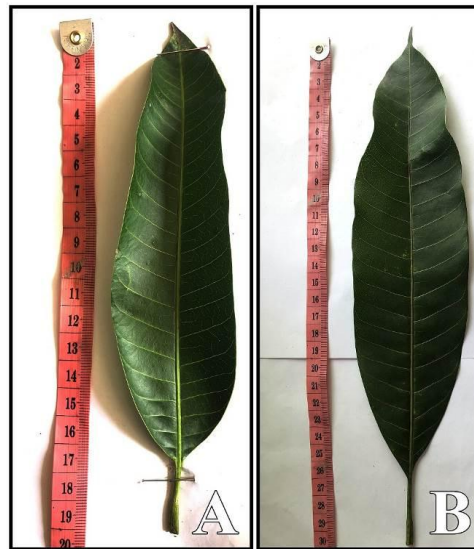
Lampiran 1. Variasi tipe pohon pada klon mangga madu. Keterangan: A) tipe pohon *seedling* pada mangga madu z dan B) tipe pohon *grafting* pada mangga madu 65



Lampiran 2. Variasi bentuk kanopi dan pertumbuhan pohon. Keterangan : A) bentuk kanopi pohon oblong dan bentuk pertumbuhan pohon tegak (*erect*) pada mangga madu 225; B) bentuk kanopi pohon *semi-circular* dan pertumbuhan pohon menyebar (*spreading*) pada mangga madu 311



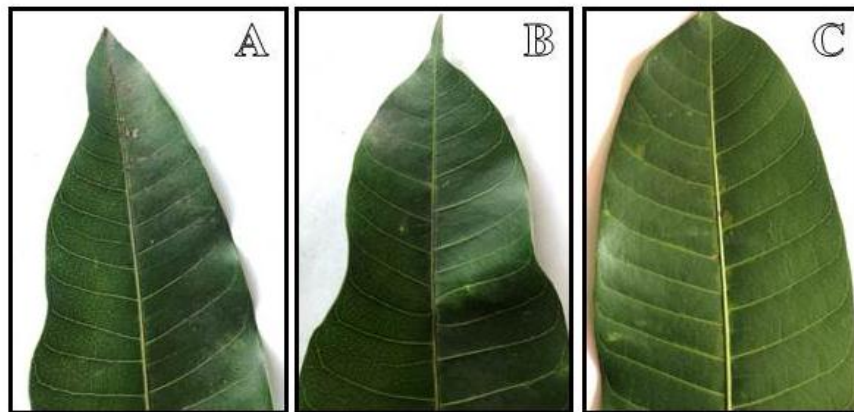
Lampiran 3. Susunan daun terhadap batang. Keterangan : A) *semi-erect* (terangkat) pada mangga madu 311, dan B) horizontal (mendatar) pada mangga madu 65



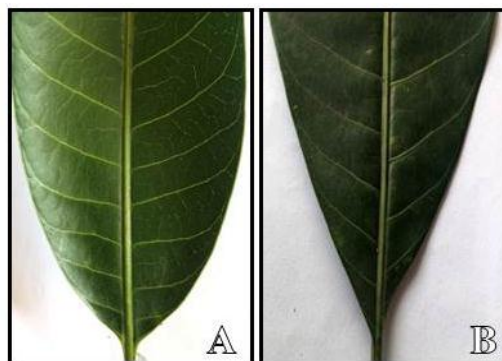
Lampiran 4. Variasi panjang daun. Keterangan : A) ukuran sedang (17-24 cm) pada mangga madu banjar, dan B) ukuran panjang (24-32 cm) pada mangga madu 179



Lampiran 5. Variasi panjang tangkai daun. Keterangan : A) ukuran pendek (2-3,5 cm) pada mangga madu banjar, B) ukuran sedang (3,5-5 cm) pada mangga madu 67, dan C) ukuran panjang (5-6,5 cm) pada mangga madu z



