

**KERAGAMAN GENETIK PISANG (*MUSA SPP.*) DI KABUPATEN
PESAWARAN, PROVINSI LAMPUNG BERDASARKAN MARKA
MOLEKULER *SEQUENCE-RELATED AMPLIFIED POLYMORPHISM*
(SRAP)**

Skripsi

Oleh

**LENI AGUSTIN
NPM 1917021009**



**PROGRAM STUDI BIOLOGI
JURUSAN BIOLOGI
FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM
UNIVERSITAS LAMPUNG
2023**

**KERAGAMAN GENETIK PISANG (*MUSA SPP.*) DI KABUPATEN
PESAWARAN, PROVINSI LAMPUNG BERDASARKAN MARKA
MOLEKULER *SEQUENCE-RELATED AMPLIFIED POLYMORPHISM*
(SRAP)**

Oleh

LENI AGUSTIN

Skripsi

**Sebagai Salah Satu Syarat untuk Mencapai Gelar
SARJANA SAINS**

Pada

**Jurusan Biologi
Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam**



**FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM
UNIVERSITAS LAMPUNG
BANDAR LAMPUNG
2023**

ABSTRAK

KERAGAMAN GENETIK PISANG (*MUSA SPP.*) DI KABUPATEN PESAWARAN, PROVINSI LAMPUNG BERDASARKAN MARKA MOLEKULER *SEQUENCE-RELATED AMPLIFIED POLYMORPHISM* (SRAP)

Oleh

LENI AGUSTIN

Pisang (*Musa spp.*) merupakan komoditas unggulan yang memberikan kontribusi besar terhadap produksi buah-buahan nasional. Salah satu kabupaten di Provinsi Lampung yang memberikan kontribusi cukup besar terhadap produksi pisang Indonesia adalah Kabupaten Pesawaran. Keragaman genetik pisang di Kabupaten Pesawaran belum pernah dilakukan sebelumnya sehingga dibutuhkan analisis keragaman genetik demi keperluan pemuliaan pisang di masa mendatang. Marka molekuler yang digunakan dalam penelitian ini adalah *Sequence-Related Amplified Polymorphism* (SRAP). Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui keragaman genetik pisang, mengetahui kombinasi primer SRAP yang cocok digunakan untuk mengetahui keragaman genetik pisang dan mengetahui hubungan kekerabatan pisang di Kabupaten Pesawaran. Penelitian ini dilaksanakan dari bulan Januari sampai Mei 2023. Metode penelitian meliputi koleksi material DNA dari Kabupaten Pesawaran, isolasi DNA menggunakan kit isolasi *Geneaid*, uji kualifikasi DNA, amplifikasi DNA, elektroforesis produk PCR, skoring dan analisis data. Analisis kekerabatan dilakukan berdasarkan nilai indeks similaritas dan konstruksi dendogram menggunakan program NTSYS 2.0. Sebanyak 204 lokus (167 lokus polimorfik dan 37 lokus monomorfik) diperoleh dari sembilan kombinasi primer terpilih. Keragaman genetik 19 kultivar pisang yang berasal dari Kabupaten Pesawaran menghasilkan nilai keragaman genetik yang rendah, yaitu pada kisaran 0-0,27.

Kata kunci : Kabupaten Pesawaran, Keragaman genetik, Pisang, Provinsi Lampung, SRAP

ABSTRACT

GENETIC DIVERSITY OF BANANAS (*MUSA SPP.*) IN PESAWARAN DISTRICT, LAMPUNG PROVINCE BASED ON SEQUENCE RELATED AMPLIFIED POLYMORPHISM (SRAP) MARKER

By

LENI AGUSTIN

Banana (*Musa spp.*) is a leading commodity that makes a major contribution to national fruit production. One of the districts in Lampung Province which has a significant contribution to Indonesia's banana production is Pesawaran Regency. The genetic diversity of bananas in Pesawaran District has never been done before, so an analysis of genetic diversity is needed for future banana breeding purposes. The molecular marker used in this study is Sequence-Related Amplified Polymorphism (SRAP). This study aims to determine the genetic diversity of bananas, determine the suitable combination of SRAP primers to determine the genetic diversity of bananas and determine the similarity relationship of bananas in the Pesawaran District. The total genomic DNA was extracted using DNeasy Plant Mini Kit (Geneaid) according to the protocol from the manufacturer followed by their amplification using SRAP primers. Similarity analysis was carried out based on similarity index values and dendrogram construction using the NTSYS 2.0 program. A total of 204 loci (167 polymorphic loci and 37 monomorphic loci) were obtained from nine selected primer combinations. The genetic diversity of 19 banana cultivars originating from Pesawaran Regency resulted in low genetic diversity values (0-0.27).

Keywords: Bananas, Genetic diversity, Lampung, Pesawaran, SRAP

Judul Penelitian : **KERAGAMAN GENETIK PISANG (*MUSA SPP.*) DI
KABUPATEN PESAWARAN, PROVINSI LAMPUNG
BERDASARKAN MARKA MOLEKULER
*SEQUENCE-RELATED AMPLIFIED
POLYMORPHISM (SRAP)***

Nama Mahasiswa : **Leni Agustin**

Nomor Pokok Mahasiswa : 1917021009

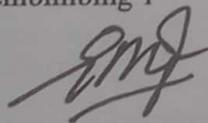
Program Studi : Biologi

Fakultas : Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam

MENYETUJUI

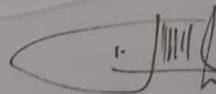
1. Komisi Pembimbing

Pembimbing 1



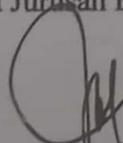
Dra. Eti Ernawati, M. P.
NIP: 196408121990032001

Pembimbing II



Dr. Lulut Dwi Sulistyarningsih, M. Si.
NIP: 198312202008012003

2. Ketua Jurusan Biologi FMIPA

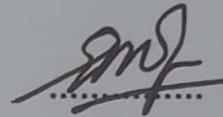


Dr. Jani Master, M. Si.
NIP: 198301312008121001

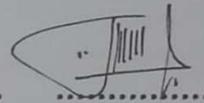
MENGESAHKAN

1. Tim Penguji

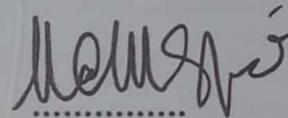
Ketua : **Dra. Eti Ernawati, M. P.**



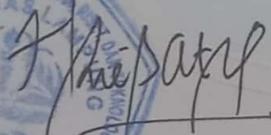
Sekretaris : **Dr. Lulut Dwi Sulistyaningsih, M. Si.**



Anggota : **Dr. Mahfut, M. Sc.**



2. Dekan Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam



Dr. Eng. Heri Satria, S. Si., M. Si.
NIP. 197110012005011002

Tanggal Lulus Ujian Skripsi : **11 Agustus 2023**

SURAT PERNYATAAN KEASLIAN SKRIPSI

Yang bertanda tangan di bawah ini :

Nama : Leni Agustin
Nomor Pokok Mahasiswa : 1917021009
Jurusan : Biologi
Fakultas : Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam
Perguruan Tinggi : Universitas Lampung

Menyatakan dengan sebenar-benarnya dan sesungguhnya, bahwa skripsi saya yang berjudul “**Keragaman Genetik Pisang (*Musa spp.*) di Kabupaten Pesawaran, Provinsi Lampung Berdasarkan Marka Molekuler *Sequence-Related Amplified Polymorphism (SRAP)***” adalah benar karya saya sendiri yang saya susun dengan mengikuti norma dan etika akademik yang berlaku. Kemudian, saya juga tidak keberatan apabila sebagian atau seluruh data dalam skripsi tersebut digunakan oleh dosen dan/atau program studi untuk kepentingan publikasi, sepanjang nama saya disebutkan.

Demikian pernyataan ini saya buat. Apabila dikemudian hari terdapat kecurangan dalam karya ini, maka saya siap mempertanggungjawabkannya.

Bandar Lampung, 25 Agustus 2023

Yang menyatakan,



Leni Agustin

NPM. 1917021009

RIWAYAT HIDUP



Leni Agustin, lahir di Tangerang, 14 Agustus 2001. Penulis merupakan anak pertama dari dua bersaudara dari pasangan Bapak Suparwanto dan Ibu Wantini. Penulis menempuh pendidikan di TK Aisyiyah Bustanul Athfal Sumberejo pada tahun 2006-2007, SDN 1 Sumberejo tahun 2007-2013, SMPN 2 Sumberejo tahun 2013-2016, dan SMAN 1 Sumberejo tahun 2016-2019. Pada tahun 2019, penulis diterima sebagai Mahasiswi Jurusan Biologi Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam Universitas Lampung melalui jalur SNMPTN.

Selama menjadi mahasiswa, penulis aktif sebagai pengurus Himpunan Mahasiswa Biologi (HIMBIO) FMIPA Unila. Tahun 2020 penulis menjadi anggota bidang ekspedisi, dan pada tahun 2021 penulis menjadi bendahara bidang ekspedisi HIMBIO FMIPA Unila. Selain itu, penulis juga aktif di organisasi eksternal kampus yaitu organisasi Keluarga Mahasiswa Nahdlatul Ulama (KMNU) Universitas Lampung. Tahun 2021 penulis menjadi sekretaris Badan Semi Otonom Seni Islam, dan tahun 2022 penulis menjadi Sekretaris Umum KMNU Unila. Setiap tahun dalam masa perkuliahan, penulis aktif mengikuti berbagai kegiatan organisasi dan kepanitiaan dalam suatu proyek yang dijalani. Pada Januari – Februari 2021, penulis melaksanakan kegiatan Praktik Kerja Lapangan (PKL) di Balai Besar Perikanan Budidaya Laut Lampung dengan judul **“Pengaruh Pemberian Pakan *Nannochloropsis* sp. dan *Haematococcus* sp. Terhadap Tingkat Kepadatan *Diaphanosoma* sp. Skala Intermediet”**. Pada Juni – Agustus 2022, penulis meaksanakan kegiatan Kuliah Kerja Nyata (KKN) di desa Argomulyo, Kecamatan Sumberejo, Kabupaten Tanggamus.

MOTTO

“Masa depan adalah milik mereka yang percaya dengan impiannya dan jangan
biarkan impian tersebut dijajah oleh pendapat orang lain”

Sesungguhnya bersama kesulitan itu ada kemudahan, maka apabila kamu telah selesai
(dari suatu urusan), tetaplah bekerja keras (untuk urusan yang lain)
(QS Al-Insyirah : 6-7)

“Dan bersabarlah kamu, sesungguhnya janji Allah adalah benar”
(Q.S Ar-Ruum : 60)

PERSEMBAHAN

Dengan menyebut nama Allah SWT dan mengucapkan syukur alhamdulillah atas karunia-Nya yang telah memberikan petunjuk dan kemudahan dalam menyelesaikan skripsi ini.

Sungguh perjalanan yang cukup panjang telah saya lalui untuk mendapatkan gelar sarjana. Karya ini ku persembahkan untuk orang-orang yang ku sayangi dan berarti dalam hidupku:

Orang tuaku, Bapak Suparwanto dan Ibu Wantini

Terima kasih atas segala kasih sayang dan doa yang selalu mengiringi setiap langkahku. Semoga bapak dan ibu sehat dan bahagia selalu.

Adikku Tersayang

Terima kasih, telah menjadi alasan untuk selalu bersemangat dan berjuang untuk mencapai segala harapan dan cita-cita.

Keluarga Besarku

Terima kasih telah memberikan dukungan dan semangat dalam setiap proses ku.

Orang-orang baik yang telah memberikan bantuan dan dukungan.

