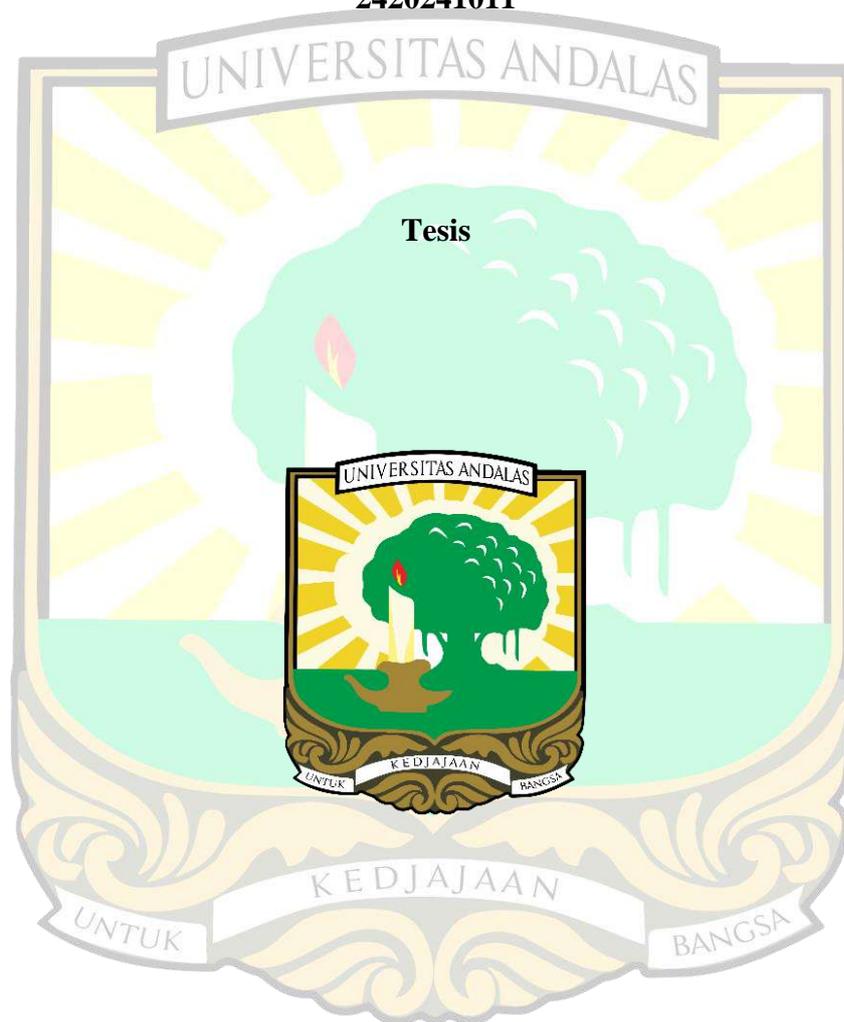


**ANALISIS KERAGAMAN GENETIK AREN (*Arenga pinnata* Merr.)
ASAL SUMATRA BARAT MENGGUNAKAN PENANDA
*SIMPLE SEQUENCE REPEAT (SSR)***

EXEL VALENTINO ZEBUA
2420241011



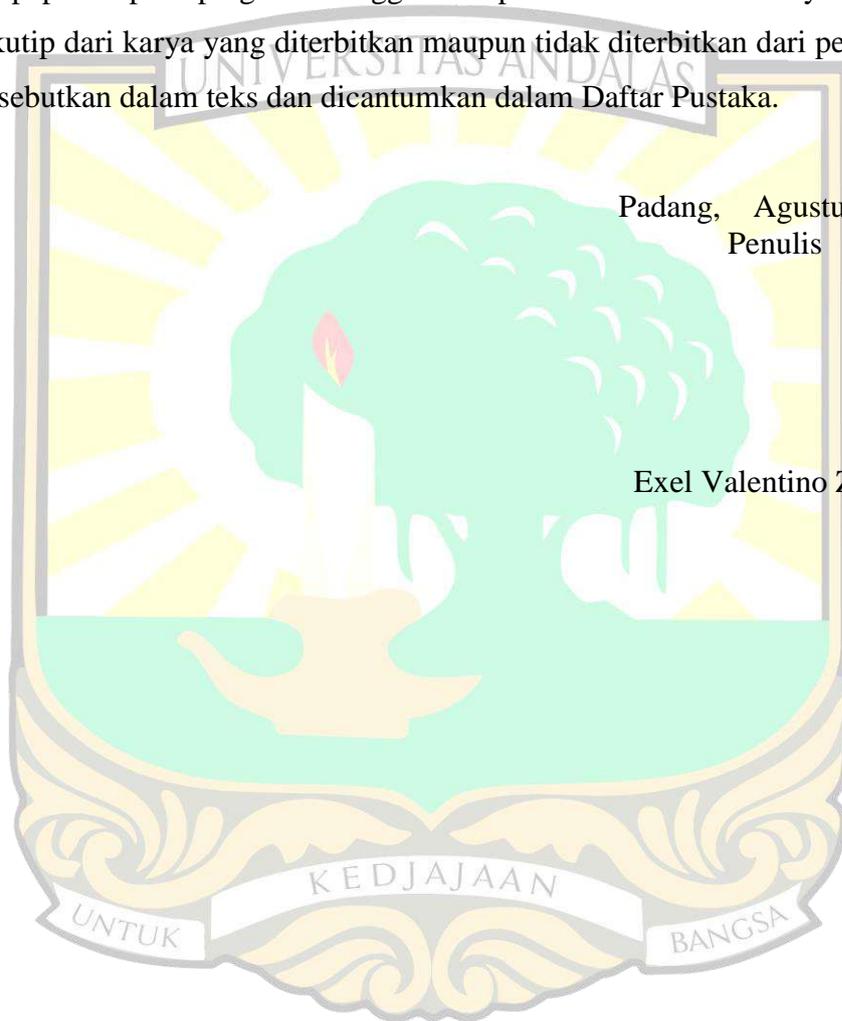
**FAKULTAS PERTANIAN
UNIVERSITAS ANDALAS
PADANG
2025**

PERNYATAAN

Dengan ini saya, Exel Valentino Zebua, menyatakan bahwa Tesis yang saya buat dengan judul “Analisis Keragaman Genetik Aren (*Arenga pinnata* Merr.) Asal Sumatra Barat Menggunakan Penanda *Simple Sequence Repeat* (SSR)” adalah benar karya saya, dengan arahan dari dosen pembimbing dan belum diajukan dalam bentuk apapun kepada perguruan tinggi mana pun. Sumber informasi yang berasal atau dikutip dari karya yang diterbitkan maupun tidak diterbitkan dari penulis lain telah disebutkan dalam teks dan dicantumkan dalam Daftar Pustaka.

Padang, Agustus 2025
Penulis

Exel Valentino Zebua



RINGKASAN

Exel Valentino Zebua. Analisis Keragaman Genetik Aren (*Arenga pinnata* Merr.) Asal Sumatra Barat Menggunakan Penanda Simple Sequence Repeat (SSR). Dibimbing oleh Bapak Aswaldi Anwar, Armansyah, dan Ibu Noflindawati.

Aren (*Arenga pinnata* Merr.) merupakan salah satu tanaman perkebunan yang memiliki prospek pengembangan yang masih sangat luas. Keragaman aren yang luas membuka potensi pengembangan yang sangat besar, sehingga tidak heran banyak upaya pemuliaan tanaman aren yang dilakukan. Eksplorasi dan identifikasi tanaman aren lokal telah dilakukan pada beberapa daerah yang bertujuan untuk melihat keragaman yang ada dan mencari keragaman-keragaman baru yang berpotensi menjadi plasma nutfah yang berharga. Metode yang sering digunakan adalah pengamatan dan analisis pada perbedaan morfologi tanaman dengan bantuan penanda morfologi berupa deskriptor. Akan tetapi, morfologi tanaman dapat dipengaruhi oleh lingkungan tumbuh, sehingga data pengamatan yang didapatkan bisa memunculkan bias yang besar. Untuk menutupi kekurangan yang terdapat pada penanda morfologi, solusinya adalah dengan pendekatan molekuler dengan penanda *Simple Sequence Repeat* (SSR). Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui tingkat keragaman genetik aren yang berasal dari berbagai daerah di Sumatra Barat menggunakan penanda *Simple Sequence Repeat* (SSR). Penelitian telah dilaksanakan di Laboratorium Uji Mutu, Balai Perakitan dan Pengujian Tanaman Buah Tropika, Kabupaten Solok, Sumatra Barat. dari Mei – Juni 2025. Penelitian ini merupakan penelitian deskriptif kuantitatif dengan pendekatan observasional dan analisis genetik. Pendekatan observasi dimulai dengan pengambilan sampel daun aren di berbagai daerah, dilanjutkan dengan analisis genetik dari isolasi DNA, elektroforesis, dan amplifikasi DNA. Analisis yang dilakukan meliputi skoring pita DNA, analisis SSR, analisis keragaman genetik, dan perbandingan hasil keragaman genetik morfologi dan molekuler. Hasil penelitian menunjukkan bahwa penanda SSR dapat digunakan untuk melihat keragaman genetik aren secara molekuler. Hal ini dapat dilihat dari nilai heterozigositas dan PIC keempat primer yang digunakan termasuk tinggi, kecuali AD679 yang hanya dapat membaca pita monomorfik. Keragaman genetik aren di Sumatra Barat termasuk kategori rendah. Hal ini didasarkan pada nilai Shannon Index (I) yang rendah dan banyaknya ditemukan pita monomorfik. Keragaman morfologi dan molekuler aren di Sumatra Barat tidak berkorelasi berdasarkan uji Mantel, namun memperlihatkan beberapa kemiripan pola pengelompokan pada perbandingan dendrogram secara visual.