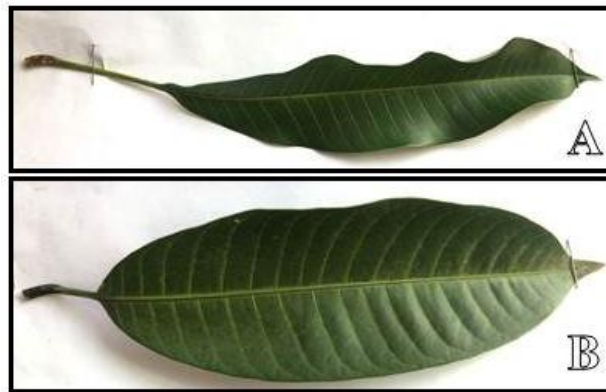
Lampiran 6. Variasi bentuk ujung daun. Keterangan : A) ujung daun runcing pada mangga madu 67, B) ujung daun meruncing pada mangga madu 179, dan C) ujung daun tumpul pada mangga kuweni 51



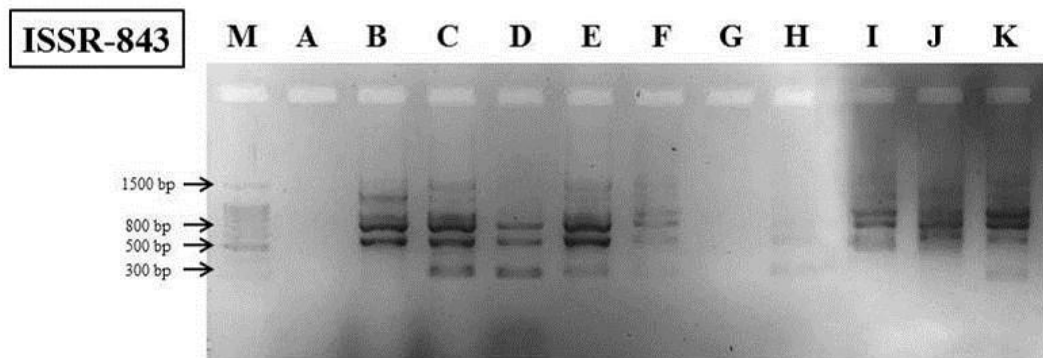
Lampiran 7. Variasi bentuk pangkal daun. Keterangan : A) pangkal daun tumpul pada mangga madu banjar, dan B) pangkal daun runcing pada mangga madu 179



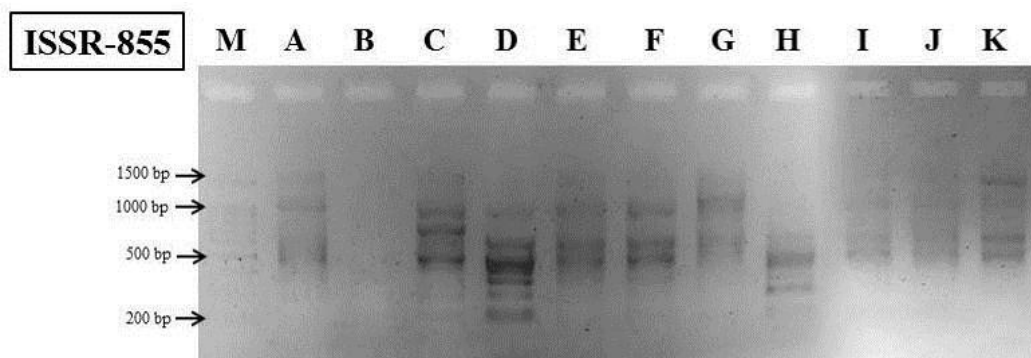
Lampiran 8. Variasi warna daun muda. Keterangan : A) hijau muda dengan semburat coklat pada mangga madu 225, B) merah bata muda pada mangga madu 65, dan C) coklat kemerahan pada mangga kuweni



Lampiran 9. Variasi bentuk helaian dan tepi daun. Keterangan : A) bentuk helaian *lanceolate* dengan tepi daun bergelombang pada mangga madu 311, dan B) bentuk helaian daun *elliptic* dengan tepi daun rata pada mangga kuweni 51