Terima kasih atas segala kebaikan yang telah diberikan, semoga menjadi keberkahan dan dihitung pahala oleh Allah SWT.

SANWACANA

Alhamdulillah, puji syukur penulis panjatkan kehadiran Allah SWT yang telah memberikan kemudahan, kesehatan serta kekuatan sehingga penulis dapat menyelesaikan Skripsi yang berjudul : **“Keragaman Genetik Pisang (*Musa spp.*) di Kabupaten Pesawaran, Povinsi Lampung Berdasarkan Marka Molekuler *Sequence Related Amplified Polymorphism* (SRAP)”** sebagai salah satu syarat untuk meraih gelar Sarjana Sains di Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam Universitas Lampung. Shalawat serta salam selalu tercurah limpahkan kepada baginda Rasulullah Muhammad SAW.

Selama proses penyusunan skripsi ini, penulis banyak menerima bantuan, arahan, dukungan, bimbingan, saran, masukan serta motivasi dari berbagai pihak. Oleh karena itu, penulis mengucapkan terima kasih kepada :

1. Kedua orang tua saya (Bapak Suparwanto & Ibu Wantini). Orang tua hebat yang selalu menjadi penyemangat saya, sebagai sandaran terkuat dari segala proses dalam kehidupan saya, yang tidak henti-hentinya memberikan kasih sayang dan motivasi. Terima kasih selalu berjuang untuk kehidupan saya. Terima kasih atas doa dan dukungannya sehingga saya dapat berada dititik ini.
2. Adik saya Alma Nur Aulia, yang menjadi sumber semangat dan selalu menghibur penulis selama proses penyusunan skripsi ini.
3. Seluruh keluarga besar yang selalu memberikan kasih sayang, doa, dukungan, semangat, dan motivasi kepada penulis.

4. Dra. Eti Ernawati, M.P. selaku dosen pembimbing I, yang telah dengan sabar membimbing, memberikan nasihat, dan arahan sehingga penulis dapat menyelesaikan skripsi ini.
5. Dr. Lulut Dwi Sulistyaningsih, M.Si. selaku pembimbing II yang telah dengan sabar memberikan arahan, bimbingan, semangat, dan nasihat kepada penulis selama penelitian sehingga skripsi ini dapat terselesaikan.
6. Dr. Mahfut, M.Sc. selaku dosen penguji yang telah memberikan saran dan masukan kepada penulis.
7. Ir. Salman Alfarisi, M.Si. selaku dosen Pembimbing Akademik.
8. Dr. Eng. Heri Satria, M.Si. selaku Dekan Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam (FMIPA) Universitas Lampung.
9. Dr. Jani Master, M.Si. selaku Ketua Jurusan Biologi FMIPA Unila.
10. Dr. Kusuma Handayani, M.Si. selaku Kepala Program Studi Biologi FMIPA Unila.
11. Seluruh dosen Jurusan Biologi FMIPA Unila, atas segala ilmu yang telah diberikan selama proses perkuliahan.
12. Seluruh staf administrasi, laboran dan pegawai Jurusan Biologi FMIPA Unila.
13. Dr. Ina Erlinawati, M.Si., Dr. Himmah Rustiami, SP. M.Sc., Dr. Deby Arifiani, M.Sc., serta peneliti di laboratorium sistematika molekuler BRIN Cibinong atas segala ilmu, bimbingan, dan pengalaman selama proses penelitian.
14. Sahabatku Dilla Nurlela, Hania Fahrani, Salimah Johariah Nuraini, Syifa Riandhani Azzaha, Siska Emilia Putri, Naila Ulya Azhari, Fersiana Riska Devilia, Siti Aisyah, Upik Mailiani, Mala Irma Pramita, dan Luthfiyan Nisha. Terima kasih telah menemani perjalanan penulis serta memberikan banyak dukungan.
15. Teman-teman penelitian di BRIN Cibinong, Siska dan Alya Sausan Fauziah yang selalu memberikan dukungan, bantuan, dan hiburan selama penelitian.

16. Keluarga besar mahasiswa Biologi FMIPA Unila angkatan 2019 yang tidak dapat penulis sebutkan satu persatu.
17. Teman-teman KMNU Unila, atas waktu dan kebersamaannya.
18. Almamater tercinta Universitas Lampung.
19. *Last but not least* diri saya sendiri, terima kasih telah berusaha keras dan berjuang sejauh ini. Mampu mengendalikan diri dari rasa malas dan berbagai tekana diluar keadaan, serta tidak pernah memutuskan untuk menyerah sesulit apapun proses penyusunan skripsi ini.

Semoga Allah membalas segala kebaikan dan keikhlasan semua pihak yang telah membantu penulis selama proses penyusunan skripsi. Penulis memohon maaf apabila masih terdapat banyak kesalahan dan kekurangan dalam skripsi ini. Semoga skripsi ini dapat bermanfaat bagi kita semua.

Bandar Lampung, 25 Agustus 2023

Penulis

Leni Agustin

DAFTAR ISI

	Halaman
DAFTAR ISI	vi
DAFTAR TABEL	viii
DAFTAR GAMBAR	ix
1. PENDAHULUAN	
1.1 Latar Belakang	1
1.2 Tujuan Penelitian.....	5
1.3 Kerangka Pemikiran	5
II. TINJAUAN PUSTAKA	
2.1 Tinjauan Umum Pisang	7
2.1.1 Sejarah Tanaman Pisang	7
2.1.2 Tata Nama dan Pengelompokkan Pisang	9
2.1.3 Morfologi Pisang	12
2.1.4 Persebaran Pisang	14
2.3 Keragaman Genetik	15
III. METODE PENELITIAN	
3.1 Waktu dan Tempat Penelitian	17
3.2 Alat dan Bahan	17
3.3 Prosedur Penelitian.....	18
3.3.1 Koleksi Sampel	18
3.3.2 Isolasi DNA	20

3.3.3 Uji Kualifikasi DNA	21
3.3.4 Amplifikasi DNA	22
3.3.5. Elektroforesis Produk PCR.....	23
3.3.6 Analisis Data	24

IV. HASIL DAN PEMBAHASAN

4.1 Hasil	25
4.1.1 Koleksi Material DNA Pisang (<i>Musa spp.</i>) di Kabupaten Pesawaran.....	25
4.1.2 Isolasi DNA Pisang (<i>Musa spp.</i>)	28
4.1.3 <i>Polymerase Chain Reaction</i> (PCR)	29
4.1.3.1 Skrining Primer	29
4.1.3.2 Amplifikasi DNA dan Visualisasi Hasil Amplifikasi	31
4.1.4 Keragaman Genetik.....	34
4.2 Pembahasan	35
4.2.1 Koleksi Material DNA Pisang (<i>Musa spp.</i>) di Kabupaten Pesawaran....	35
4.2.2 Isolasi DNA Pisang (<i>Musa spp.</i>)	36
4.2.3 <i>Polymerase Chain Reaction</i> (PCR)	37
4.2.3.1 Skrining Primer	38
4.2.3.2 Amplifikasi DNA dan Visualisasi Hasil Amplifikasi	39
4.2.4 Keragaman Genetik	40

V. SIMPULAN DAN SARAN

5.1 Simpulan	42
5.2 Saran	42

DAFTAR PUSTAKA

LAMPIRAN

DAFTAR TABEL

Tabel	Halaman
1. Primer yang digunakan	22
2. Tahapan Reaksi PCR.....	23
3. Sembilan belas Sampel Pisang Kabupaten Pesawaran dan Empat Sampel Pisang Liar	25
4. Skrining Kombinasi Primer SRAP.....	29
5. Variasi Genetik Sembilan belas Kultivar Pisang dan Empat Pisang Liar berdasarkan Marka SRAP	34

DAFTAR GAMBAR

Gambar	Halaman
1. Morfologi Tanaman Pisang	12
2. Diagram Alir Penelitian	18
3. Peta Lokasi Pengambilan Sampel	19
4. Elektroforesis DNA Hasil Isolasi	29
5. Hasil Amplifikasi DNA Menggunakan Marka SRAP	33
6. Dendogram Hasil Analisis <i>Clustering</i> Sembilan belas Sampel Kultivar Pisang dan Empat Sampel Pisang Liar	35

I. PENDAHULUAN

1.1 Latar Belakang

Pisang (*Musa spp.*) merupakan salah satu makanan pokok alternatif yang dapat ditemukan di daerah tropis, bahkan sebelum tercatat dalam sejarah di Asia Tenggara, pisang sudah banyak dikonsumsi (Deephi, 2016). Pisang telah banyak dibudidayakan oleh manusia sejak munculnya sistem pertanian (De Langhe dkk., 2009).

Menurut data Badan Pusat Statistika (2022), sepanjang tahun 2022 Indonesia mampu memproduksi pisang sebanyak 9,24 juta ton, meningkat dari tahun sebelumnya, yaitu sebesar 8,74 juta ton pada tahun 2021. Badan Pusat Statistika juga mencatat produksi pisang nasional terus meningkat dalam 5 tahun terakhir, dengan rata-rata kenaikan sebesar 5,2% per tahun. Provinsi Lampung menduduki posisi ketiga yang memberikan kontribusi sebesar 1,22 juta ton terhadap produksi pisang nasional tahun 2022 setelah Provinsi Jawa Timur dengan kontribusi sebesar 2,62 juta ton dan Jawa Barat dengan kontribusi sebesar 1,31 juta ton (BPS, 2022). Besarnya kontribusi Provinsi Lampung terhadap produksi pisang di Indonesia menunjukkan bahwa Provinsi Lampung merupakan salah satu habitat yang sesuai untuk budidaya pisang. Mengacu pada data Badan Pusat Statistika (2021), kabupaten dengan sentra produksi pisang tertinggi di Provinsi Lampung adalah Kabupaten Lampung Selatan dan Kabupaten Pesawaran.

Berdasarkan data Badan Pusat Statistika (2020), produktivitas pisang di berbagai kecamatan yang ada di Kabupaten Pesawaran pada tahun 2020 cukup tinggi. Kecamatan Punduh Pidada sebesar 230.531 kuintal, Kecamatan Marga Punduh sebesar 58.779 kuintal, Kecamatan Padang Cermin sebesar 159.462 kuintal, Kecamatan Kedondong sebesar 45.256 kuintal, Kecamatan Way Khilau sebesar 124.678 kuintal, Kecamatan Way Lima sebesar 134.470 kuintal, Kecamatan Gedung Tataan sebesar 320.653 kuintal, Kecamatan Negeri Katon sebesar 9.256 kuintal, Kecamatan Tegineneng sebesar 47.952 kuintal, Kecamatan Teluk Pandan sebesar 87.680 kuintal, Kecamatan Way Ratai sebesar 125.258 kuintal. Sehingga total produktivitas pisang di Kabupaten Pesawaran pada tahun 2020 sebesar 1.343.975 kuintal.

Indonesia merupakan salah satu negara penghasil pisang tertinggi di dunia dan memiliki keragaman genetik yang cukup tinggi (Wahyuningsih, 2019). Hal tersebut menunjukkan bahwa sumber daya genetik pisang di Indonesia memiliki potensi yang sangat baik untuk memenuhi kebutuhan pangan yang stabil di masa yang akan datang (Ahmad, 2013). Keragaman dapat dianalisis menggunakan pendekatan morfologi dan marka molekuler (Sari, 2016; Naipospos dkk., 2014). Analisis keragaman, baik secara fenotip maupun genotip diperlukan untuk melengkapi data dasar pisang. Data tersebut akan menjadi sumber rujukan untuk meningkatkan produksi pisang, baik untuk memperoleh kualitas buah yang baik maupun untuk meningkatkan daya tahan tubuh tanaman pisang terhadap hama dan penyakit (Nisa dkk., 2010).