SUMMARY

Exel Valentino Zebua. Genetic Diversity Analysis of Sugar Palm (*Arenga pinnata* Merr.) from West Sumatra Using Simple Sequence Repeat (SSR) Markers. Supervised by Mr. Aswaldi Anwar, Mr. Armansyah, and Mrs. Noflindawati.

Sugar palm (*Arenga pinnata* Merr.) is one of the plantation crops that has a very broad development prospect. The wide diversity of sugar palm opens up enormous development potential, so it is not surprising that many sugar palm plant breeding efforts have been carried out. Exploration and identification of local sugar palm plants have been carried out in several regions that aim to see the existing diversity and look for new diversity that has the potential to become valuable germplasm. The method that is often used is observation and analysis of differences in plant morphology with the help of morphological markers in the form of descriptors. However, plant morphology can be influenced by the growing environment, so that the observation data obtained can cause a large bias. To cover the shortcomings found in morphological markers, the solution is the molecular approach with Simple Sequence Repeat (SSR) markers. This study aims to determine the level of genetic diversity of sugar palm from various regions in West Sumatra using Simple Sequence Repeat (SSR) markers. The research was conducted at the Quality Test Laboratory, Balai Perakitan dan Pengujian Tanaman Buah Tropika, Solok Regency, West Sumatra, from May to June 2025. This research is a quantitative descriptive research with observational approach and genetic analysis. The observation approach begins with the sampling of palm leaves in various regions, followed by genetic analysis of DNA isolation, electrophoresis, and DNA amplification. The analysis included DNA band scoring, SSR analysis, genetic diversity analysis, and comparison of morphological and molecular genetic diversity results. The results showed that SSR markers can be used to see the molecular genetic diversity of sugar palm. This can be seen from the heterozygosity and PIC values of the four primers used including high, except AD679 which can only read monomorphic bands. Genetic diversity of sugar palm in West Sumatra is categorized as low. This is based on the low Shannon Index (I) value and the number of monomorphic bands found. The morphological and molecular diversity of sugar palm in West Sumatra did not correlate based on the Mantel test, but showed some similarity in the grouping pattern in visual dendrogram comparison.



*Pelimpahan hak cipta atas karya tulis dari penelitian kerja sama dengan pihak luar Unand harus didasarkan pada perjanjian kerja sama yang terkait.

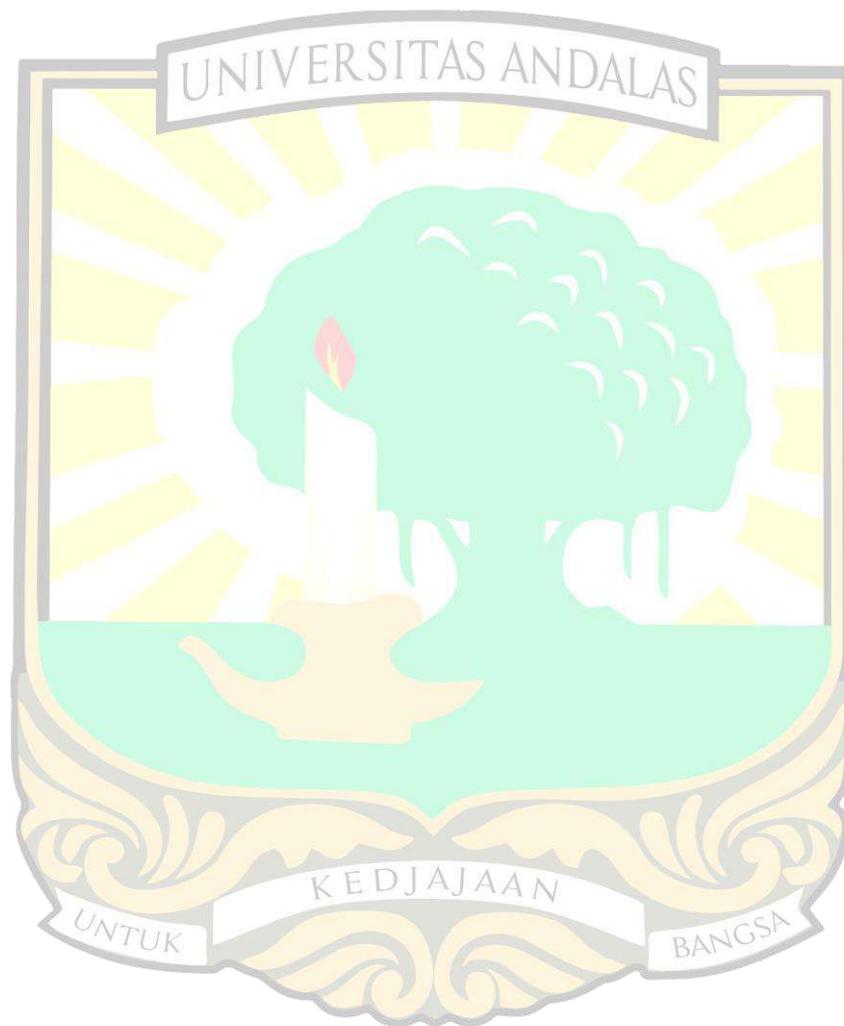
**ANALISIS KERAGAMAN GENETIK AREN (*Arenga pinnata* Merr.)
ASAL SUMATRA BARAT MENGGUNAKAN PENANDA
SIMPLE SEQUENCE REPEAT (SSR)**

EXEL VALENTINO ZEBUA

2420241011



**PROGRAM STUDI S2 AGRONOMI
FAKULTAS PERTANIAN
UNIVERSITAS ANDALAS
PADANG
2025**



Tim Penguji pada Ujian Tesis:

1. Dr. Aprizal Zainal, SP. MSi.
2. Dr. Lily Syukriani, SP. MP.
3. Dr. Nurwanita Ekasari Putri, SP. MSi.

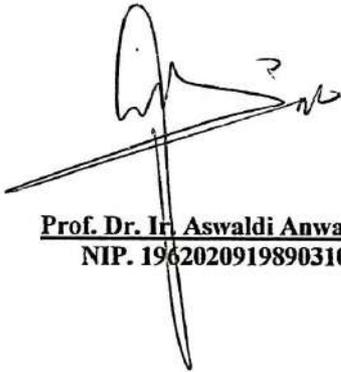
HALAMAN PERSETUJUAN

Judul Tesis : Analisis Keragaman Genetik Aren (*Arenga pinnata* Merr.) Asal Sumatra Barat Menggunakan Penanda *Simple Sequence Repeat* (SSR)
Nama Mahasiswa : Exel Valentino Zebua
Nomor Pokok : 2420241011
Program Studi : Agronomi

Tesis ini telah diuji dan dipertahankan di depan sidang panitia ujian akhir Magister Pertanian pada Program Studi Agronomi Fakultas Pertanian, Universitas Andalas pada tanggal 29 Juli 2025.

Menyetujui

Pembimbing I



Prof. Dr. Ir. Aswaldi Anwar, MS.
NIP. 196202091989031002

Pembimbing II



Dr. Armansyah, SP. MP
NIP. 19740906200501004

Pembimbing III



Dr. Noflindawati, SP. MSi.
NIP. 197211232002122001

Dekan Fakultas Pertanian
Universitas Andalas



Prof. Dr. Ir. Indra Dwipa, M.S
NIP. 196502201989031003

Ketua Program Studi



Dr. Aprizal Zainal, S.P., M. Si
NIP. 197004091997021001

بِسْمِ اللَّهِ الرَّحْمَنِ الرَّحِيمِ

“Sesungguhnya bersama kesulitan ada kemudahan, Maka apabila engkau telah selesai (dari suatu urusan), tetaplah bekerja keras (untuk urusan yang lain), dan hanya kepada Tuhanmulah engkau berharap”

(QS Al-Insyrah: 6-8)

Alhamdulillah rabbil’alamin. Terima kasih ya Allah atas segala rahmat dan berkah-mu, tanpa adanya bantuan dan ridho-mu maka belum pasti segala cobaan dan ujian ini bisa hamba lalui sampai saat ini, dan Semoga berkah-mu selalu menyertai ku baik dalam lisan dan perbuatan dalam menjalani kehidupan. Sungguh aku tiada ada apa-apanya melainkan tanpa berkah dan rahmat-mu ya Allah maka jadikan lah diriku sebagai hamba-mu yang senantiasa bersujud dan berdua padamu ya Allah. Aamiin.