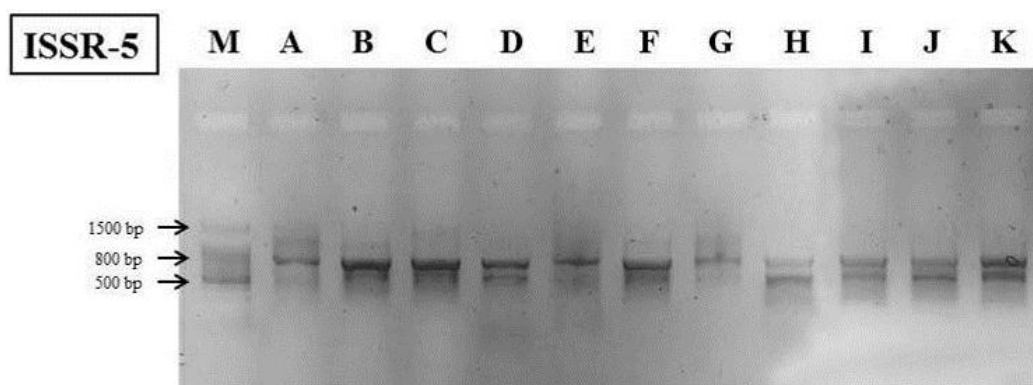


Lampiran 10. Visualisasi DNA klon mangga menggunakan primer ISSR-843. M) Marker; A) Mangga madu 65; B) Mangga madu 67; C) Mangga madu 139; D) Mangga madu 179; E) Mangga madu 225; F) Mangga madu 311; G) Mangga madu z/seedling; H) Mangga madu banjar; I) Mangga kuweni laki; J) Mangga kuweni bini; K) Mangga kuweni 51



Lampiran 11. Visualisasi DNA klon mangga menggunakan primer ISSR-855.

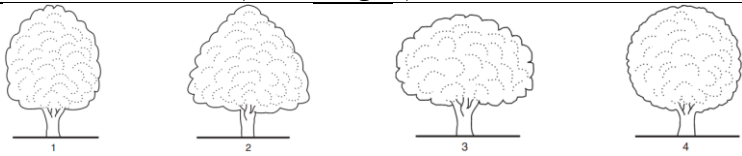
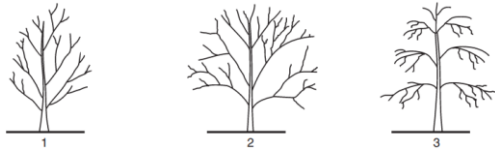
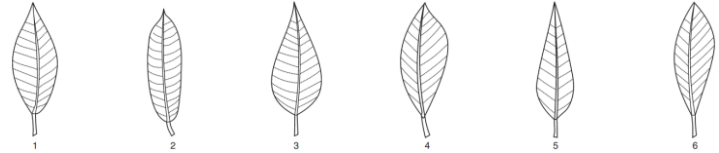
M) Marker; A) Mangga madu 65; B) Mangga madu 67; C) Mangga madu 139; D) Mangga madu 179; E) Mangga madu 225; F) Mangga madu 311; G) Mangga madu *z/seedling*; H) Mangga madu banjar; I) Mangga kuweni laki; J) Mangga kuweni bini; K) Mangga kuweni 51

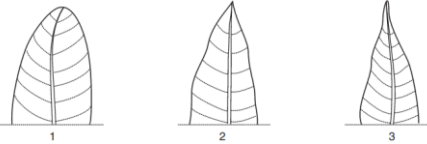
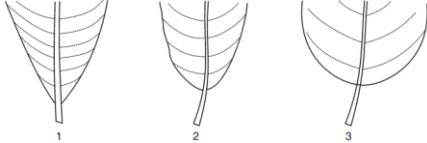


Lampiran 12. Visualisasi DNA klon mangga menggunakan primer ISSR-5.

M) Marker; A) Mangga madu 65; B) Mangga madu 67; C) Mangga madu 139; D) Mangga madu 179; E) Mangga madu 225; F) Mangga madu 311; G) Mangga madu *z/seedling*; H) Mangga madu banjar; I) Mangga kuweni laki; J) Mangga kuweni bini; K) Mangga kuweni 51

Lampiran 13. Tabel karakter morfologi mangga

No	Karakter Morfologi	Kode	Keterangan
1	Tipe Pohon	TP	1) Seedling; 2) Grafted
2	Bentuk Kanopi Pohon	BKP	 1) Oblong; 2) Broadly pyramidal; 3) Semi-circular; 4) Spherical
3	Bentuk Pertumbuhan Pohon	BPP	 1) Erect; 2) Spreading; 3) Drooping
4	Bentuk Helaian Daun	BHD	 1) Elliptic; 2) Oblong; 3) Ovate; 4) Obovate; 5) Lanceolate; 6) Oblanceolate
5	Susunan Daun Terhadap Batang	SDTB	 1) Semi-erect; 2) Horizontal; 3) Semi-drooping
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	 1) Obtuse; 2) Acute; 3) Acuminate
14	Bentuk Pangkal Daun	BPD	 1) Acute; 2) Obtuse; 3) Round
15	Bentuk Tepi Daun	BTD	 1) Rata (Entire); 2) Bergelombang (Wavy)
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)