Karakterisasi morfologi merupakan salah satu jenis pendekatan dalam identifikasi tumbuhan dan tanaman (Simangunsong dkk., 2017). Karakterisasi morfologi pada pisang meliputi karakter batang semu (*pseudostem*), bunga, daun, dan buah (Kurnianingsih dkk., 2018). Secara umum, kajian morfologi cenderung murah biayanya, sampling taksonomi dapat lebih banyak, dan dapat dianalisis berbagai karakternya tanpa merusak spesimen (Zubaidah, 2011). Namun, pendekatan morfologi memiliki kelemahan diantaranya seringkali dipengaruhi oleh faktor

lingkungan, memakan banyak waktu, bersifat subjektif, serta sulit digunakan untuk skala yang besar sehingga pendekatan morfologi ini dianggap kurang akurat (Probojati dkk., 2019). Oleh karena itu dibutuhkan penelitian menggunakan marka molekuler untuk data yang lebih valid (De Jesus dkk., 2013).

Marka molekuler DNA dapat menggambarkan keragaman karakter antar individu lebih tinggi (Langga dkk., 2012). Marka molekuler dapat digunakan untuk menganalisis hubungan kekerabatan dan menunjukkan adanya polimorfisme dalam suatu jenis. Marka molekuler mempunyai tingkat polimorfisme yang tinggi, jumlah yang tidak terbatas, dan tidak dipegaruhi oleh lingkungan (Anggraeni, 2008; Yono dkk., 2017). Identifikasi menggunakan marka molekuler dapat mengkonfirmasi identitas suatu tumbuhan secara akurat. Marka molekuler telah banyak digunakan dalam identifikasi pisang budidaya serta dapat mendeteksi keragaman genetik pisang (Pillay dkk., 2012).

Kegiatan koleksi, konservasi, dan pemanfaatan sumberdaya genetik tanaman merupakan salah satu komponen penting yang dibutuhkan dalam pengembangan tanaman (Rahmawati & Hayati, 2013). Karakterisasi molekuler sangat berguna dalam klasifikasi pisang. Pengembangan sistematika molekuler dapat menentukan secara tepat asal induk pisang budidaya (Valmayor dkk., 2000). Selain penting untuk mengkaji evolusi, keragaman genetik juga dapat digunakan sebagai instrumen pengamatan di berbagai bidang, seperti verifikasi afinitas dan batasan antar jenis, deteksi bentuk reproduksi, evaluasi tingkat migrasi dan penyebaran dalam populasi, serta untuk mengetahui jenis terancam punah (Walker & Rapley, 2008).

Marka molekuler yang banyak digunakan untuk mempelajari keragaman serta kekerabatan pisang diantaranya adalah *Random Amplified Polymorphic DNA* (RAPD) (Kiran dkk., 2015; Sundari dkk., 2017; Poerba dkk., 2018; Susilo dkk., 2018; Probojati dkk., 2019), *Inter-Simple Sequence Repeats* (ISSR) (Qin dkk., 2014; Kharadi dkk., 2014; Babu dkk., 2018; Das dkk., 2018; Wahyudi dkk.,

2020), *Amplified Fragment Length Polymorphism* (AFLP) (Youssef dkk., 2011; Vroh-Bi dkk., 2011), dan *Sequence-Related Amplified Polymorphism* (SRAP) (Zazimo dkk., 2018; Boonsrangsom dkk., 2020). Marka molekuler yang digunakan pada penelitian ini adalah marka molekuler *Sequence-Related Amplified Polymorphism* (SRAP). Marka molekuler ini ditemukan terakhir setelah RAPD, RFLP, SSR, AFLP, dan ISSR. SRAP merupakan marka molekuler yang pertama kali diperkenalkan oleh Li & Quiros (2001). SRAP merupakan marka molekuler sederhana dan efisien yang dapat digunakan untuk pembentukan pita gen, *gene tagging*, analisis sidik jari gen dan cDNA serta pemetaan berdasarkan kloning. SRAP memiliki beberapa keunggulan, antara lain sistem yang sederhana, memiliki tingkat *throughput* yang wajar, mendekati beberapa marka molekuler kodominan, menargetkan *open reading frame* (ORFs) dan memudahkan isolasi untuk sekuensing (Zhao dkk., 2009). Kelebihan marka molekuler SRAP dari marka molekuler lain adalah lebih reproduisibel dan relatif murah (Craveno dkk., 2007). Menurut Zaefizadeh & Golief (2009), SRAP memiliki multilokus dan multiallel yang membuatnya lebih efisien untuk analisis keragaman genetik, pemetaan gen, dan sidik jari genotip. SRAP sangat efektif digunakan untuk menganalisis keragaman genetik (Shaye dkk., 2018).

Penelitian menggunakan marka molekuler *Sequence Related-Amplified Polymorphism* (SRAP) telah dilakukan Boonsrangsom dkk., 2020 untuk mengkaji keragaman genetik kultivar pisang. Kombinasi primer SRAP diperoleh dari 4 primer *forward* dan primer *reverse*. Dalam penelitian tersebut 10 kombinasi primer SRAP digunakan untuk menilai keragaman genetik antara kultivar pisang (kelompok ABB). Analisis UPGMA berdasarkan koefisien Dice menunjukkan bahwa aksesori memiliki rentang kesamaan dari 0,42 hingga 1,00 dengan rata-rata 0,86 yang menunjukkan keragaman genetik yang ekstrim di antara sampel pisang. Dalam penelitian tersebut, dendrogram yang berasal dari sepuluh penanda SRAP menunjukkan bahwa semua sampel dapat dikategorikan ke dalam dua kelompok besar (kelompok genom ABB-BB dan AA-AAA).

Semua marka molekuler memiliki keunggulan dan kelemahan yang melekat, sehingga pemilihan metode yang digunakan didasarkan pada tujuan penelitian dan tingkat resolusi yang dibutuhkan. Penelitian mengenai kemampuan marka SRAP dalam deteksi keragaman genetik pisang khususnya di Kabupaten Pesawaran belum pernah dilakukan, maka penelitian dengan judul “**Keragaman Genetik Pisang (*Musa spp.*) di Kabupaten Pesawaran, Provinsi Lampung Berdasarkan Marka *Sequence-Related Amplified Polymorphism (SRAP)***” dianggap perlu dilakukan.

1.2 Tujuan Penelitian

Adapun tujuan dari penelitian ini diantaranya sebagai berikut.

1. Mengetahui keragaman genetik pisang (*Musa spp.*) di Kabupaten Pesawaran berdasarkan marka SRAP.
2. Mengetahui kombinasi primer SRAP yang cocok digunakan untuk analisis keragaman genetik pisang (*Musa spp.*) di Kabupaten Pesawaran.
3. Mengetahui hubungan kekerabatan pisang di Kabupaten Pesawaran.

1.3 Kerangka Pikir

Pisang (*Musa spp.*) merupakan salah satu buah tropis yang sudah sangat populer bagi masyarakat Indonesia. Buah pisang dapat dikonsumsi secara langsung sebagai buah atau dapat diolah menjadi makanan lainnya. Pisang akan tumbuh dengan baik jika persyaratan dan kebutuhan hidupnya terpenuhi dengan baik. Persyaratan tersebut meliputi keadaan tanah, keadaan iklim, dan keadaan lingkungan. Provinsi Lampung merupakan salah satu daerah sentra produksi pisang di Indonesia. Salah satu kabupaten di Provinsi Lampung dengan produktivitas pisang yang cukup tinggi adalah Kabupaten Pesawaran. Keragaman pisang dapat dianalisis melalui pendekatan morfologi maupun molekuler. Aspek morfologi maupun molekuler memiliki hubungan satu sama lain. Perbedaan morfologi belum bisa memastikan adanya perubahan secara

genetik, hal tersebut dikarenakan karakter morfologi dipengaruhi oleh faktor lingkungan, berbeda dengan marka molekuler yang tidak dapat berubah akibat pengaruh lingkungan. Identifikasi menggunakan marka molekuler dapat mengkonfirmasi identitas suatu tumbuhan secara akurat.

Marka molekuler *Sequence-Related Amplified Polymorphism* (SRAP) sangat efektif digunakan untuk menganalisis keragaman genetik. Adanya penelitian tentang keragaman genetik pisang berdasarkan marka SRAP di Kabupaten Pesawaran, akan menambah informasi bagi masyarakat mengenai keragaman genetik kultivar pisang di Kabupaten Pesawaran. Selain itu, data yang diperoleh dapat digunakan sebagai acuan dalam hal pelestarian dan program pemuliaan tanaman pisang.

II. TINJAUAN PUSTAKA

2.1 Tinjauan Umum Pisang (*Musa* spp.)

2.1.1 Sejarah Tanaman Pisang

Marga *Musa* merupakan salah satu dari 3 marga (*Ensete*, *Musa*, *Musella*) yang masuk ke dalam suku Musaceae. Marga *Musa* pertama kali diperkenalkan oleh Linnaeus dengan nama *Musa paradisiaca* dan *Musa sapientum* (Valmayor dkk., 2000). Berdasarkan jumlah kromosomnya, marga *Musa* terbagi menjadi 4 seksi yaitu *Rhodochlamys*, *Eumusa*, *Australimusa*, dan *Callimusa* (Cheesman, 1947). Seksi *Rhodochlamys* dengan jumlah kromosom 11 ($X=11$) tersebar di sekitar dataran iklim basah di Asia bagian selatan. Seksi *Eumusa* dengan jumlah kromosom 11 ($X=11$) tersebar mulai bagian timur India, Asia Tenggara (meliputi Indonesia, Thailand, Myanmar, Filipina, Malaysia, Vietnam, dan Papua Nugini) hingga bagian utara Australia. Seksi *Australimusa* dengan jumlah kromosom 10 ($X=10$) tersebar mulai dari bagian timur laut Indonesia, bagian selatan Filipina, hingga Melanesia. Seksi *Callimusa* dengan jumlah kromosom 10 ($X=10$) tersebar di wilayah Vietnam bagian selatan, Semenanjung Malaya, hingga pulau Kalimantan dan Sumatra (De Langhe dkk., 2009). Marga *Ensete* pertama kali dipertelakan oleh Paul Fedorowitsch Horaninow pada tahun 1862 (Kress, 1990). *Ensete* mencakup 7 jenis dengan daerah sebaran yang bersifat diskontinu, mulai dari Afrika Tropis hingga Asia Tropis (POWO, 2019). Ketujuh jenis anggota marga *Ensete* diantaranya *E. glaucum* (Roxb.) Cheesman, *E. homblei* (Bequaert ex de Wild) Cheesman, *E. lecongkietii* Luu, N.L.Vu & Q.D.Nguyen, *E. livingstonianum* (J.Kirk)

Cheesman, *E. perrieri* (Claverie) Cheesman, *E. superbum* (Roxb.) Cheesman, dan *E. ventricosum* (Welw.) Cheesman (Cheesman, 1947; POWO, 2019). Pada beberapa pustaka, marga *Musella* dianggap termasuk kedalam marga *Ensete* karena memiliki kemiripan sifat dan jumlah kromosom yang sama (Häkkinen & Väre, 2008; Liu dkk., 2010).