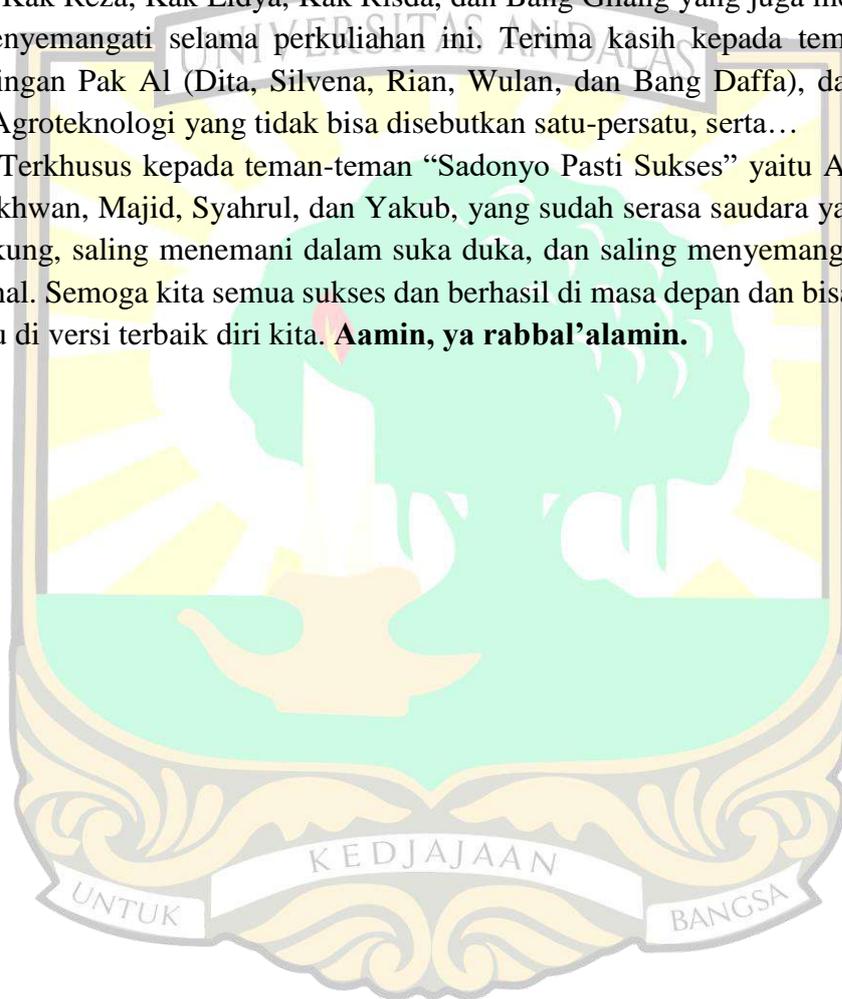
Karya kecil ini ku persembahkan kepada kedua orang tuaku tercinta yang telah memberikan segalanya, keringat, darah, dan air mata mereka untuk kesuksesanku. Kuucapkan terima kasih mendalam kepada Ayah (Ariston Zebua) dan Bunda (Nina Az) atas semua pengorbanan kalian kepada diriku hingga mencapai titik ini. Semoga Allah senantiasa memberikan perlindungan, berkah, dan rahmatnya, dan membalas pengorbanan kalian dengan surganya. Aamiin. Terima kasih juga kepada Adik-adikku, Rafael Orlando Zebua dan Gafriel Carvalo Zebua yang terus menyemangati dan mendukung serta memberikanku motivasi agar bisa menjadi sosok Abang yang dapat kalian banggakan. Terima kasih juga kepada keluargaku di Sawahlunto (Mama bi, Alo, Tebi, dan Evan) yang sudah memberikan nasehat-nasehat serta mendukung dalam perkuliahan selama ini.

Terima kasih juga kuucapkan kepada Bapak Prof. Dr. Ir. Aswaldi Anwar, MS., Dr. Armansyah, SP. MP., dan Dr. Noflindawati, SP. MSi. yang telah membimbing, mengarahkan, dan memotivasiku sehingga dapat menyelesaikan perkuliahan dan tesis ini. Terima kasih Pak Al dan Pak Arman juga telah menjadi orang tua kedua selama di kampus. Semoga Bapak sekalian senantiasa diberkahi oleh Allah SWT dan semoga ilmu yang bapak berikan hingga saat ini dan yang akan datang menjadi buah pahala yang berlipat ganda. Terima kasih juga kepada Buk Wati yang mewadahi, memfasilitasi, membantu, dan membimbing selama proses penelitian dan penulisan tesis ini, yang membuatku paham dan mengerti tentang apa yang kukerjakan hingga dapat menyelesaikannya sampai titik ini. Kuucapkan terima kasih juga kepada Bapak/Ibu dosen dan Staff di Departemen Agronomi yang telah mendidik dan memberikan dukungannya, semoga kebaikan Bapak/Ibu dibalaskan pahala oleh Allah SWT.

Terima kasih kuucapkan kepada Balai Balai Perakitan dan Pengujian Tanaman Buah Tropika yang telah mengizinkan dan memfasilitasi penelitian baik sarana maupun pasarananya. Terima kasih juga kuucapkan kepada seluruh staf laboratorium uji mutu dan molekuler yang telah membantu dan membimbing selama proses pengerjaan penelitian. Tanpa bantuan dari kalian semua, belum tentu aku bisa menyelesaikan penelitian ini dengan benar.

Terima kasih kepada Teman-teman fast track 20 (Majid, Syahrul, Ikhwan, Huri, Salsa, Tisya, Hajra, Fadil, Rangga, Thaza, Najeli, dan Vania) yang saling menyemangati dan mendukung dalam menyelesaikan skripsi. Terima kasih juga kepada Kak Reza, Kak Lidya, Kak Risda, dan Bang Gilang yang juga mendukung dan menyemangati selama perkuliahan ini. Terima kasih kepada teman-teman sebimbangan Pak Al (Dita, Silvena, Rian, Wulan, dan Bang Daffa), dan teman-teman Agroteknologi yang tidak bisa disebutkan satu-persatu, serta...

Terkhusus kepada teman-teman “Sadonyo Pasti Sukses” yaitu Alif, Arya, Azril, Ikhwan, Majid, Syahrul, dan Yakub, yang sudah serasa saudara yang saling mendukung, saling menemani dalam suka duka, dan saling menyemangati dalam segala hal. Semoga kita semua sukses dan berhasil di masa depan dan bisa kembali bertemu di versi terbaik diri kita. **Aamin, ya rabbal’alamin.**



KATA PENGANTAR

Puji dan syukur penulis ucapkan atas kehadiran Allah SWT, dengan izin-Nya penulis dapat menyelesaikan penulisan tesis ini dengan baik. Shalawat dan salam dicurahkan kepada Nabi Muhammad SAW yang telah membawa umatnya dari zaman kebodohan hingga zaman yang berilmu pengetahuan seperti saat ini. Tesis yang berjudul “**Analisis Keragaman Genetik Aren (*Arenga pinnata* Merr.) Asal Sumatra Barat Menggunakan Penanda Simple Sequence Repeat (SSR)**” ini bertujuan sebagai salah satu syarat untuk mendapatkan gelar Magister Pertanian di Fakultas Pertanian, Universitas Andalas.

Penulis mengucapkan terimakasih kepada Prof. Dr. Ir. Aswaldi Anwar, MS., Dr. Armansyah, SP. MP., dan Dr. Noflindawati, SP. MSi. selaku dosen pembimbing yang telah memberikan arahan dan saran kepada penulis baik dalam studi perkuliahan maupun dalam penulisan tesis ini. Penghormatan dan penghargaan penulis ucapkan kepada orang tua yang telah memberikan dukungan serta doa. Terima kasih juga kepada seluruh dosen serta teman-teman yang telah memberikan nasihat, motivasi, dan dukungan sehingga penulis dapat menyelesaikan tesis ini.

Penulis menyadari bahwa tesis ini jauh dari kesempurnaan dan masih memerlukan banyak perbaikan dan oleh karena itu, penulis berharap adanya masukan dan saran yang membangun untuk menyempurnakan tesis ini. Semoga tesis ini dapat memberikan manfaat sebagai informasi pengetahuan umum dan menjadi acuan dalam penulisan karya tulis ilmiah lain. Akhir kata penulis ucapkan terima kasih.

Padang, Agustus 2025

E.V.Z

DAFTAR ISI

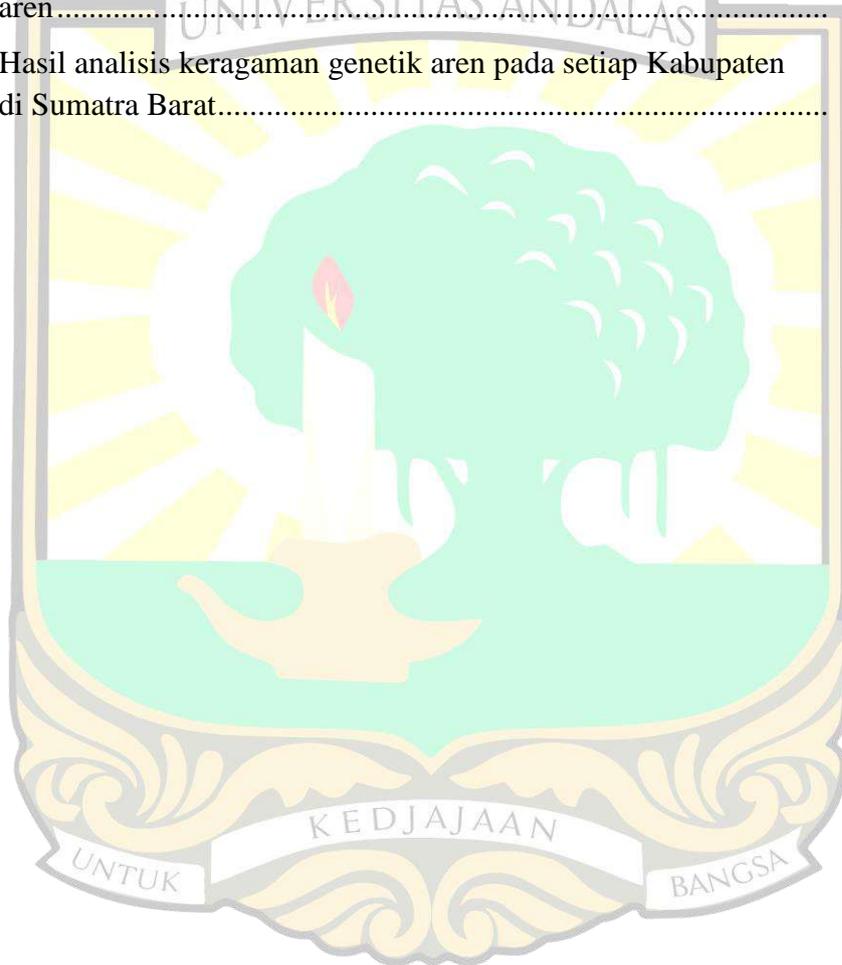
	Halaman
KATA PENGANTAR.....	viii
DAFTAR ISI.....	xi
DAFTAR TABEL	xiii
DAFTAR LAMPIRAN.....	xv
BAB I. PENDAHULUAN.....	1
1.1 Latar Belakang	2
1.2 Rumusan Masalah.....	5
1.3 Tujuan Penelitian	5
1.4 Manfaat Penelitian	5
BAB II. TINJAUAN PUSTAKA.....	6
2. 1. Profil Tanaman Aren	6
2. 2. Keragaman Genetik	8
2. 3. Polymerase Chain Reaction (PCR).....	9
2. 4. Penanda Simple Sequence Repeat (SSR)	11
BAB III. METODE PENELITIAN	13
3.1 Tempat dan Waktu	13
3.2 Bahan.....	13
3.3 Peralatan	13
3.4 Metode Penelitian	14
3.5 Prosedur Penelitian	14
BAB IV HASIL DAN PEMBAHASAN	19
4.1. Koleksi Sampel Daun	19
4.2. Hasil Uji Kuantitas DNA	20
4.3. Analisis Simple Sequence Repeat.....	21
4.4. Analisis Keragaman Genetik.....	24
4.5. Hubungan Keragaman Genetik Molekuler dan Morfologi.....	30
BAB V KESIMPULAN DAN SARAN	35
5.1. Kesimpulan	35