Lampiran 14. Tabel karakterisasi mangga berdasarkan karakter morfologi

	TP	BKP	BPP	BHD	SDTB	PD*	LD*	PTD*	TPv	SATD*	LTDS	TD	BUD	BPD	BTD	ID	WADT	WBDT	WDM	AD
MD65	2	1	1	5	2	2	2	2	2	3	1	2	2	1	2	0	3	1	3	2
MD67	2	1	2	5	2	2	2	2	2	3	1	2	2	1	2	0	3	1	3	2
MD139	2	3	2	5	2	2	2	2	2	3	1	2	3	2	2	0	3	1	2	1
MD179	2	3	2	5	2	3	2	3	2	3	1	2	3	1	2	0	3	1	2	2
MD225	2	1	1	5	1	2	2	2	2	3	1	2	3	1	2	0	3	1	2	1
MD311	2	3	2	5	1	2	2	3	2	3	1	2	3	1	2	0	3	1	3	2
MDZ	1	1	1	5	1	2	2	3	2	3	1	2	3	1	2	0	3	1	2	1
MDB	2	1	2	5	2	2	1	1	2	3	1	2	2	2	2	0	3	1	2	1
KWL	2	1	1	1	2	2	2	2	2	3	1	1	2	1	1	0	3	1	4	1
KWB	2	1	1	1	2	3	3	2	2	3	1	1	1	1	1	0	3	1	4	2
KW51	2	1	1	1	2	2	2	2	2	3	1	1	3	1	1	0	3	1	4	1

Keterangan: MD65 (Mangga madu 65); MD67 (Mangga madu 67); MD139 (Mangga madu 139); MD179 (Mangga madu 179); MD225 (Mangga madu 225); MD311 (Mangga madu 311); MDZ (Mangga madu *seedling/z*); MDB (Mangga madu banjar); KWL (Kuweni laki); KWB (Kuweni bini); KW51 (Kuweni 51); TP (Tipe Pohon); BKP (Bentuk Kanopi Pohon); BPP (Bentuk Pertumbuhan Pohon); BHD (Bentuk Helaian Daun); SDTB (Susunan Daun Terhadap Batang); PD (Panjang Daun); LD (Lebar Daun); PTD (Panjang Tulang Daun); TPv (Tipe Pelvinus); SATD (Sudut Antar Tulang Daun); 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); WDM (Warna Daun Muda); AD (Aroma Daun).

Karakter bertanda (*) merupakan karakter kuantitatif dengan kriteria sebagai berikut:

Kriteria Skoring	PD	LD	PTD	SATD
1	11-17 cm	3-5 cm	2-3,5 cm	<45°
2	17-24 cm	5-7 cm	3,5-5 cm	45-60°
3	24-32 cm	7-9 cm	5-6,5 cm	>60°

Lampiran 15. Tabel analisis PCA

	PC 1	PC 2	PC 3	PC 4	PC 5	PC 6	PC 7	PC 8	PC 9	PC 10
Tipe pohon	-0,03	0,04	0,23	-0,12	0,20	0,03	0,53	-0,42	-0,05	-0,34
Bentuk kanopi pohon	0,20	0,75	0,15	-0,32	0,0	-0,27	0,11	0,10	-0,30	-0,08
Bentuk pertumbuhan pohon	0,14	0,15	0,32	-0,25	0,17	0,06	-0,53	-0,30	0,61	-0,14
Bentuk helaian daun	0,82	-0,19	0,13	0,23	0,14	-0,03	0,10	0,12	-0,01	0,00
Susunan daun terhadap batang	-0,08	-0,03	0,38	-0,22	-0,04	0,63	0,13	0,60	0,05	-0,17
Panjang daun	-0,04	0,19	0,20	0,13	-0,56	0,29	0,02	-0,35	-0,04	0,27
Lebar Daun	-0,10	0,19	0,03	0,31	-0,27	-0,35	0,40	0,28	0,65	-0,08
Panjang tangkai daun	0,07	0,42	-0,29	0,38	-0,05	0,16	-0,39	0,21	-0,10	-0,23
Tipe pelvis	2,2128E-29	3,0444E-23	-7,83E-22	-	-	2,0482E-17	-	-	-	3,0918E-18
				2,5435E-21	3,9008E-20		2,3116E-18	1,3724E-18	1,1836E-17	
Sudut antar tulang daun sekunder	1,0261E-28	1,4319E-22	-	-	-	1,2752E-16	-	-1,491E-17	2,338E-18	7,2388E-18