Kultivar pisang yang ada saat ini merupakan hasil persilangan dari tetuanya. Dugaan bahwa kultivar pisang merupakan keturunan dari pisang liar, telah dikonfirmasi dengan adanya studi genetik. Hasil dari studi genetik tersebut menyatakan bahwa terdapat 4 jenis pisang liar yang berkedudukan sebagai *gen pool* dari kultivar pisang, diantaranya *Musa balbisiana* sebagai pemberi genom B, *Musa acuminata* sebagai pemberi genom A, *Musa textilis* sebagai pemberi genom T, dan *Musa schizocarpa* sebagai pemberi genom S. *Musa acuminata* dan *Musa balbisiana* tersebar luas di wilayah Asia, baik yang beriklim tropis maupun subtropis (Nasution, 1991). *Musa acuminata* dan *Musa balbisiana* dilaporkan merupakan tetua sebagian besar pisang budidaya. Pisang budidaya terbentuk karena adanya hibridisasi alami yang berasal dari kedua tetua pisang baik secara *inter-species* maupun *intra-species*. Selain pada kedua tetua pisang, hibridisasi alami juga dapat terjadi antara keturunan dengan tetuanya maupun antar keturunan. Hibridisasi yang terjadi diantara keturunannya dapat mengakibatkan terjadinya mutasi, *autoploidi*, *alloploidi*, maupun partenokripsi. Hal tersebut yang menyebabkan adanya keturunan yang beragam pada pisang (Simmonds, 1956; Espino, 1992; De Langhe, 2009).

Adanya persilangan alami maupun buatan antara pisang liar *Musa acuminata* (pemberi genom A), dan *Musa balbisiana* (pemberi genom B) menghasilkan keturunan dengan genom yang bervariasi, diantaranya kultivar pisang bergenom AA, kultivar pisang bergenom AAA, kultivar pisang bergenom AAB, dan kultivar pisang bergenom ABB. Kultivar pisang tersebut tersebar di wilayah Indo-Malesia hingga Asia, Amerika, Afrika, dan Australia pada

wilayah yang memiliki iklim tropis dan subtropis (De Langhe, 2009; Espino, 1992).

2.1.2 Tata Nama dan Pengelompokan Pisang

Klasifikasi dan nomenklatur pisang telah lama menjadi permasalahan di kalangan peneliti. Permasalahan berawal dari pengelompokan pisang oleh Carolus Linnaeus, bapak nomenklatur botani modern. Carolus Linnaeus mengelompokkan pisang menjadi dua, yaitu *Musa paradisiaca* Linn. (pisang olahan) dan *Musa sapientum* Linn. (pisang segar). Selain itu, banyaknya nama kultivar dan sinonim dari berbagai macam bahasa juga menjadi permasalahan, seringkali kultivar yang sama dikenal dengan nama yang berbeda di daerah yang berbeda, begitupun sebaliknya kultivar yang berbeda dikenal sebagai kultivar yang sama pada beberapa daerah (Valmayor dkk., 2000; Deephi, 2016).

Musa paradisiaca Linn., merupakan nama ilmiah pertama pisang yang dikenalkan oleh Linnaeus dalam bukunya *Species Plantarum* yang dipublikasikan pada tahun 1753. Dasar klasifikasi *Musa paradica* Linn. yaitu bantalan pisang yang tumbuh panjang dan ramping serta tetap bertepung walaupun sudah matang. Pisang dalam klasifikasi ini harus dimasak terlebih dahulu sebelum dikonsumsi karena kandungan pati dalam buahnya yang banyak. Pada tahun 1759, Linnaeus mempublikasikan *Musa sapientum* Linn. dalam *Systema Nature*. Dalam penamaan tersebut dijelaskan bahwa buah pisang dengan rasa manis dapat dikonsumsi dalam keadaan segar ketika matang, sehingga tidak perlu dimasak terlebih dahulu. Klasifikasi *Musa paradisiaca* Linn. dan *Musa sapientum* Linn. dapat diterapkan dengan baik di Amerika Latin dan Afrika Barat. Walaupun demikian ketika diterapkan di kawasan Asia Tenggara, kedua klasifikasi tersebut menimbulkan kebingungan. Banyaknya keanekaragaman pisang dan perbedaan morfologi yang jauh dari klasifikasi *Musa paradisiaca* L. dan *Musa sapientum* L. menyebabkan klasifikasi

Linnaeus tidak dapat diterapkan. Dalam mengatasi kekayaan keanekaragaman plasma nutfah, langkah yang dilakukan para ahli taksonomi yaitu digunakannya nama deskriptif seperti *M.nana* Lour untuk pisang Dwaf Cavendish, *M. rubra* Wall. Ex Kurz untuk pisang merah, *M. corniculata* Lour, untuk pisang raja tanduk, dan lain sebagainya (Valmayor dkk., 2000).

Sagot (1887) melakukan klasifikasi dengan membagi marga *Musa* menjadi tiga kelompok, yaitu pisang raksasa (*Musa ensete* J.F.Gmel.), pisang berdaging lunak (*Musa sapientum* L.) dan pisang hias (*Musa coccinea* Andrews., *Musa rosacea* Jack.). Cheesman (1947) membagi marga *Musa* menjadi empat *section* (*Australimusa* dan *Callimusa* dengan jumlah kromosom 10, *Rhodochlamys* dan *Eumusa* dengan jumlah kromosom 11) dan menempatkan kelompok pisang raksasa pada genus tersendiri, yaitu marga *Ensete* Bruce ex Horan. Dasar klasifikasi tersebut adalah jumlah kromosom dan karakter morfologi. Argent (1976) menambahkan satu *section* baru, yaitu *Ingentimusa* dengan kromosom berjumlah 7 ($x=7$) yang hanya terdiri atas satu jenis (*Musa ingens* Simmonds).

Cheesman (1947) mengusulkan, berdasarkan ciri morfologinya, nama, dan sinonim pisang dikelompokkan menjadi tiga. Kelompok pertama menunjukkan karakter *M. acuminata*, kelompok kedua menunjukkan karakter *M. balbisiana*, dan kelompok ketiga memiliki karakter kedua nenek moyangnya serta dianggap sebagai hasil persilangan. Simmonds & Sheperd (1955) melakukan penelitian sitotaksonomi, dan menemukan bahwa klasifikasi Linnaeus berdasarkan pada kultivar hibrida. Simmonds & Sheperd (1955) menjelaskan bahwa pisang yang dapat dikonsumsi berasal dari dua jenis liar, yaitu *M. acuminata* Colla dan *M. balbisiana* Colla yang bersifat endemik di kawasan Asia Tenggara.

Pada mulanya sistem tata nama pisang menggunakan sistem tata nama Linnaeus yang terdiri dari dua suku kata, yakni petunjuk marga dan petunjuk jenis (*binomial nomenclature*). Linnaeus membagi kultivar pisang menjadi dua kelompok, yaitu *plantain* (kelompok pisang yang harus diolah terlebih dahulu)

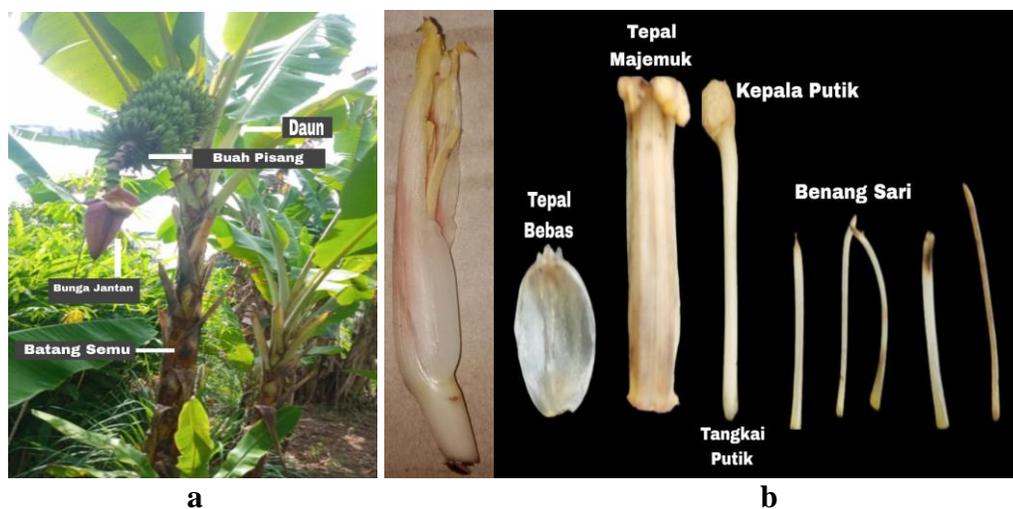
dan *banana* (kelompok pisang yang dapat langsung dikonsumsi ketika matang). Namun sistem tata nama Linneaus hanya dapat diterapkan di wilayah Eropa, Amerika Latin, dan Afrika Barat (Valmayor, 2000). Hal ini dikarenakan kultivar pisang yang ditemukan di wilayah tersebut memiliki ciri yang sesuai dengan deskripsi dari Linneaus, sedangkan untuk wilayah Asia Tenggara tidak sesuai karena banyaknya jumlah kultivar pisang (Simmonds 1959; Espino, 1992; Valmayor, 2000). Oleh karena itu Simmonds & Shepherd (1955) mengusulkan tata nama baru berdasarkan genom dan telah ditetapkan secara konsensus di Asia Tenggara pada tahun 1999.

Sistem nomenklatur yang digunakan untuk mengklasifikasikan kultivar pisang dikembangkan oleh Simmonds & Shepherd (1955). Simmonds & Shepherd (1955) mengklasifikasikan kultivar pisang ke dalam kelompok genom, sesuai dengan kontribusi relatif dari jenis liar tetua mereka, dan ke dalam sub kelompok. Dalam sistem berbasis genom, pisang yang berkerabat dengan *Musa acuminata* dan *Musa balbisiana* diklasifikasikan menurut kontribusi relatif jenis-jenis tersebut yang ditunjukkan dengan huruf A untuk *acuminata*, dan B untuk *balbisiana*. Kultivar pisang akan mengelompok sesuai dengan genom dan jumlah set kromosom dalam genomnya (ploidinya). Jenis yang menyumbangkan kultivar diploid termasuk dalam kelompok genom AA atau AB, sedangkan kultivar triploid terbagi dalam kelompok genom AAA, AAB, dan ABB. Kelompok genom kemudian dibagi menjadi sub kelompok yang biasanya didefinisikan sebagai satu set kultivar. Sistem penilaian didasarkan pada 15 karakter yang membedakan *Musa acuminata* dan *Musa balbisiana*. Setiap karakter dinilai dalam skala 1 (khas *Musa acuminata*) hingga 15 (khas *Musa balbisiana*). Skor total berkisar dari minimal 15 hingga maksimal 75. Skor yang diharapkan adalah 15 untuk AA dan AAA, 35 untuk AAB, 45 untuk AB, 55 untuk ABB, dan 75 untuk BB. Penulisan tata nama genom terdiri atas tiga unsur utama, yaitu petunjuk nama jenis tetua pisang, kelompok genom dari tetua pisang, dan diikuti nama kultivarnya (Valmayor, 2000). Sebagai contoh

tata nama pisang Mas ditulis dengan nama ilmiah *Musa acuminata* (Group AA) cv. 'Pisang Mas' (INIBAP, 2006).

2.1.3 Morfologi Pisang

Pisang merupakan tanaman herba (*giant herb*), sehingga tidak memiliki komponen kayu. Induk pisang yang mati (setelah berbuah) tidak akan tumbuh lagi melainkan akan diganti oleh tunas yang tumbuh dari dasar tanaman (Vezina, 2013). Morfologi tanaman pisang dapat dilihat pada Gambar 1.