5.2. Saran.....	35
DAFTAR PUSTAKA	36
LAMPIRAN.....	41



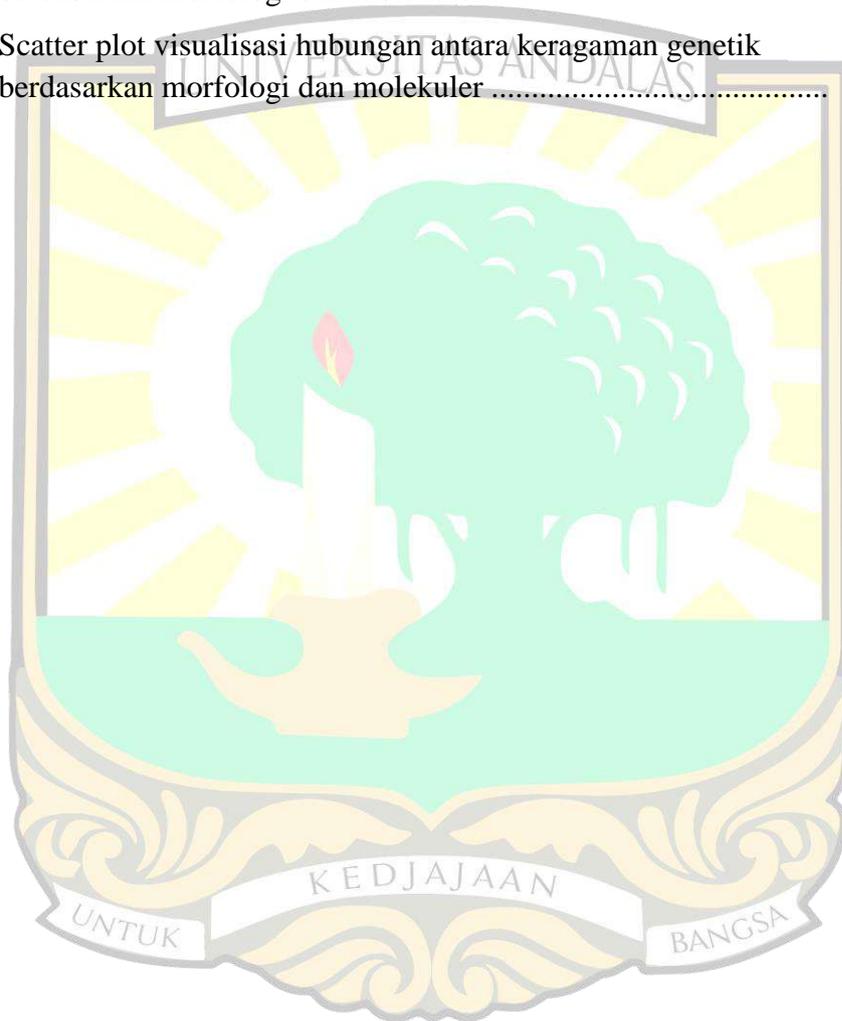
DAFTAR TABEL

Tabel	Halaman
1. Primer SSR yang digunakan untuk analisis keragaman genetik...	13
2. Hasil pengujian kuantitas DNA menggunakan spektrofotometer.	20
3. Hasil skoring pita DNA hasil amplifikasi dari keempat primer yang digunakan	22
4. Hasil analisis SSR dengan empat primer terhadap 18 sampel aren.....	23
5. Hasil analisis keragaman genetik aren pada setiap Kabupaten di Sumatra Barat.....	25



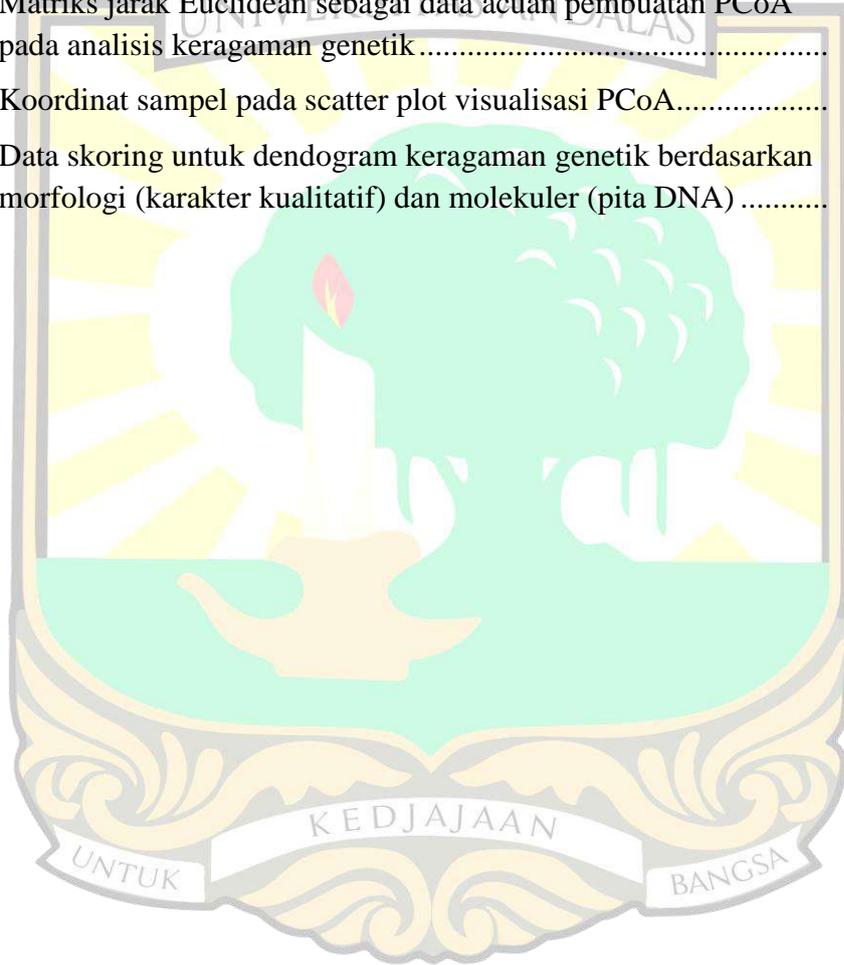
DAFTAR GAMBAR

Tabel	Halaman
1. Dendogram hasil analisis kedekatan genetik (kekerabatan) antara 18 sampel aren di Sumatra Barat.....	28
2. Plot PCoA (Principle Coordinate Analysis) yang menunjukkan kemiripan sampel aren di Sumatra Barat	29
3. Perbandingan dendogram antara teknik analisis keragaman berdasarkan morfologi dan molekuler	31
4. Scatter plot visualisasi hubungan antara keragaman genetik berdasarkan morfologi dan molekuler	33



DAFTAR LAMPIRAN

Lampiran	Halaman
1. Jadwal Kegiatan Penelitian dari bulan Mei s.d. Juni 2025	42
2. Peta lokasi pengambilan sampel daun aren di berbagai lokasi di Sumatra Barat.....	43
3. Matriks kemiripan genetik aren di Sumatra Barat dengan koefisien kemiripan Simple Matching Coefficient (SMC).....	44
4. Matriks jarak Euclidean sebagai data acuan pembuatan PCoA pada analisis keragaman genetik.....	45
5. Koordinat sampel pada scatter plot visualisasi PCoA.....	46
6. Data skoring untuk dendrogram keragaman genetik berdasarkan morfologi (karakter kualitatif) dan molekuler (pita DNA)	47



RIWAYAT HIDUP

Penulis dilahirkan di Muaro, Kecamatan Sijunjung, Kabupaten Sijunjung, Provinsi Sumatera Barat pada 13 November 2001. Penulis merupakan anak pertama dari pasangan Ariston Zebua dan Nina Az. Penulis menempuh pendidikan sekolah dasar di SDN 20 Muaro Gambok pada tahun 2008-2014. Penulis melanjutkan sekolah menengah pertama di SMPN 7 Sijunjung pada tahun 2014-2017. Sekolah menengah atas di SMAN 1 Sijunjung pada tahun 2017-2020. Pada tahun 2020, penulis diterima di Program Studi Agroteknologi, Departemen Agronomi, Fakultas Pertanian, Universitas Andalas, Padang untuk jenjang S1 melalui jalur SNMPTN. Pada Agustus 2023, penulis mengikuti program *fasttrack* untuk melanjutkan studi ke Program Studi S2 Agronomi, Universitas Andalas. Penulis berhasil menyelesaikan pendidikan S1 pada Juli 2024 dengan masa studi terhitung selama empat tahun dengan predikat pujian.