			21	20	19		17			
Lekukan pada tulang daun	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Tekstur daun	0,21	-0,05	0,03	0,06	0,03	-0,01	0,03	0,03	-0,00	0,00
Bentuk ujung daun	0,16	0,24	-0,57	-0,23	0,23	0,40	0,29	-0,07	0,30	0,38
Bentuk pangkal daun	0,06	-0,1	0,14	-0,42	-0,15	-0,32	-0,01	0,26	0,01	0,53
Bentuk tepi daun	0,21	-0,05	0,03	-0,06	0,03	-0,01	0,03	0,03	-0,00	0,00
Indumentum daun	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Warna permukaan atas daun tua	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Warna permukaan bawah daun tua	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Warna daun muda	0,02	0,20	0,41	0,43	0,15	0,17	0,05	-0,12	-0,06	0,47
Aroma daun	-0,35	0,11	0,15	0,19	0,64	-0,11	-0,03	0,16	-0,01	0,20
Eigen value	5,02	1,03	0,65	0,58	0,22	0,09	0,08	0,06	0,03	0,01
% variance	64,54	13,24	8,36	7,51	2,81	1,24	1,01	0,76	0,38	0,14

Lampiran 16. Tabel karakterisasi mangga berdasarkan karakter molekuler ISSR

ISSR-835	MD65	MD67	MD139	MD179	MD225	MD311	MDZ	MDB	KWL	KWB	KW51
200 bp	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
250 bp	0	0	1	1	1	1	0	1	1	1	1
400 bp	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
500 bp	0	0	0	0	1	0	0	0	1	1	1
550 bp	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
650 bp	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1
900 bp	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1
1100 bp	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1
1200 bp	1	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0
1400 bp	0	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0
1500 bp	0	1	0	0	0	0	1	0	1	0	1

ISSR-843	MD65	MD67	MD139	MD179	MD225	MD311	MDZ	MDB	KWL	KWB	KW51
300 bp	0	0	1	1	1	1	0	1	0	0	1
500 bp	0	1	1	1	1	1	0	1	0	0	0
650 bp	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
700 bp	0	1	1	1	1	0	0	0	0	0	0
750 bp	0	0	0	0	0	1	0	1	1	0	1
800 bp	0	1	1	0	1	1	0	0	1	1	1
900 bp	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	1
1250 bp	0	1	0	0	1	1	0	0	0	0	0
1300 bp	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1
1500 bp	0	0	1	0	1	1	0	0	0	0	0

ISSR-848	MD65	MD67	MD139	MD179	MD225	MD311	MDZ	MDB	KWL	KWB	KW51
200 bp	0	1	0	1	1	1	1	0	0	0	0
250 bp	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0	0
300 bp	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
400 bp	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0
500 bp	1	1	1	1	1	1	1	1	0	0	0
550bp	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1
800 bp	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
900 bp	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
1500 bp	0	0	0	0	1	1	0	0	0	0	0

ISSR-855	MD65	MD67	MD139	MD179	MD225	MD311	MDZ	MDB	KWL	KWB	KW51
200 bp	0	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0
300 bp	0	0	1	1	0	0	0	1	0	0	0
400 bp	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	0
500 bp	1	0	1	1	1	1	0	1	1	1	1
600 bp	0	0	0	1	1	1	0	0	1	1	1
800 bp	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0
1000 bp	1	0	1	1	1	1	1	0	1	1	1
1400 bp	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
1500 bp	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