Gambar 1. a. Morfologi Tanaman Pisang, b. Bunga Tanaman Pisang (Koleksi Pribadi, 2023)

Secara morfologi, bagian-bagian dari tumbuhan pisang adalah sebagai berikut:

a. Akar

Akar berfungsi untuk menyerap air dan unsur hara dari dalam tanah. Pisang memiliki bentuk akar serabut yang tumbuh dari umbi batang bagian bawah.

b. Batang

Batang tanaman pisang dibedakan menjadi batang semu (*pseudostem*) dan batang sejati. Batang semu terdiri atas pelepah-pelepah daun yang saling membungkus satu sama lain, sehingga kedudukannya kompak seperti batang. Batang semu memiliki struktur yang lunak karena mengandung banyak air. Batang sejati tumbuhan pisang membentuk umbi (*bulb*) atau dikenal dengan bonggol yang berada di dalam tanah. Batang sejati memiliki struktur yang keras dan terdapat mata tunas yang nantinya berkembang menjadi pohon pisang

c. Daun

Daun tumbuhan pisang berbentuk lanset memanjang. Posisi daun pada batang membentuk pola secara spiral. Daun pertama dihasilkan oleh meristem tengah dari perkembangan anakan (*scale leaves*), diikuti oleh daun pedang yang ramping dan daun yang lebih lebar dengan lamina yang semakin lebar secara bertahap hingga tanaman dewasa. Daun terbesar dihasilkan saat akan berbunga. Pisang dengan genom triploid memiliki daun yang lebih besar dan tebal dibandingkan pisang dengan genom diploid (Robinson, 1999).

d. Bunga

Selama hidupnya, tumbuhan pisang hanya berbunga satu kali (monokarpik). Bunga pada tumbuhan pisang berupa bunga majemuk, tiap kuncup bunganya dibungkus oleh seludang (braktea) berwarna merah kecoklatan, bunga betina berkembang secara normal, sedangkan bunga jantan yang berada di ujung tandan tidak berkembang dan tertutup oleh seludang (braktea) (Ashari, 1995).

e. Buah

Pada umumnya, buah pisang budidaya tidak berbiji atau bersifat partenokarpi. Buah pisang tersusun dalam tandan, tiap tandan terdiri atas beberapa sisir, dan tiap sisir terdiri dari 6-22 buah pisang atau tergantung pada jenis atau kultivarnya. Pada umumnya, pisang budidaya memiliki 3 sel kromosom yang disebut triploid ($3n$), kecuali pada pisang batu (klutuk) yang memiliki genom diploid ($2n$) (Rukmana, 1999). Daging buah (mesokarp) pisang tebal dan lunak. Kulit buah (epikarp) pisang yang masih muda berwarna hijau, namun setelah tua (matang) berubah menjadi kuning dengan struktur tebal sampai tipis (Cahyono, 2002).

2.1.4 Persebaran Pisang

Asia Tenggara dilaporkan sebagai salah satu pusat asal usul dan keanekaragaman pisang (Meitha dkk., 2020). Sebelum kemudian pisang menyebar ke beberapa wilayah baik tropis maupun subtropis (Lamare & Rao, 2015). Secara umum pisang tersebar merata, baik di daerah tropis maupun subtropis, mulai dari Asia Tenggara ke timur melewati Lautan Teduh sampai Hawaii dan menyebar ke barat melalui Samudra Atlantik, Kepulauan Kanari hingga benua Amerika. Selanjutnya pisang menyebar ke wilayah Afrika (Madagaskar), Amerika Selatan dan Amerika Tengah (Suyanti & Supriadi, 2008). Akhirnya pisang pun menyebar luas di berbagai penjuru dunia.

Indonesia menjadi salah satu negara penghasil pisang di Asia. Pisang dapat dijumpai hampir di seluruh wilayah Indonesia. Beberapa provinsi yang memberikan kontribusi pisang yang tinggi terhadap Indonesia diantaranya Provinsi Jawa Timur dengan kontribusi sebesar 2.626.582 ton, Provinsi Jawa Barat dengan kontribusi sebesar 1.317.558 ton, Provinsi Lampung dengan kontribusi sebesar 1.223.009 juta ton, Provinsi Jawa Tengah dengan kontribusi sebesar 999.739 ton dan Provinsi Sumatra Selatan dengan kontribusi sebesar

334.145 ton (BPS, 2022). Besarnya kontribusi Provinsi Lampung terhadap produksi pisang di Indonesia menunjukkan bahwa Provinsi Lampung merupakan habitat yang sesuai untuk pisang. Berdasarkan data Badan Pusat Statistika (2021), kabupaten dengan sentra produksi pisang tertinggi di Provinsi Lampung diantaranya Kabupaten Lampung Selatan sebesar 4.909.816 kuintal, Kabupaten Pesawaran sebesar 3.664.953 kuintal, Kabupaten Lampung Timur sebesar 890.414 kuintal dan Kabupaten Lampung Tengah sebesar 847.14 kuintal (BPS, 2021).

2.2 Keragaman Genetik

Materi genetik pada makhluk hidup (mikroorganisme, hewan, dan tumbuhan) mengandung informasi yang menentukan karakter tiap jenis yang menyebabkan keragaman pada kehidupan di bumi. Jumlah kombinasi molekul menyebabkan besarnya keragaman gen pada suatu individu. Keragaman genetik didefinisikan sebagai besarnya varietas genetik dalam suatu populasi yang menjadi dasar terbentuknya keragaman hayati (Hughes dkk., 2008). Susunan genetik yang berbeda akan mempengaruhi keragaman suatu tumbuhan. Kondisi lingkungan yang berbeda juga berpengaruh terhadap keragaman jenis (Sitompul & Guritno, 1995). Beberapa jenis tanaman yang memiliki keragaman genetik yang tinggi, salah satunya pisang (Ernawati dkk., 2018). Perbedaan susunan genetik merupakan salah satu faktor penyebab keragaman jenis. Kondisi lingkungan yang bervariasi antara tempat satu dengan tempat yang lain, serta kebutuhan jenis akan keadaan lingkungan tertentu juga dapat mengakibatkan keragaman jenis (Sitompul & Guritno, 1995). Keragaman genetik yang tinggi menjadi salah satu faktor penting dalam pembentukan varietas yang unggul (Hutami dkk., 2006).

Keragaman genetik dapat dianalisis menggunakan marka molekuler *Sequence-Related Amplified Polymorphism* (SRAP). SRAP merupakan marka molekuler yang pertama kali diperkenalkan oleh Li & Quiros (2001). SRAP merupakan marka yang mengamplifikasi daerah *open reading frames* (ORFs) pada DNA

(Li & Quiros, 2001). SRAP memiliki multilokus dan multialel yang membuatnya berpotensi lebih efisien untuk analisis keragaman genetik, pemetaan gen, dan sidik jari genotip (Zaefizadeh & Golief, 2009). Marka molekuler SRAP telah berhasil digunakan sebagai penanda molekuler pada beberapa jenis tumbuhan. SRAP pertama kali dikembangkan pada jenis *Brassacia* (Li & Quiros, 2001).

SRAP memiliki beberapa keunggulan, antara lain sistem yang sederhana, memiliki tingkat *troughtput* yang wajar, mendekati beberapa marka molekuler kodominan, menargetkan *open reading frame* (ORFs) dan memudahkan isolasi untuk sekuensing (Zhao dkk., 2009). Kelebihan marka molekuler SRAP dari marka molekuler lain adalah lebih reproduсібel dan relatif murah (Craveno dkk., 2007). Primer SRAP terdiri dari kombinasi primer *forward* dan primer *reverse*. Primer *forward* mengamplifikasi daerah ekson DNA sedangkan primer *reverse* mengamplifikasi daerah intron DNA dan daerah DNA yang memiliki promoter. Polimorfisme SRAP terlihat dari variasi panjang daerah intron, ekson, promoter, dan daerah spacer DNA antar jenis, intraspesifik taksa, maupun kultivar (Li & Quiros, 2001).

III. METODE PENELITIAN

3.1 Waktu dan Tempat Penelitian

Penelitian ini dilaksanakan pada bulan Januari sampai Mei 2023. Sampel tanaman pisang diambil dari Kabupaten Pesawaran, Provinsi Lampung. Analisis molekuler dilakukan di Laboratorium Sistemika Molekuler, Pusat Riset Biosistemika dan Evolusi, Organisasi Riset Hayati dan Lingkungan - Badan Riset dan Inovasi Nasional (BRIN), Cibinong, Kabupaten Bogor, Jawa Barat.

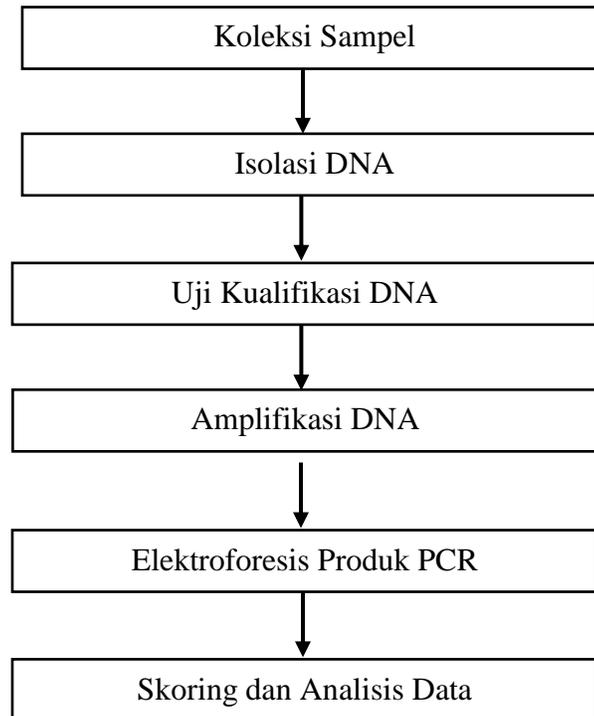
3.2 Alat dan Bahan

Alat yang digunakan dalam penelitian ini meliputi box kedap udara (biokips), *tea bag*, silika gel, microtube (*Axygen*), tip (*Axygen*), *waterbatch* (*Taitec Corporation*), *vortex* (*Genie 2*), peralatan gelas (*Pyrex*), timbangan digital, mortar, pestle, plastik ziplock, *freezer*, *microwave* (*Bompani*), mikropipet (*Oxford*), cetakan agarosa, aparatus elektroforesis (*Mupid eXu*), sentrifuge (*Benchmark*), Gel Documentation System (*ATTO*), mesin PCR (*Wealtec SEDI G*).

Adapun bahan yang digunakan dalam penelitian ini meliputi sampel daun muda pisang, pasir kuarsa, kit isolasi DNA (*Geneaid*) yang terdiri atas GPX1 buffer, GP2 buffer, GP3 buffer, W1 buffer, Wash buffer, Elution buffer dan RNase, *Safe DNA dye*, TBE (Tris boric acid-EDTA), *Green Master Mix* (*Promega*), DNA ladder 1 kb dan 100 bp (*Thermo Scientific*), *loading dye* (*Thermo Scientific*), primer *forward* (Me 1, Me 2, Me 3, Me 4, Me 5, Me 6, dan Me 7) primer *reverse* (Em 1, Em 2, Em 3, Em 4, Em 5, Em 7, DAN Em 8), ddH₂O (NFW), dan *gel red*.