Selama menempuh pendidikan S2 di Fakultas Pertanian, Universitas Andalas, penulis tergabung ke dalam proyek penelitian Aren yang diketuai oleh Prof. Dr. Ir. Aswaldi Anwar, MS. yang juga berperan sebagai dosen pembimbing dari penulis. Dari proyek tersebut penulis melakukan penelitian dengan judul “Analisis Keragaman Genetik Aren (*Arenga pinnata* Merr.) Asal Sumatra Barat Menggunakan Penanda *Simple Sequence Repeat (SSR)*” yang menjadi judul dari tesis ini. Penulis juga menulis karya ilmiah dengan judul “Karakterisasi Morfologis Pohon Aren (*Arenga pinnata* Merr.) di Kecamatan Talamau, Pasaman Barat” yang telah dipublikasi di jurnal JAGUR: Jurnal Agroteknologi (Sinta 4). Penulis berharap ilmu dan pengalaman yang diperoleh selama menempuh pendidikan dapat memberikan manfaat bagi pengembangan ilmu pengetahuan, khususnya di bidang agronomi, serta menjadi kontribusi nyata bagi kemajuan pertanian di Indonesia.

BAB I. PENDAHULUAN

1.1 Latar Belakang

Aren (*Arenga pinnata* Merr.) merupakan salah satu tanaman perkebunan yang sangat berpotensi dan memiliki prospek pengembangan yang masih sangat luas. Aren menghasilkan nira sebagai produk utamanya, diikuti oleh kolang-kaling dan ijuk sebagai produk sampingan. Nira merupakan hasil metabolisme tanaman aren dalam bentuk cairan yang diperoleh petani melalui penyadapan tangkai bunga jantan. Nira memiliki rasa yang manis karena kandungan gulanya yang tinggi, sehingga sering diolah menjadi bahan makanan seperti gula aren dan gula semut.

Tanaman aren memiliki usia produktif yang sangat panjang, yaitu mencapai 15 tahun setelah memasuki fase generatif. Pada umumnya fase pembungaan pada aren dimulai ketika aren berusia 8-10 tahun. Bunga betina aren pertama tumbuh pada bagian atas yaitu beberapa sentimeter di bawah pucuk daun, sedangkan bunga jantan tumbuh pada ruas-ruas batang aren dengan pola melingkar ke arah bawah (Widyawati, 2012). Perbedaan posisi bunga ini menyebabkan kesulitan pada proses penyerbukan sehingga penyerbukan sering terjadi dengan bantuan serangga dan angin (Pranoto *et al.*, 2022). Sumber polen yang menyerbuki bunga betina berasal dari polen asing, dan perbedaan masa anthesis bunga jantan dan masa reseptif bunga betina menjadi penyebab utama aren sangat beragam.

Biji aren terletak di dalam buah aren yang terbentuk dari proses penyerbukan pada tandan bunga betina. Bunga betina aren memiliki banyak untaian, dan setiap untaian terdapat banyak bakal bunga. Pada saat penyerbukan, hanya bunga yang terserbuki yang akan berkembang menjadi buah. Biji aren memiliki karakteristik yang berbeda satu sama lain, bahkan yang berasal dari tandan yang sama. Perbedaan tersebut dapat terlihat pada posisi munculnya apokol yang bervariasi. Apokol merupakan jaringan bunga karang berwarna putih tempat tumbuhnya tunas dan akar pada benih aren. Posisi apokol munculnya ada yang terletak pada posisi kiri atas, kiri bawah, kanan atas, kanan bawah, dan tengah benih. Perbedaan posisi muncul apokol ini diyakini merupakan pengaruh dari

genetik aren itu sendiri, yang menunjukkan besarnya tingkat keragaman aren (Anwar *et al.*, 2024).

Aren dapat dibedakan menjadi tipe aren dalam dan aren genjah berdasarkan tinggi tanaman dan usia produktifnya. Aren dalam memiliki batang yang menjulang tinggi mencapai ± 25 meter sedangkan aren genjah memiliki tinggi dengan kisaran 3-5 meter. Perbedaan ukuran tanaman ini dapat mempengaruhi banyak hal dalam budidaya aren. Aren genjah akan mulai berproduksi pada usia 5-6 tahun, lebih cepat daripada aren dalam yang butuh waktu 10-15 tahun (Laksananny & Pujirahayu, 2017). Aren tipe dalam memiliki potensi jumlah bunga jantan yang akan tumbuh akan lebih banyak dibandingkan aren genjah. Dari sisi efisiensi penyadapan, pohon aren genjah dapat disadap lebih mudah dan aman dibandingkan aren dalam yang tinggi dan berbahaya. Sifat genjah pada pohon aren diyakini dipengaruhi oleh gen-gen tertentu yang hanya terdapat pada jenis aren genjah. Gen ini merupakan faktor yang menyebabkan keragaman interspesies pada aren, sehingga menjadi sumber plasma nutfah yang dapat dikembangkan melalui program pemuliaan tanaman.

Keragaman aren yang luas membuka potensi pengembangan yang sangat besar, sehingga tidak heran banyak upaya pemuliaan tanaman aren yang dilakukan. Eksplorasi dan identifikasi tanaman aren lokal telah dilakukan pada beberapa daerah yang bertujuan untuk melihat keragaman yang ada dan mencari keragaman-keragaman baru yang berpotensi menjadi plasma nutfah yang berharga. Eksplorasi dan identifikasi telah dilakukan di berbagai daerah Sumatra Barat, seperti Kecamatan Talamau, Pasaman Barat; Kecamatan Akabiluru, Kabupaten Lima Puluh Kota; dan Kecamatan IX Koto, Kabupaten Dharmasraya. Hasil eksplorasi tersebut menunjukkan bahwa terdapat keragaman antara aksesi di daerah yang sama berdasarkan ciri morfologis seperti tinggi batang, panjang pelepah, dan jarak antar mayang, dan berdasarkan potensi hasil seperti hasil nira per hari dan kadar gula terlarut (Zebua, 2024; Juadinta, 2025; Fadlillah, 2024). Eksplorasi dan identifikasi aren di luar Sumatra Barat juga telah dilakukan di Kutai Timur (Tenda *et al.*, 2010), Deli Serdang (Margolang, 2023), dan Tapanuli Selatan (Harahap *et al.*, 2018). Berbagai kegiatan eksplorasi yang telah dilakukan pada berbagai daerah telah membuahkan hasil yaitu dengan dilepasnya beberapa varietas unggul aren. Saat ini

telah terdapat beberapa varietas aren unggul yaitu dilepasnya varietas aren unggul oleh Kementerian Pertanian, yaitu Aren Genjah Kutim dari Kalimantan Timur (Kepmen No. 3879/KPTS/SR.120/9/2011), Aren Smulen dari Bengkulu (Kepmen Pertanian No. 44/KPTS/KB.020/2/2019), Aren Parasi dari Banten (Kepmen Pertanian No. 910/KPTS/KB.310/12/2018), dan Aren tipe dalam Toumuung dari Tomohon, Sulawesi Utara (Kepmen Pertanian No. 1059/KPTS/SR.120/10/2014).

Keragaman genetik aren yang luas menjadi alasan kuat pentingnya dilakukan analisis keragaman genetik. Analisis keragaman dilakukan untuk melihat variasi genetik dalam suatu populasi tanaman yang sering digunakan sebagai langkah awal dalam pemuliaan tanaman dan pelestarian plasma nutfah. Metode yang sering digunakan adalah pengamatan dan analisis pada perbedaan morfologi tanaman dengan bantuan penanda morfologi berupa deskriptor. Akan tetapi, morfologi tanaman dapat dipengaruhi oleh lingkungan tumbuh, sehingga data pengamatan yang didapatkan bisa memunculkan bias yang besar. Untuk menutupi kekurangan yang terdapat pada penanda morfologi, solusinya adalah dengan pendekatan molekuler dengan penanda *Simple Sequence Repeat* (SSR).

Simple Sequence Repeats atau disebut juga dengan mikrosatelit merupakan penanda atau marka molekuler yang sering digunakan untuk studi keragaman genetik. Penanda ini bersifat kodominan, keberadaannya melimpah pada genom tanaman, tingkat reproduibilitas tinggi, polimorfisme tinggi, serta mudah diskoring sehingga dapat mendeteksi variasi alel yang tinggi. Oleh karenanya, penanda SSR dapat digunakan untuk mendeteksi tanaman yang berkerabat dekat lebih baik dibandingkan dengan penanda molekuler yang lain (Santoso *et al.*, 2006).