ISSR-5	MD65	MD67	MD139	MD179	MD225	MD311	MDZ	MDB	KWL	KWB	KW51
500 bp	0	0	0	0	0	0	0	0	1	1	1
600 bp	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0	0
800bp	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1	1

Keterangan: MD65 (Mangga madu 65); MD67 (Mangga madu 67); MD139 (Mangga madu 139); MD179 (Mangga madu 179); MD225 (Mangga madu 225); MD311 (Mangga madu 311); MDZ (Mangga madu *seedling/z*); MDB (Mangga madu banjar); KWL (Kuweni laki); KWB (Kuweni bini); KW51 (Kuweni 51)

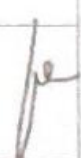
Lampiran 17. Checklist Plagiasi

Form Checklist Plagiasi

Nama : Riza Nensy Marantika

NIM : 17620053

Judul : Variabilitas Klon Mangga Madu (*Mangifera indica* L. cv. Madu) Berdasarkan Karakter Morfologi dan Marka Molekuler ISSR (*Inter-Simple Sequences 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	9%	6 Oktober 2021	



Dr. Evika Satri Savitri, M. P

NIP. 197407182003122002

Lampiran 18. Kartu Konsultasi Biologi



KEMENTERIAN AGAMA
UNIVERSITAS ISLAM BEGERI 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 : Riza Nensy Marantika
NIM : 17620053
Program Studi : S1 Biologi
Semester : Ganjil TA 2021/2022
Pembimbing : Didik Wahyudi, M.Si
Judul Skripsi : Variabilitas Klon Mangga Madu (*Mangifera indica* L. cv. Madu) Berdasarkan Karakter Morfologi dan Marka Molekuler ISSR (*Inter-Simple Sequences Repeat*)

No	Tanggal	Uraian Materi Konsultasi	Ttd. Pembimbing
1.	13 / 2 / 2021	Pengajuan proposal skripsi	
2.	20 / 2 / 2021	Simulasi presentasi proposal skripsi	
3.	23 / 2 / 2021	Revisi proposal skripsi (1)	
4.	01 / 3 / 2021	Revisi proposal skripsi (2)	
5.	05 / 3 / 2021	Simulasi presentasi proposal skripsi (2)	
6.	17 / 3 / 2021	Revisi proposal skripsi (3)	
7.	22 / 3 / 2021	ACC proposal skripsi	
8.	27 / 8 / 2021	Konsultasi hasil penelitian	
9.	04 / 9 / 2021	Presentasi hasil penelitian	
10.	10 / 9 / 2021	Presentasi hasil penelitian	
11.	17 / 9 / 2021	Konsultasi BAB IV dan V	
12.	27 / 9 / 2021	Konsultasi naskah skripsi	
13.	29 / 9 / 2021	Revisi naskah skripsi	
14.	4 / 10 / 2021	ACC naskah skripsi	

Pembimbing Skripsi,

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



Malang, 6 Oktober 2021

Ketua Program Studi,

Dr. Erika Satrio Savitri, M.P
NIP. 19731003 200312 2 002

Lampiran 19. Kartu Konsultasi Agama



KEMENTERIAN AGAMA
UNIVERSITAS ISLAM BEGERI 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 : Riza Nensy Marantika
NIM : 17620053
Program Studi : SI Biologi
Semester : Ganjil TA 2021/2022
Pembimbing : Oky Bagas Prasetyo, M.Pd.I
Judul Skripsi : Variabilitas Klon Mangga Madu (*Mangifera indica* L. cv. Madu) Berdasarkan Karakter Morfologi dan Marka Molekuler ISSR (*Inter-Simple Sequences Repeat*)

No	Tanggal	Uraian Materi Konsultasi	Ttd. Pembimbing
1.	16 / 2 / 2021	Integrasi BAB I dan BAB II	
2.	01 / 3 / 2021	Revisi integrasi BAB I dan BAB II	
3.	04 / 3 / 2021	ACC proposal	
4.	17 / 9 / 2021	Konsultasi integrasi naskah skripsi	
5.	29 / 9 / 2021	Revisi integrasi naskah skripsi	
6.	29 / 9 / 2021	ACC naskah skripsi	

Pembimbing Skripsi,

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



Malang, 1 Oktober 2021
Ketua Program Studi,

Dr. Evika Sandi Savitri, M.P
NIP. 19740118 200312 2 002