3.3 Prosedur Penelitian

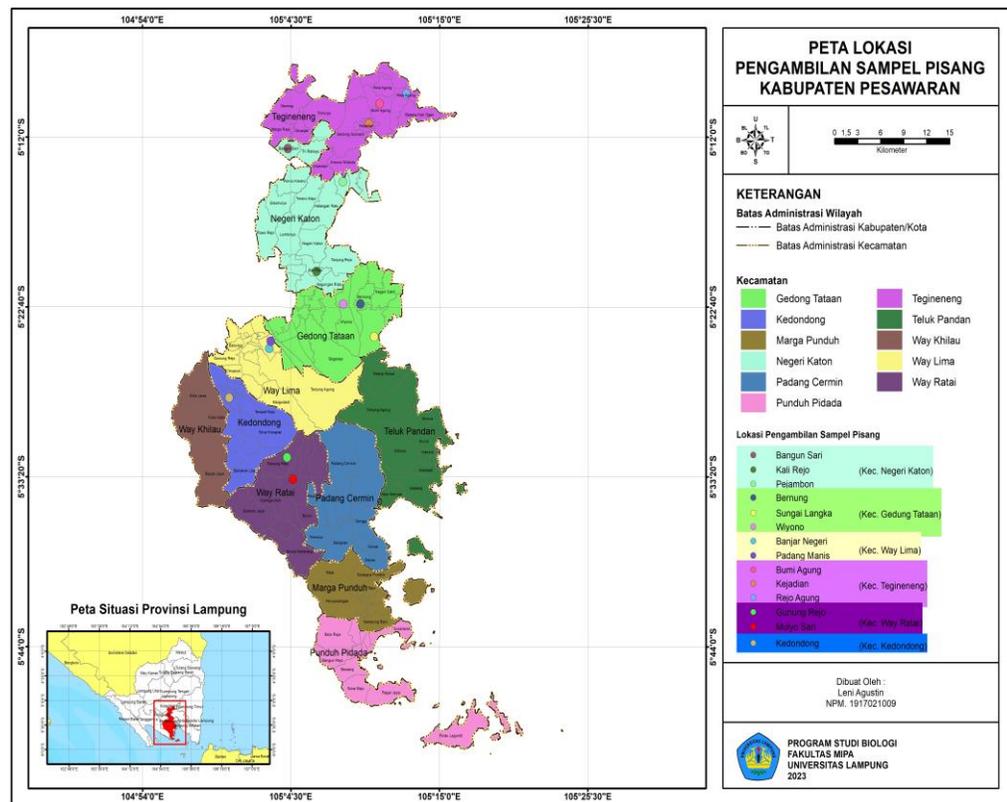
Prosedur pada penelitian ini meliputi beberapa tahapan sebagai berikut (Gambar 2).



Gambar 2. Diagram Alir Penelitian

3.3.1 Koleksi Sampel

Sampel tanaman pisang pada penelitian ini diambil di Kabupaten Pesawaran yang mencakup 6 kecamatan, diantaranya Kecamatan Negeri Katon, Gedung Tataan, Way Lima, Tegineneng, Way Ratai, dan Kedondong. Lokasi pengambilan sampel tersebut dapat dilihat pada Gambar 3.



Gambar 3. Peta Lokasi Pengambilan Sampel Pisang di Kabupaten Pesawaran

Bagian yang dijadikan sampel adalah daun muda pisang yang masih menggulung. Daun muda dijadikan sebagai sumber DNA dikarenakan daun muda memiliki banyak sel yang masih aktif membelah, sehingga DNA yang dihasilkan lebih banyak. Selain itu daun muda cenderung memiliki tekstur yang lebih lunak sehingga sel lebih mudah lisis. Daun muda memiliki lebih sedikit kandungan metabolit sekunder, seperti fenol, polisakarida dan makromolekul lain sehingga lebih mudah dibersihkan dari segala macam kontaminan DNA (Syafaruddin & Santoso, 2011). Hal tersebut juga sesuai dengan pendapat Nurkhairani dkk. (2017) yang menyatakan bahwa sampel daun muda digunakan agar didapatkan hasil berupa DNA dalam jumlah banyak, serta mengandung polisakarida dan polifenol yang lebih rendah dibandingkan dengan daun tua. Gusmiatri dkk. (2021) juga menyatakan

bahwa sampel daun muda digunakan karena memiliki tekstur yang lebih lunak jika dibandingkan daun tua, sehingga lebih memudahkan proses penggerusan. Selanjutnya, informasi terkait jenis pisang yang dijadikan sampel digali melalui wawancara secara langsung dengan masyarakat di sekitar lokasi pengambilan sampel. Sampel daun muda tanaman pisang yang diambil diberi label yang berisi tanggal pengambilan sampel, kode sampel, lokasi pengambilan sampel, dan nama lokal. Selain itu, juga dilakukan pengambilan dokumentasi karakteristik morfologi pisang yang diamati diantaranya batang semu, penampang melintang tangkai daun, bentuk buah, bentuk jantung, warna braktea dan bentuk pangkal daun.

3.3.2 Isolasi DNA

Isolasi DNA dilakukan menggunakan kit isolasi DNA tanaman dari Genomic DNA Mini Kit Plant (*Geneaid*). Sampel daun muda tanaman pisang digerus menggunakan mortar dan pestle dengan bantuan pasir kuarsa hingga sampel menjadi halus. Keberhasilan penggerusan menentukan proses lisis secara kimiawi dan enzimatis, dan juga menentukan hasil perolehan DNA. Setelah halus, sampel dimasukkan ke dalam tabung 1,5 µl. Ditambahkan sebanyak 400 µl GP1 *buffer* (untuk merusak atau menghancurkan membran dan dinding sel) dan 5 µl RNase (untuk mendegradasi RNA kontaminan), lalu divorteks sampai homogen. Setelah itu, sampel diinkubasi selama 10 menit didalam *waterbath* dengan suhu 60°C. Setiap 5 menit, tabung sampel dibolak-balik agar sampel dan *buffer* tercampur sempurna, sehingga proses lisis terjadi dengan baik. Sebanyak 80 µl/sampel *Elution buffer* yang telah dipanaskan akan digunakan di tahap akhir isolasi DNA.

Setelah sampel diinkubasi selama 10 menit, ditambahkan sebanyak 100 µl GP2 *buffer* (sebagai *buffer* penetral) lalu divorteks selama 10 detik. Setelah itu, sampel diinkubasi selama 3 menit didalam wadah berisi es dan disentrifus dengan kecepatan 13.000 rpm pada 20°C selama 5 menit. Hasil sentrifus

dipindahkan ke dalam rangkaian *GD column dan filter column*, lalu disentrifus kembali dengan kecepatan 3.500 rpm pada 20°C selama 1 menit. Supernatan dipindahkan ke tabung 1,5 ml. Ditambahkan GP3 *buffer* (untuk mengikat DNA ke *buffer* dan *spin column*) sebanyak 1,5 dari volume sampel lalu divorteks selama 5 detik. Sebanyak 700 µl sampel yang telah divorteks dipindahkan ke dalam rangkaian *GD column dan filter column* dan disentrifus dengan kecepatan 13.000 rpm selama 2 menit, supernatan dibuang lalu ditambahkan kembali sampel yang tersisa dan disentrifus kembali pada kecepatan dan waktu yang sama, supernatan dibuang. Ditambahkan 400 µl W1 *buffer* (untuk menghilangkan sisa-sisa protein yang menempel pada DNA) lalu di sentrifus dengan kecepatan 13.000 rpm selama 30 detik, supernatan dibuang. Ditambahkan 600 µl *wash buffer* (untuk mencuci garam-garam *buffer* yang telah digunakan), lalu disentrifus dengan kecepatan 13.000 rpm selama 30 detik, supernatan dibuang. Kemudian sampel disentrifus kembali selama 3 menit, supernatan dibuang. Dirangkai *filter column* dalam tabung 1,5 µl. Ditambahkan 80 µl *elution buffer* (untuk melepaskan DNA dari membran) yang telah hangat pada setiap sampel, diinkubasi dalam suhu ruang selama 5 menit, lalu disentrifus dengan kecepatan 13.000 rpm selama 30 detik. DNA hasil isolasi kemudian disimpan di lemari es.

3.3.3 Uji Kualifikasi DNA

Pembuatan Gel Agarosa 1 %

Kualifikasi DNA dilakukan dengan elektroforesis menggunakan agarosa 1 %. Agarosa ditimbang sebanyak 0,4 gram dan dilarutkan dalam 40 ml TBE 0,5X. Setelah itu agarosa dipanaskan ke dalam *microwave* hingga homogen (bening) lalu ditambahkan 0,5 µL *gel red* dan dihomogenkan kembali. Agarosa cair dituangkan ke dalam cetakan atau *tray* yang telah dipasang sisiran atau *comb*. Sisiran diangkat setelah agarosa menjadi padat (Sambrook & Russel, 2001).

Elektroforesis Gel Agarosa

Sebanyak 2 μ L DNA genom dihomogenkan dengan 1 μ L *loading dye*, kemudian dimasukkan ke dalam sumur gel agarosa. Digunakan DNA ladder 1 kb pada ujung sebelah kiri atau kanan DNA genom. *Running* sampel dilakukan selama 30 menit pada 100 Volt. Sampel kemudian divisualisasi menggunakan *gel doc* (Sambrook & Russel, 2001).

3.3.4 Amplifikasi DNA

Dalam proses amplifikasi DNA, digunakan primer SRAP, dengan 7 primer *forward* dan 6 primer *reverse* (Li & Quiros, 2001) sebagaimana yang tercantum pada Tabel 1.

Tabel 1. Primer yang digunakan

No	Primer	Sekuen (5'-3')
1.	Me1F	TGA GTC CAA ACC GGA TA
2.	Me2F	TGA GTC CAA ACC GGA GC
3.	Me3F	TGA GTC CAA ACC GGA AT
4.	Me4F	TGA GTC CAA ACC GGA CC
5.	Me5F	TGA GTC CAA ACC GGA AG
6.	Me7F	TGA GTC CAA ACC GGT CC
7.	Me8F	TGA GTC CAA ACC GGT GC
8.	Em1R	GAC TGC GTA CGA ATT AAT
9.	Em2R	GAC TGC GTA CGA ATT TGC
10.	Em3R	GAC TGC GTA CGA ATT GAC
11.	Em5R	GAC TGC GTA CGA ATT AAC
12.	Em6R	GAC TGC GTA CGA ATT GCA
13.	Em7R	GAC TGC GTA CGA ATT CAA

Skrining Primer SRAP

Skrining dilakukan dengan menguji setiap sampel menggunakan primer SRAP. Seleksi primer dipilih berdasarkan kemampuan amplifikasi primer dalam menghasilkan fragmen DNA, jelas, dan polimorfisme tinggi.

Amplifikasi Sampel

Komposisi *cocktail* PCR dibuat sebanyak 16 μL dengan komposisi DNA *template* sebanyak 2 μL , primer *reverse* (20 μL) sebanyak 0.4 μL , primer *forward* (20 μL) sebanyak 0.4 μL , PCR *Master Mix Green Taq* sebanyak 7.8 μL , dan ddH₂O 5,4 μL . Selanjutnya, PCR akan direaksikan dengan beberapa tahap (Tabel 2).

Tabel 2. Tahapan reaksi PCR

No	Fase	Suhu	Waktu
1.	fase pre-denaturasi	94°C	5 Menit
2.	Fase denaturasi	94°C	1 Menit
3.	Fase penempelan dengan metode <i>touchdown</i>	50-33°C	1 Menit
4.	Fase ekstensi	72°C	1 menit
5.	Fase denaturasi	94°C	1 Menit
6.	Fase penempelan	50°C	1 Menit
7.	Fase ekstensi	72°C	1 menit
8.	Fase ekstensi final	72°C	8 menit
9.	<i> Holding temperature</i>	4°C	15 menit

Tahap kedua sampai tahap keempat dilakukan sebanyak 5 kali siklus, sedangkan tahap kelima sampai tahap ketujuh dilakukan sebanyak 35 kali siklus (Li & Quiros, 2001).