Penelitian yang menggunakan marka SSR telah banyak dilakukan di Indonesia. Salah satunya yaitu melalui penelitian Pasaribu *et al.* (2017), pada tanaman kelapa sawit memberikan hasil yang sama yaitu penanda SSR dapat mendeskripsikan keragaman molekuler kelapa sawit (*Elaeis guineensis*) berdasarkan jumlah alel, panjang alel, nilai heterozigositas, dan nilai informasi polimorfisme. Pada tanaman aren, analisis keragaman telah dilakukan oleh Rinawati *et al.* (2021) pada sembilan lokasi penghasil aren di Indonesia yang menunjukkan hasil bahwa tidak ada pola pengelompokan tertentu berdasarkan

lokasi. Selain itu Anwar *et al.* (2024) juga melakukan analisis keragaman pada kecambah aren berdasarkan posisi muncul apokol, hasilnya terdapat keragaman genetik di antara kecambah aren tersebut, dengan jarak genetik antara apokol yang diamati berkisar 0.28 – 0.72.

Tanaman aren yang berasal dari berbagai daerah Sumatra Barat diyakini memiliki keragaman genetik luas, dibuktikan dengan perbedaan morfologi yang didapat dari kegiatan karakterisasi. Keragaman genetik yang luas ini dapat dimanfaatkan untuk kegiatan pemuliaan tanaman, yaitu pada proses seleksi tanaman induk, sehingga diperoleh tanaman induk yang unggul. Akan tetapi, analisis keragaman genetik berdasarkan penanda molekuler pada tanaman aren yang didasarkan pada lokasi berbeda di Sumatra Barat belum pernah dilakukan, sedangkan populasi aren semakin berkurang seiring berkurangnya jumlah petani aren yang ada saat ini. Dampaknya, keragaman genetik aren ini dapat tergerus dan akhirnya hilang, yang artinya terjadi kehilangan plasma nutfah yang berharga. Oleh karena itu, dilakukan “Analisis Keragaman Genetik Aren (*Arenga pinnata* Merr.) Asal Sumatra Barat Menggunakan Penanda *Simple Sequence Repeats* (SSR)”

1.2 Rumusan Masalah

Bagaimana keragaman genetik aren (*Arenga pinnata*) yang tersebar di berbagai daerah di Provinsi Sumatra Barat dengan metode analisis SSR?

1.3 Tujuan Penelitian

Tujuan penelitian ini adalah untuk mengetahui tingkat keragaman genetik aren yang berasal dari berbagai daerah di Sumatra Barat dengan menggunakan penanda *Simple Sequence Repeat* (SSR).

1.4 Manfaat Penelitian

Manfaat penelitian ini adalah sebagai sumber informasi keragaman dan variasi genetik aren yang tersebar di Sumatra Barat dan membantu proses pemuliaan tanaman pada proses seleksi dan pemilihan tanaman induk yang memiliki produksi nira yang tinggi, serta untuk keperluan konservasi tanaman.

BAB II. TINJAUAN PUSTAKA

2. 1. Profil Tanaman Aren

Aren merupakan tanaman palem-paleman yang berasal dan tersebar di hampir seluruh kawasan Indonesia. Aren merupakan tanaman dengan klasifikasi botani; Kingdom: *Plantae*, Divisi: *Spermatophyta*, Subdivisi: *Angiospermae*, Kelas: *Monocotyledoneae*, Ordo: *Arecales*, Famili: *Arecaceae*, Genus: *Arenga*, Spesies: *Arenga pinnata*. Secara global, aren biasa dikenal dengan nama *sugar palm* dan *gomuti palm*. Dalam bahasa lokal atau Bahasa daerah, aren memiliki berbagai macam nama seperti bakjuk/bakjok (Aceh), pola/paula (Karo), bagot (Toba), agaton/bargat (Mandailing), anau/onou (Minangkabau), anau/neluluk/nanggong (Jawa), aren/kawung (Sunda), hanau (Dayak, Kalimantan), onau (Toraja), dan mana/nawa-nawa (Ambon) (Widyawati, 2012).

Pohon aren memiliki tinggi mencapai 25 meter, diameter 65 cm, dan diameter tajuk mencapai 6 meter pada usia dewasa. Akar aren merupakan akar tunjang yang dapat mencapai panjang 6 meter pada saat dewasa dan memiliki cabang akar yang menembus subsoil tanah. Pohon aren memiliki batang yang tidak bercabang seperti pohon kelapa, namun pada permukaannya tertutupi oleh serat-serat alami berwarna gelap yang disebut ijuk. Daun pohon aren juga memiliki karakter yang serupa dengan tanaman palem lainnya seperti kelapa sawit dan kelapa, yaitu daun majemuk dengan panjang dapat mencapai 5 meter dengan anak daun yang banyak dan pada permukaannya berlapis lilin. Pangkal dari pelepah daun yang melekat pada batang pohon aren juga perlahan terurai menjadi ijuk (Widyawati, 2012).

Aren merupakan tanaman *monoecious* atau berumah satu, karena bunga jantan dan bunga betina terdapat pada pohon yang sama. Pada pohon aren, bunga jantan dan betina terpisah pada tandan bunga yang berbeda. Aren juga merupakan tanaman determinate, karena saat sudah mulai berbunga, pertumbuhan vegetatif tanaman aren akan berhenti dan akan berfokus pada pembentukan bunga. Tandan bunga jantan aren akan tumbuh pada ruas batang dengan pola tumbuh yang unik dari atas ke bawah, sedangkan tandan bunga betina akan tumbuh hanya pada bagian atas pohon dengan ukuran yang lebih besar dari tandan bunga jantan.

Tanaman aren melakukan penyerbukan sangat bergantung pada agen penyerbuk seperti angin dan serangga. Pembentukan buah aren terjadi pada untaian bunga yang terdapat pada tandan bunga betina yang membutuhkan waktu panjang lebih dari satu tahun untuk buah masak secara fisiologis (Widyawati, 2012).

Aren memiliki banyak potensi yang dapat dimanfaatkan manusia, karena hampir seluruh bagian tanaman aren dapat dimanfaatkan. Hasil utama tanaman aren adalah nira yang merupakan hasil penyadapan pada tangkai bunga jantan. Nira (*sap*) merupakan hasil metabolisme tanaman yang berbentuk cairan bukan pati, mengandung air dan juga senyawa gula (Broussard *et al.*, 2023). Nira dapat dimanfaatkan sebagai bahan pemanis pengganti gula pasir dalam bentuk gula aren dan gula semut. Pengolahan nira lebih lanjut dengan melalui proses fermentasi dapat mengubah kandungan nira menjadi alkohol, yang apabila diolah lebih lanjut dapat menjadi bahan bakar alternatif yaitu bioethanol. Bioethanol dinilai memiliki nilai oktan yang tinggi, sehingga dimanfaatkan sebagai campuran bahan bakar minyak untuk menaikkan nilai oktan Bahan Bakar Minyak (BBM) (Yunus *et al.*, 2020). Selain nira, potensi hasil aren yang dapat dimanfaatkan adalah biji muda atau yang dikenal dengan nama kolang-kaling. Kolang-kaling sering dijumpai sebagai campuran dalam olahan minuman manis dan olahan makanan. Pohon aren juga menghasilkan ijuk yang bermanfaat sebagai bahan utama pembuatan sapu ijuk dan sebagai bahan campuran beton (Winarto, 2017).

Bagian pohon aren juga dapat dimanfaatkan, seperti akar aren yang dijadikan anyaman dan ekstraknya dapat digunakan sebagai obat tradisional penghancur batu kemih. Batang aren memiliki nilai ekonomi tinggi yang terletak pada empulur batangnya. Empulur batang aren mengandung pati yang dapat diolah menjadi tepung aren (Widyawati, 2012). Daun aren dapat dimanfaatkan sebagai anyaman dan tulang anak daun juga dapat dimanfaatkan sebagai lidi pada industri sapu lidi. Tangkai pelepah daun aren juga dapat dimanfaatkan yaitu sebagai bahan bakar berupa kayu bakar.

Indonesia memiliki luas areal budidaya aren seluas 63.244 ha yang terdiri dari tanaman liar dan perkebunan milik rakyat (Direktorat Jendral Perkebunan, 2022). Tanaman aren tersebar hampir di seluruh wilayah Indonesia pada wilayah perbukitan, terutama Banten, Kalimantan Timur, dan Pulau Sumatra, salah satunya

Sumatra Barat. Di provinsi Sumatra Barat, aren tersebar di semua kabupatennya. Hal ini menyebabkan keragaman aren, untuk daerah Sumatra Barat saja sangatlah luas, ditambah dengan sumber benih yang tidak jelas di setiap wilayahnya. Hal ini dikarenakan aren liar yang tumbuh dan dimanfaatkan petani berasal dari pemencaran biji oleh hewan yang mengkonsumsi buah aren, contohnya musang (Handayani, 2022). Aren di Sumatra Barat memiliki keragaman yang tinggi antara satu daerah dengan daerah lainnya. Keragaman yang ditemukan mulai dari perbedaan praktik budidaya oleh masyarakat dan perbedaan ciri morfologisnya. Keragaman tanaman aren di Sumatra Barat dapat dilihat dari perbedaan tinggi pohon aren di setiap daerah, ukuran dan warna daun, warna dan permukaan ijuk, serta jarak antara tandan jantan yang muncul. Selain itu terdapat juga karakter unik pada penelitian Juadinta (2025) yaitu terdapat pohon aren yang hanya memiliki tandan bunga jantan saja dan tidak memiliki tandan bunga betina, sehingga diduga potensi hasil niranya lebih tinggi daripada pohon aren pada umumnya.

2. 2. Keragaman Genetik

Keragaman genetik merupakan konsep mengenai derajat keanekaragaman gen dalam suatu spesies yang diukur dari variasi genetik (unit-unit kimia atau sifat-sifat warisan yang diturunkan dari suatu generasi ke generasi lainnya) yang terkandung dalam gen-gen individu organisme dari suatu jenis, sub jenis, varietas atau keturunan. Pengetahuan keragaman genetik suatu jenis dalam suatu populasi merupakan suatu langkah yang penting dalam rangka upaya konservasi sumber daya genetik. Keragaman genetik memainkan peran yang sangat penting dalam adaptabilitas suatu spesies karena ketika lingkungan suatu spesies berubah, variasi gen yang besar diperlukan agar spesies dapat bertahan hidup dan beradaptasi. Keragaman genetik spesies yang tinggi pada suatu populasi menandakan banyaknya variasi alel yang dapat diseleksi untuk varietas unggul baru (Zulfiana, 2021).

Upaya konservasi dan pemuliaan tanaman memerlukan informasi keragaman genetik yang digunakan oleh pemulia tanaman untuk meningkatkan produksi tanaman, memproteksi tanaman, mengkonservasi tanaman yang keberadaannya terancam punah, serta sebagai dasar dalam kegiatan perakitan varietas. Variasi genetik merupakan dasar untuk program pemuliaan tanaman.

Variasi genetik yang tinggi akan menghasilkan sifat resisten atau tahan terhadap kondisi lingkungan yang ekstrim, sehingga serangan hama dan penyakit dapat dihindari (Siregar & Olivia, 2012).

Pendekatan yang sering digunakan untuk mengukur besarnya variasi genetik, yaitu dengan menggunakan penanda genetik (*genetic marker*) dan sifat kuantitatif. Pendekatan penanda genetik dapat dipisahkan menjadi dua yaitu penanda genetik secara morfologi dan penanda genetik molekuler. Penanda morfologi ditinjau dari pertumbuhan tanaman yang dipengaruhi oleh faktor genetik dan faktor lingkungan. Sifat tanaman yang didominasi oleh faktor genetik akan terlihat dalam suatu lingkungan tertentu dibandingkan lingkungan yang lain. Sehingga penggunaan penanda morfologi memiliki peluang kesalahan selama analisis. Penanda molekuler mampu dalam mendeteksi gen dan sifat-sifat tertentu, evaluasi keragaman dan evolusi pada tingkat genetik. Penanda molekuler digunakan secara luas untuk identifikasi keragaman genetik, pemetaan genetik dan hubungan kekerabatan (Zulfiana, 2021).

Tanaman aren terutama di Sumatra Barat, keragaman genetik telah dievaluasi secara morfologis untuk beberapa daerah. Daerah yang menjadi fokus utama adalah daerah penghasil maupun yang berpotensi sebagai penghasil aren di Sumatra Barat, seperti Kabupaten Lima Puluh Kota, Kabupaten Tanah Datar, dan Kabupaten Pasaman Barat. Penelitian Zebua (2024) menunjukkan keragaman pada berbagai aksesori aren di Kecamatan Talamau, Kabupaten Pasaman Barat. Keragaman genetik yang ditinjau berdasarkan ciri morfologis memperlihatkan bahwa karakter yang membagi seluruh aksesori menjadi beberapa kluster adalah karakter permukaan ijuk, yang dimana terdapat variasi pada permukaan ijuk yaitu kasar dan halus. Selain itu perbedaan aksesori dalam kluster juga disebabkan oleh variasi pada warna kulit batang. Di akhir penelitian tersebut juga ditentukan beberapa aksesori aren yang berpotensi menjadi indukan unggul berdasarkan potensi produksinya yaitu hasil nira perhari dan kadar gula terlarut.

2.3. *Polymerase Chain Reaction (PCR)*

Polymerase Chain Reaction (PCR) adalah teknik penggandaan DNA secara *in vitro* dengan menggunakan enzim dan sepasang primer spesifik terhadap DNA target. Primer yang digunakan sebagai pembatas daerah yang diamplifikasi adalah

suatu sekuens DNA untai tunggal yang urutannya komplemen dengan DNA targetnya. Primer yang berada sebelum daerah target disebut primer forward dan yang berada setelah daerah target disebut primer reverse. Teknik ini memungkinkan segmen DNA tertentu digandakan menjadi jutaan kali dalam waktu yang relatif singkat, yang membuat PCR menjadi lebih mudah untuk teknik lain yang menggunakan DNA (Artika, 2023).

A. Prinsip Kerja PCR

Pada dasarnya PCR menggandakan segmen khusus pada DNA target yaitu daerah yang dibatasi oleh kedua primer. Setiap molekul DNA dapat digunakan sebagai DNA target dengan syarat sekuens pada bagian tepi dari segmen DNA yang akan diamplifikasi diketahui sehingga dapat dirancang primer yang secara spesifik menempel (berhibridisasi) pada daerah tersebut.

Cara kerja PCR sangat mirip dengan mekanisme replikasi DNA di dalam sel. Pada awalnya, utas ganda DNA dipisahkan satu sama lain. Masing-masing utas tunggal yang terbentuk berfungsi sebagai template untuk mencetak utas baru. Proses ini diikuti oleh penempelan primer pada masing – masing utas tunggal, kemudian primer dipanjangkan oleh kerja enzim polimerase sehingga terbentuk utas baru DNA. Jumlah DNA utas ganda akan menjadi dua kali lipat untuk setiap siklus PCR. Setelah siklus diulang maka akan terbentuk fragmen DNA yang merupakan hasil amplifikasi daerah yang dibatasi oleh kedua primer dengan ukuran bergantung pada posisi tempat masing – masing primer menempel (Artika, 2023).

B. Tahapan Proses PCR

1. Denaturasi

Tahap denaturasi ini memiliki tujuan yaitu memisahkan utas ganda DNA menjadi utas tunggal dengan menggunakan energi panas. Proses ini umumnya dilakukan pada suhu tinggi, yaitu $94^{\circ}\text{C} - 96^{\circ}\text{C}$ dan berlangsung selama 1 – 2 menit. Pemisahan ini menyebabkan DNA membentuk utas tunggal dan siap menjadi template bagi primer. Denaturasi yang tidak lengkap mengakibatkan DNA mengalami renaturasi (membentuk DNA untai ganda lagi) secara cepat, dan ini mengakibatkan gagalnya proses PCR. Adapun waktu denaturasi yang terlalu lama dapat mengurangi aktivitas enzim Taq polymerase (Handoyo & Rudiretna, 2001).

2. Annealing

Selanjutnya tahap penempelan primer (annealing) bertujuan untuk memberikan kondisi optimum bagi proses penempelan primer pada DNA template. Tahap ini umumnya dilakukan pada kisaran suhu 45 – 60°C. Primer menempel pada bagian DNA template yang memiliki urutan basa yang bersifat komplementer dengan urutan basa primer. Optimasi suhu untuk tahap annealing sangat penting karena jika suhu terlalu rendah, primer akan menempel pada daerah yang tidak spesifik (non-target). Di sisi lain jika suhu yang dipakai terlalu tinggi, primer tidak akan dapat menempel pada DNA target (Ningsih, 2021).

3. Ekstensi / Elongasi

Tahap pemanjangan atau ekstensi bertujuan untuk memberikan kondisi optimum bagi kerja enzim DNA polimerase dalam memanjangkan primer guna membentuk utas baru DNA. Kecepatan penyusunan nukleotida oleh enzim tersebut pada suhu 72°C diperkirakan 35–100 nukleotida/detik, bergantung pada buffer, pH, konsentrasi garam dan molekul DNA target. Dengan demikian untuk produk PCR dengan panjang 2000 pasang basa, waktu 1 menit sudah lebih dari cukup untuk tahap perpanjangan primer ini (Pamaya *et al.*, 2018).

2. 4. Penanda *Simple Sequence Repeat* (SSR)

Marka molekuler merupakan bagian kecil dari sekuens DNA yang dapat mencirikan perbedaan pada tingkat genome. Pada dasarnya, marka ini digunakan untuk mempermudah dalam melakukan proses identifikasi. Dengan menggunakan sekuens yang pendek, penentuan taksa dari sampel yang diamati dan keragaman pada jenis yang belum diketahui sebelumnya dapat diketahui (Sunaryo, 2015). Selain itu, marka molekuler digunakan dalam melakukan seleksi karakter yang diinginkan karena dapat langsung menandai gen, sehingga memudahkan dalam proses pemuliaan tanaman (Fauzi, 2020).

Simple Sequence Repeats (SSR) merupakan marka molekuler berdasarkan *Polymerase Chain Reaction* (PCR) yang dikembangkan dari DNA genom. Marka SSR atau disebut juga dengan mikrosatelit memiliki panjang 1-5 pasang basa yang berulang secara berurutan (Yuliasti & Reflinur, 2015). Kelebihan dari marka SSR yaitu memiliki sifat kodominan dan tingkat polimorfisme tinggi sehingga banyak

digunakan untuk analisis keragaman genetik. Kekurangan dari marka tersebut yaitu pada tahap pemilihan primer perlu dilakukan screening dan optimasi terlebih dahulu sebelum diaplikasikan karena setiap tanaman memiliki karakteristik spesifik yang berbeda, serta kemungkinan untuk terjadinya slippage selama proses amplifikasi sehingga ukuran produk hasil amplifikasi yang berbeda dari ukuran produk sebenarnya (Zulfahmi, 2013).

Penggunaan marka molekuler sangat bermanfaat dalam analisis keragaman genetik, karena akurat dan tidak dipengaruhi oleh lingkungan. Dalam pengembangan marka SSR membutuhkan biaya yang tinggi dikarenakan membutuhkan proses sekuensing genome dari tanaman target (Zalapa *et al.*, 2012). Aplikasi marka SSR dalam identifikasi keragaman sangat penting untuk mengetahui secara pasti keragaman genetik serta hubungan kekerabatan antar genotip. Selain itu, untuk mengelompokkan suatu jenis tanaman dikarenakan kemungkinan terjadinya proses rekombinasi akibat persilangan antar genotip.