3.3.5 Elektroforesis Produk PCR

Pembuatan Agarosa 1.5%

Agarosa ditimbang sebanyak 1,2 gram dan dilarutkan dalam 80 ml TBE 0,5 \times . Setelah itu, agarosa dipanaskan ke dalam *microwave* hingga homogen (bening) lalu ditambahkan 2 μL *gel red* dan dihomogenkan kembali. Agarosa cair dituang ke dalam cetakan atau *tray* yang telah dipasang sisiran atau *comb*. Sisiran diangkat setelah agarosa menjadi padat (Sambrook & Russel, 2001).

Elektroforesis Gel Agarosa

Disiapkan tangki elektroforesis dan dituang TBE 0,5× sesuai ukuran tangki. Dimasukkan sebanyak 2 µL DNA hasil PCR kedalam sumuran gel agarosa. Digunakan DNA ladder 100 bp pada ujung sebelah kiri atau kanan DNA hasil PCR. DNA ladder 100 bp digunakan sebagai standar dalam pemisahan fragmen melalui poses elektroforesis. Running sampel dilakukan selama 90 menit pada 100 volt. Sampel kemudian divisualisasi menggunakan *gel doc* (Sambrook & Russel, 2001).

3.3.6 Analisis Data

Data yang diperoleh berdasarkan hasil skoring pita amplifikasi diberi skor yang berbeda, yaitu (1) bila terdapat pita hasil amplifikasi dan (0) bila tidak terdapat pita hasil amplifikasi. Data kemudian dianalisis menggunakan aplikasi NTSYsp. 2.02 (Rohlf, 2005). Nilai kesamaan digunakan untuk menghasilkan dendogram dengan metode UPGMA (*Unweighted Pair Group Method Average*). Dendogram dikalkulasi dengan program SymQual dengan koefisien jarak dan dibangun dengan algoritma clustering SAHN.

V. SIMPULAN DAN SARAN

5.1 Simpulan

Adapun kesimpulan dari penelitian ini diantaranya sebagai berikut.

1. Keragaman genetik pisang (*Musa spp.*) di Kabupaten Pesawaran dengan marka *Sequence Related Amplified Polymorphism* (SRAP) termasuk dalam kategori rendah, yaitu pada rentang 0-0,27.
2. Keragaman genetik menggunakan marka *Sequence Related Amplified Polymorphism* (SRAP) menghasilkan fragmen polimorfik pada 9 kombinasi primer.
3. Hubungan kekerabatan pisang berdasarkan marka *Sequence Related Amplified Polymorphism* (SRAP) membagi 19 sampel kultivar pisang dan 4 sampel pisang liar menjadi 2 *cluster* besar dengan nilai koefisien kesamaan antara 0,70-0,97.

5.2 Saran

Perlu dilakukan kuantifikasi DNA agar diketahui secara jelas konsentrasi dari DNA template, perlu dilakukan juga analisis dengan menggunakan *flow cytometry* untuk konfirmasi genom kultivar pisang yang dianalisis.

DAFTAR PUSTAKA

- Ahmad, F. 2013. *Keanekaragaman Genetik Pisang Musa balbisiana Colla di Indonesia Menggunakan Penanda Amplified Fragment Length Polymorphism (AFLP)*. Tesis. Sekolah Pascasarjana Institut Pertanian Bogor.
- Aneja, B. Yadav, N. R., Yadav R. C., & Kumar, R. 2013. *Sequence Related Amplified Polymorphism (SRAP) Analysis for Genetic Diversity and Micronutrient Content Among Gene Pools in Mungbean (Vigna radita L) Wiljeck. Physiology Molecular Biology of Plants*. 19(3): 399-407.
- Anggereini, E. 2008. Rendom Amplified Polymorphic DNA (RAPD), Suatu Metode Analisis DNA dalam Menjelaskan Fenomena Biologi. *Biospecies*. 1(2): 73-76
- Apriyani, M., Saty, F. M., & Aslina, E. 2018. Faktor yang Mempengaruhi Keputusan Petani Pisang di Lampung. *Prosiding Seminar Nasional Pengembangan Teknologi Pertanian*. 68(9): 45-50.
- Argent, G. C. G. 1976. The Wild Bananas of Papua New Guinea. *Notes from the Royal Botanic Garden Edinburgh*. 35(1): 77-144.
- Ashari, S. 1995. *Hortikultura Aspek Budidaya*. UI Press. Jakarta
- Babu, A. G., Prabhuling, G., Karani, R. S., Satish, D., Patil, R. K., Mulla, S. R., Raghavendra, G., & Jagadeesha, R. C. 2018. Genetic Diversity Analysis among Banana Cultivars Throught ISSR Marker. *Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry*. 7(6): 1576-1580.
- Badan Pusat Statistika. 2020. Luas Panen, Produksi, dan Produktivitas Pepaya, Pisang, dan Nanas menurut Kecamatan di Kabupaten Pesawaran. *pesawarankab.bps.go.id*. Diakses pada tanggal 11 November 2022.

- Badan Pusat Statistika. 2021. Produksi Buah-buahan Menurut Kabupaten/Kota dan Jenis Tanaman (Kuintal). *lampung.bps.go.id*. Diakses pada tanggal 11 November 2022.
- Badan Pusat Statistika. 2022. Produksi Tanaman Buah-buahan. *www.bps.go.id*. Diakses pada tanggal 25 Juni 2023.
- Boonsrangsom, T., Phetnin, B., Ratnasut, K., & Sujipuli, K. 2020. Assesment of Genetic Diversity among *Musa* Cultivars Based on Sequence-Related Amplified Polymorphism Tecnique. *Naresuan University Journal: Science and Tecnology (NUJST)*. 28(2): 52-61.
- Cahyono, B. 2002. *Pisang Budidaya dan Analisis Usaha Tani*. Kanisius. Yogyakarta.
- Cheesman, E. E. 1947. Classification of the Bananas. Chapter II. The Genus *Musa* L. *Kew Bulletin*. 2: 106-117.
- Craveno, V., Martin E., & Country, E. 2007. Genetic Diversity of *Cynara cardunculus* Determined by Sequence-Related Amplified Polymorphism Markers. *Journal of the American Society for Hortikultural Science*. 132: 1-5.
- Das, S. C., Balamohan, T. N., Poornima, K., & Berg, I. V. D. 2018. Evaluation of Genetic Diversity in Some Banana Hybrids Using ISSR Markers. *International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences*. 7(1):146-157.
- De Jesus, O. N., De Oliveirae, S., Amorim, E. P., Ferreira, C. F., De Campos, J. M. S., De Gaspari, S., & Figueira, A. 2013. Genetic Diversity and Population Structure of *Musa* Accessions in Ex-situ Conservation. *BMC Plant Biology* 13(41):1-22.
- De Langhe, E., & Vrydaghs, P. 2009. Why Bananas Matter: An Introduction to the History of Banana Domestication. *Ethnobotany Research and Applications*. 7: 165-177.
- Deephi., P. V. 2016. Taxonomic Scoring and Genomic Grouping in Bananas. *Flora and Fauna*. 22(2): 151-158.

- Ernawati, E., Rochmah, A., Bambang, I., Nurhasanah E., & Mohamad, K. 2018. Germplasm Diversity of Banana (*Musa* spp.) in the City of Bandar Lampung, Indonesia by Type of Genome and Number of Chromosome. *Scholars Journal of Agriculture and Veterinary Sciences (SJAVS)*. 5(4). 251-254.
- Espino, R. R. C., Jamaludin, S. H., Silayoi, B., & Nasution, R. E. 1992. *Musa L. (Edible Cultivars)*. Prosea Foundation. Bogor.
- Gusmiatri., Nurhafidah., & Larekeng, S.H. 2020. Description of Correlation between Quantitative and Qualitative Assays on Candlenut DNA. IOP Conferences Series: Earth and Environmental Science. *The 2nd International Conference on Global Issue for Infrastructure, Environment & Socie Economic Development*. 473(1). 1315-1755.
- Gusmiatri., Sari, N.A., Safira, T.N., Budiman,A., & Larekeng, S. H. 2021. Polimorfisme Penanda RAPD untuk Analisis Keragaman Genetik Kemiri *Aleurites mollucana* di Kabupaten Maros. *Bioma*. 6(1): 22-30.
- Häkkinen, M., & Väre, H. 2008. Taxonomic History and Identity of *Musa dasycarpa*, *Musa velutina* and *Musa assamica* (Musaceae) in Southeast Asia. *Journal Systematics Evaluation*. 46(2): 230-235.
- Hughest, A. R., Inouye, B. D., Johnson, M. T. J., Underwood, N., & Vallend, M. 2008. Ecological Consequences of Genetic Diversity. *Ecology Letters*. 11: 609-623.
- Hutami, S., Mariska, I., & Yati, S. 2006. Peningkatan Keragaman Genetik Tanaman melalui Keragaman Somaklonal. *Jurnal AgroBiogen*. 2(2):81-88.
- Indhirawati, R., Purwantoro, A., Basunanda, P. 2015. Karakterisasi Morfologi dan Molekuler Jagung Berondong Stroberi dan Kuning (*Zea mays* L. Kelompok Everta). *Vegetalika*. 4(1): 102-104.
- INIBAP. 2006. *Global Conservation Strategy for Musa (Banana and Plantain)*. A Consultative Document Prepared by INIBAP with the Collaboration of Umerous Partners in the *Musa* Research and Development Community. International Network for the Improvement of Banana and Plantain. Montpellier.

- Irmawati. 2003. *Perubahan Keragaman Genetik Ikan Kerapu Tikus Generasi Pertama pada Stok Hetchery*. Institut Pertanian Bogor. Bogor.
- Kharadi, A., Chaudhary, S., Pandey, M., Chaudhary, A., Sharma, M. C., & Chikara, S. K. 2014. Analysis of Genetic Diversity among Banana Cultivars Prevalent in Gujarat Region of India Using ISSR Markers. *Indian Journal of Biotechnology and Pharmaceutical Research*. 2(2):14-20.
- Kheyrodin, H., & Ghazvinian, K., 2011. DNA Purification and Isolation of Genomic DNA from Bacterial Species by Plasmid Purification System. *African Journal Agrucultural Research*. 7: 433-442.
- Kiran, U. S. K., Moahnty, P. S., Roy, L., Behera., & Chand, P. K. 2015. Genetic Diversity among Banana Cultivars from Odisha Using RAPD Markers. *Science Research Reporter*. 5(2) : 118-124.
- Kress, W. J. 1990. The Phylogeny and Classification of Zingiberales. *Annals of the Missouri Botanical Graden*. 77(4):698-721.
- Kundu, A. Sarkar, D., Bhattacharjee, A., & Topdar, N. 2011. A Simple Ethanol Wash of the Tissue Homogenates Recovers High-Quality Genomic DNA from *Corchorus* Species Characterized by Highly Acidic and Proteinaceous Mucilages. *Electron J Biotechnol*. 14: 1-7.
- Kurnianingsih, R., Ghazali, M., & Astuti, S. P. 2018. Karakterisasi Morfologi Tanaman Pisang di Daerah Lombok. *Jurnal Biologi Tropis*. 18(2): 235-240.
- Lamare, A., & Rao, S. R. 2015. Efficacy of RAPD, ISSR and DAMD Markers in Assessment of Genetic Variability and Population Structure of Wild *Musa acuminata* Colla. *Physiology and Molecular Biology of Plants*, 21(3), 349-358.
- Langga, I. F., Restu, M., & Kuswinanti. 2012. Optimalisasi Suhu dan Lama Inkubasi dalam Ekstraksi DNA Tanaman Bitti (*Vitex cofassus Reinw*) serta Analisis Keragaman Genetik dengan Teknik RAPD-PCR. *Jurnal Sains dan Teknologi*. 12(3):265-276.

- Li, G., & Quiros, C. F. 2001. Sequence Related Amplified Polymorphism (SRAP). A New Marker System Based on a Simple PCR Reaction: Its Application to Mapping and Gene Tagging in *Brassica*. *Theoretical and Applied Genetics*. 103: 45-461.
- Liu, A. Z., Kress, W. J., & Li, D. Z. 2010. Phylogenetic Analysis of the Banana Family (Musaceae) Based on Nuclear Ribosomal (ITS) and Chloroplast (*trnL-F*) Evidence. *Taxon*. 59(1):20-28.
- Martha, F. M., Wikantika, K., Firman, M. G., Lim, C., & Kamalesha, G. 2020. *Pisang Indonesia*. ITB Press. Bandung.
- Naipospos, Z. F., Miftahudin., & Sobir. 2014. Identifikasi Morfologi dan Marka Molekuler Terpaut Sifat Tidak Berbunga Jantan pada Muatan Pisang Kepok. *Jurnal Hortikultura*. 24(1): 23-31.
- Nasution, R. E. 1991. A Taxonomic Study of the Species *Musa accuminata* Colla with Its Intraspecific Taxa in Indonesia. *Memoirs of Toxyo University of Agriculture*. 32:1-122.
- Nisa, C., Badruzsaury., & Wijaya. 2010. Penentuan Genom Fenetik Kultivar Pisang yang Tumbuh di Kalimantan Selatan. *Zira'ah*. 29(3): 188-192.
- Noormohammadi, Z. F., Shojaei-Jesvaghani, Sheidai, M., Farahani, & Alishah, O. 2011. *Inter Simple Sequence Repeats (ISSR) and Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD) Analysis of Generic Diversity in Mehr Cotton Cultivar and its Crossing Progenies*. *African Journal of Biotechnology*. 10(56): 11839-11847.
- Nurkhairani, P., Roslim, D.I., & Herman. 2017. Optimalisasi Isolasi DNA Tumbuhan Durik-durik dari Danau Paparan Banjir Kajuik di Kecamatan Langgam, Kabupaten Pelalawan, Provinsi Riau. *Jurnal Riau Biologia*. 2(1): 31-35.
- Oktavia, N. 2023 *Analisis Kesesuaian Lahan untuk Tanaman Pisang (Musa acuminata colla) di Kabupaten Pesawaran Berbasis Sistem Informasi Geografis dan Interpretasi Citra Landsat 8 Oli*. Bandarlampung. Universitas Lampung.

- Pillay, M., Ashokkumar, K., James, A., Kirubakaran, S. J. P., Miller, R., Ortiz, R., & Sivalingam, E. 2012. *Molecular Marker Techniques in Musa Genomic Research*. Science Publisher. Taylor & Francis group.
- Poerba, Y. S., Martanti, D., & Ahmad, F. 2018. Genetic Variation of *Musa acuminata* Colla from Indonesia Based on RAPD and ISSR Markers. *Hayati*. 26(2): 1-18.
- Powo. 2019. Plant of the World Online. Facilitated by the Royal Botanic Gardens, Kew. <http://www.plantsoftheworldonline.org/>. Diakses pada tanggal 25 Juni 2023.
- Prayoga, W., & Wardani, A. K. 2015. PCR untuk deteksi *Salmonella sp.* *Jurnal Pangan dan Agroindustri*. 3(2): 483-488).
- 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.
- Qin, X. Q., Peng, H. X., Long, X., & Yao, J. Y. 2014. Preliminary Study on ISSR Analysis and Classification of Wild *Musa* Germplasm in Guangxi, China. *Acta Horticulturae*. 897: 259-262.
- Rahmawati, M., & Hayati, E. 2013. Pengelompokan Berdasarkan Karakter Morfologi Vegetatif pada Plasma Nutfah Pisang Asal Kabupaten Aceh Besar. *Jurnal Agrista*. 17(3): 111-118.
- Robinson, J. C. 1999. *Bananas and Plantains*. CABI Publishing. New York.
- Rohlf, J. F. 2005. *Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System*. State University of New York. New York.
- Rukmana, R. 1999. *Usaha Tani Pisang*. Kanisius. Yogyakarta.
- Sagot, P. 1887. Sur Le Genre Bananier. *Bulletin Societe Botanique France*. 34: 328-330.

- Sambrook, J., & Maniatis, T., 2001. *Molecular Cloning (A Laboratory Manual)* Vol. 2. New York (US): Spring Harbor Laboratory Press.
- Sari, V. 2016. *Keragaman Genetik Bawang Merah Berdasarkan Marka Morfologi dan ISSR*. Tesis. Magister Sains Biologi. Bogor.
- Shafie, S. B., Hasan, S. M. Z., Zain, A. M., Shah, R. M. 2011. RAPD dan ISSR Marker Comparative Analysis of Genetic Diversity in Wormwood Capillary (*Artemisia Capillaris*) from Negeri Sembilan , Malaysia. *Journal Medicinal Plants Research*. 5(1): 4426-4437.
- Shaye, N. A., Migdadi, H., Charbaji, A., Alsayegh, S., Daoud, S., Al-Anazi, W., & Alghamdi, S. 2018. Genetic Variation among Saudi Tomato (*Solanum lycopersicum* L.) Landraces Studied Using SDS-page and SRAP Markers. *Saudi Journal of Biological Sciences*. 4(14): 1-9.
- Sijapati, J., Rana, N., Rana, P., & Shrestha, S. 2008. Optimizarion of RAPD-PCR Conditions for the Study of Genetic Diversity in Nepalese Isolates of *Bacillus thuringiensis* Berliner . *Nepal Journal of Science and Technology*. 9:91-97.
- Simangunsong, A. D., Respatijarti, R., & Damanhuri, D. 2017. Eksplorasi dan Karakterisasi Pisang Mas (*Musa* Spp.) di Kabupaten Nganjuk, Mojokerto, Lumajang dan Kediri. *Jurnal Produksi Tanaman*. 5(3): 363-367.
- Simmonds, N. W., & Shepherd, K. 1955. The Taxonomy and Origins of the Cultivated Banana. *Journal of the Linnean Society of London, Botany*. 50: 302-312.
- Simmonds, N. W. 1956. Botanical Result of the Banana Collecting Expedition. *Kew Bulletin* . 11(3): 463-490.
- Simmonds, N.W. 1959. *Bananas*. Longmands. London .
- Sitompul, S. M., & Guritno. 1995. *Analisis Pertumbuhan Tanaman*. UGM Press. Yogyakarta.

- Sulistiyawati ,P., & Widyatmoko, A. Y. P. B. C. 2017. Keragaman genetik Populasi Kayu Merah (*Pterocarpus indicus* Willd) menggunakan marka Random Amplified Polymorphism DNA. *Jurnal Pemuliaan Tanaaman Hutan*. 11(1): 67-76.
- Sundari, L. A., Estri, H., Luchman, A., Rodiyati., & Didik, W., 2017. Genetic Variability of Local Durian (*Durio zibethinus* Murr.) in Ternate Island Based on RAPD Markers. *Plant Cell Biotechnology and Molecular Biology*. 18(1): 68-75.
- Susilo, H., Darmayani, S., Shofi, M., & Raharjeng, A. R. P. 2018. RAPD Analysis of the Genetic Diversity among Accessions of Micropropagation Bananas from Indonesia. *Journal of Physics Conference Series*. 1114: 1-8.
- Suyanti., A., & Supriadi. 2008. *Pisang Budidaya, Pengolahan dan Prospek Pasar*. Penebar Swadaya. Jakarta.
- Syafaruddin, & Nasution, M. A. 2012. Keragaman 17 Aksesori Plasma Nutfah Kakao berdasarkan Marka Morfologi dan Molekuler. *Jurnal Penelitian Tanaman Industri*. 3(2): 177- 184.
- Valmayor, R. V., Jamaluddin, S. H., Silayoi, B., Kusumo, S., Danh, L. D., Pascua, O. C., & Espino, R. R. C. 2000. *Banana Cultivar Names and Synonym in Southeast Asia*. International Network for the Improvement of Banana and Plantain Asia and the Pasific Office. Philippines.
- Vezina, A. 2013. *Morphology of Banana Plant*. Penerbit Andi. Yogyakarta.
- Vika, T. O., Purwantoro, A., & Wulandari. 2015. Keragaman Genetik pada Tanaman Lili Hujan (*Zephyranthes* spp.). *Vegetalika*. 4(2): 70-77.
- Vivikanda F. 2014. *Deteksi DNA Babi dan DNA Sapi dengan menggunakan Metode Insulated Isothermal Polymerase Chain Reaction (ii-PCR)* [skripsi]. Jakarta (ID): UIN Syarif Hidayatullah Jakarta.
- Vroh-Bi, I., Anagbogu, C., Nadi, S., & Tenkouano, A. 2011. Genomic Characterization of Natural and Somaclonal Variations in Bananas (*Musa* spp.) *Plant Molecular Biology Reporter*. 29(2): 440-448.

- Wahyudi, D., Rifliyah, K., & Uslan. 2020. Genome Evaluation of Banana Cultivars Based on Morphological Character and Inter-Simple Sequence Repeat (ISSR) Molecular Marker. *Biodiversitas*. 21(7):2980-2990.
- Wahyuningsih, A. 2019. *Keragaman Genetik Pisang (Musa spp.) Berdasarkan Karakter Fenotip dan Molekular menggunakan Penanda Random Amplified Polymorphism DNA (RAPD) di Kabupaten Lumajang*. Skripsi. Universitas Islam Negeri Sunan Ampel. Surabaya.
- Walker, J. M., & Rapley, R. 2008. *Molecular Biomethods Handbook*. Second Edition. United Kingdom; Human Press, LLC.
- Yono, D., Wahyudi, Y., Sobir., & Mathius, N. T. 2017. Identifikasi Penanda SSR yang Berasosiasi dengan Bobot Tandan Buah Kelapa Sawit (*Elaeis guineensis* Jack.). *Jurnal Agronomi Indonesia*. 45(1): 79-85.
- Youssef, M., James, A., Rivera-Madrid, R., Ortiz, R., & Escobedo-Gracia, R. M. 2011. *Musa* Genetic Diversity Revealed by SRAP and AFLP. *Molecular Biotechnology*. 47(3):172-180.
- Zaefizadeh, M., & Golief, R. 2009. Diversity and Relationship among Durum Wheat Landraces (Subconvars) by SRAP and Phenotypic Marker Polymorphism. *Journal of Biological Sciences*. 4: 960-966.
- Zazimo, R. O. B., Ratnasut, K., Boonsrangsom, T., & Sujipuli, K. 2018. Assesment of Genetic Diversity among Thai Banana Cultivars (*Musa* spp.) Based on RAPD and SRAP Markers. *International Journal of Biosciences*. 12(4):172-180.
- Zhao, W., Fang, R., Pan, Y., Chung, J. W., Chung, I. M., & Park, Y. J. 2009. Analysis of Genetic Relationship of Mulberry (*Morus* L.) Germ Plasm Using Sequence-Related Amplified Polymorphism (SRAP) Marker. *African Journal of Biotechnology*. 8(11): 2604-2610.
- Zubaidah, S. 2011. *Integritas Pendekatan Morfologi dan Molekuler DNA*. Universitas Negeri Malang. Malang.