Marka SSR sudah banyak digunakan pada berbagai penelitian untuk menganalisis keragaman tanaman untuk tujuan pemuliaan dan konservasi tanaman. Penelitian Chee *et al.* (2015) menunjukkan bahwa marka SSR dapat menunjukkan perbedaan antara kelapa sawit hasil persilangan, klon, dan berkerabat dekat secara polimorfik berdasarkan sidik jari DNA. Selain itu, telah dilakukan juga evaluasi berbagai kultivar tanaman kurma dengan marka SSR yang menunjukkan variasi genetik di dalam dan antar kultivar sebesar 27% dan 73% berdasarkan distribusi geografisnya (Al-fai *et al.*, 2016). Pada tanaman aren, analisis keragaman telah dilakukan terhadap tanaman aren yang berasal dari sembilan wilayah di Indonesia. Hasilnya menunjukkan bahwa pengelompokan aksesori aren tidak menunjukkan pola hubungan berdasarkan lokasi geografis (Rinawati *et al.*, 2021).

BAB III. METODE PENELITIAN

3.1 Tempat dan Waktu

Penelitian telah dilaksanakan di Laboratorium Uji Mutu dan Molekuler, Balai Perakitan dan Pengujian Tanaman Buah Tropika, BRMP Kementerian Pertanian, Sumani, Kabupaten Solok, Sumatra Barat. Penelitian dilaksanakan dari Mei – Juni 2025. Jadwal kegiatan dapat dilihat pada Lampiran 1.

3.2 Bahan

Bahan yang digunakan selama penelitian adalah sampel daun aren, Genomic DNA Mini Kit dari Geneaid, larutan buffer GP1, GP2, dan GP3, Enzim RNase, batu es, tabung eppendorf 1,5 ml, tabung eppendorf 2 ml, *filter column*, *wash buffer*, ethanol, *elution buffer*, air suling (ddH₂O steril), agarose, poliacrilamid 7%, *loading dye* (ethidium bromida), pipet tip kuning 2-200 µL, 2X MyTaq HS, Primer SSR *forward* dan *reverse* 10 µM (Tabel 1).

Tabel 1. Primer SSR yang digunakan untuk analisis keragaman genetik

No	Primer SSR	Sekuens 5' – 3'	Suhu Annealing (T _m) (°C)	Sumber
1	SCB07	F: ACGAGAACCACAGCCACCAG R: GGAGGTAGTCGGTGAAGTGC	58,7	(Nirawati, 2021)
2	AD159	F: GAAGCTAGAGGTTTGAAGGAG R: AAATGCCCTCTTTTATTTCAC	55	(Terryana <i>et al.</i> , 2020)
3	AD563	F: TTATCAGGTGAAAGCATGAAT R: TTACGCCTCCTACATCAGTTA	55	(Anwar <i>et al.</i> , 2024)
4	AD679	F: CAACATTATTGATTCCACGAT R: CACAAACACACATGCACTTAT	55	(Anwar <i>et al.</i> , 2024)

3.3 Peralatan

Alat yang digunakan dalam penelitian ini adalah alat tulis, pisau, gunting, koran, *sprayer* kecil, plastik *zip*, *coolbox*, *refrigerator*, mortar dan pistil, mesin *vortex*, pipet 10-200 µL, pipet 100-1000 µL, *waterbath*, *chemical hood*, mesin sentrifus, *Genomic DNA (GD) column*, cetakan gel (*gel tray*), timbangan digital, mesin elektroforesis vertikal dan horizontal, *power supply*, spektrofotometer, *UV (Ultraviolet) transilluminator*, mesin PCR, dan kamera ponsel.

3.4 Metode Penelitian

Penelitian ini merupakan penelitian deskriptif kuantitatif dengan pendekatan observasional dan analisis genetik. Pendekatan observasi dimulai dengan pengambilan sampel daun aren di berbagai daerah, dilanjutkan dengan analisis genetik dari isolasi DNA, elektroforesis, dan amplifikasi DNA. Data yang diperoleh disajikan secara deskriptif dengan bantuan tabel, gambar, dan grafik sebagai alat bantu interpretasi data.

3.5 Prosedur Penelitian

A. Pengambilan Sampel Daun

Sampel daun yang dianalisis diambil dari pohon aren pada berbagai lokasi di Sumatra Barat (Lampiran 2). Penetapan jumlah dan lokasi pohon yang digunakan didasarkan oleh karakterisasi morfologi pada penelitian sebelumnya. Penelitian sebelumnya menunjukkan hasil yaitu pohon-pohon aren terpilih di berbagai daerah dengan potensi produksi yang paling tinggi. Adapun daerah yang dimaksud yaitu:

1. Kecamatan Sitiung, Kabupaten Dharmasraya;
2. Kecamatan Sungayang, Kabupaten Tanah Datar;
3. Kecamatan Akabiluru dan Payakumbuh, Kabupaten Limapuluh Kota;
4. Kecamatan Duo Koto Kabupaten Pasaman;
5. Kecamatan Talamau, Kabupaten Pasaman Barat;
6. Kecamatan Tanjung Raya, Kabupaten Agam; dan
7. Kecamatan Sangir; Kabupaten Solok Selatan.

Pengambilan sampel daun dilakukan pada pelepah daun ke-6 atau ke-7 dihitung dari daun paling atas atau setidaknya pelepah daun yang berada pada bagian tengah pohon aren. Dari pelepah daun tersebut, satu helai anak daun yang berada pada posisi pangkal pelepah. Sampel anak daun kemudian dicuci menggunakan air mengalir, lalu dipotong 20 cm pada bagian tengah daun menggunakan gunting. Setelah itu, sampel daun dibungkus menggunakan koran dan disemprot menggunakan sprayer kecil hingga koran lembab, lalu dimasukkan ke dalam plastik *zip* dan diberi label. Sampel daun dibawa dari lokasi ke laboratorium menggunakan *coolbox* untuk mempertahankan kesegaran daun. Setelah sampai di laboratorium daun disimpan ke dalam *refrigerator* untuk menjaga kesegaran daun hingga proses isolasi dilakukan.

B. Isolasi DNA

Isolasi DNA dilakukan menggunakan metode dengan *Kit DNA Genomic*. Sampel daun segar dibalas dengan air mengalir lalu dikeringkan, kemudian diambil sebanyak 50-100 mg daun untuk dipotong-potong dan ditambahkan 400 μ l *buffer* GP1 (Glikoprotein) atau *buffer* GPX1 (Glikoprotein *Extraction*). Setelah itu, sampel daun dihaluskan dalam mortar lalu dimasukkan ke dalam *tube* 1,5 ml dan ditambahkan 1 μ L RNase A kemudian divortex. *Tube* kemudian diinkubasi dengan *thermomixer* pada suhu 60°C selama 10 menit dan divortex setiap 5 menit selama diinkubasi. Setelah itu, ditambahkan 1 μ L *buffer* GP2 kemudian divortex dan diinkubasi di atas es selama 3 menit. Di dalam *collection tube* 2 mL larutan dipindahkan ke dalam *tube* yang sebelumnya diletakkan *filter column*. Kemudian *tube* disentrifus selama 1 menit pada kecepatan 12.000 rpm, lalu *filter column* dibuang. *Supernatant* dari *collection tub* dipindahkan ke *tube* baru. Setelah itu, larutan GP3 dibuat dengan menambahkan 60 mL isopropanol ke dalam *buffer* GP3.

GD *column* dimasukkan ke dalam *collection tube* 2 mL, lalu 700 μ L campuran GP3 ditambahkan ke GD *column* dan disentrifus pada kecepatan 12.000 rpm selama 2 menit. Setelah itu buang cairan dari *collection tub* saat DNA terlihat tertangkap oleh GD *column*, kemudian ditempatkan kembali ke 2 mL *collection tube* baru. Proses pengikatan DNA pada GD *column* diulangi kembali sebanyak satu kali hingga campuran GP3 benar-benar habis. Kemudian ditambahkan 400 μ L W1 *Buffer* ke dalam GD *column* dan disentrifus pada kecepatan 12.000 rpm selama 30 detik. Cairan yang terdapat pada bagian bawah *collection tube* dibuang, kemudian GD *column* ditempatkan kembali ke *collection tube* baru. Lalu ditambahkan 600 μ L *wash buffer* ke dalam GD *column* dan disentrifus selama 30 detik pada kecepatan 12.000 rpm. Cairan pada *collection tube* dibuang dan GD *column* ditempatkan kembali pada *collection tube* yang baru dan disentrifus pada kecepatan 12.000 rpm untuk mengeringkan DNA yang tertangkap. Pencucian DNA diulangi sekali lagi dengan ditambahkan *wash buffer* 400 μ L ke GD *column* dan disentrifus selama 30 detik pada kecepatan 12.000 rpm, lalu ditempatkan kembali pada *collection tube* baru. Lalu DNA dikeringkan kembali dengan disentrifus selama 3 menit pada kecepatan 12.000 rpm. GD *column* kering dipindahkan ke dalam 1,5 mL *microcentrifuge tube*, lalu ditambahkan *elution buffer* yang telah

dipanaskan pada suhu 60°C. *Tube* dibiarkan pada posisi tegak agar *elution buffer* terserap dengan baik. Kemudian sentrifus *tube* pada kecepatan 12.000 rpm selama 30 menit untuk mendapatkan elusi DNA murni, lalu simpan DNA ke *refrigerator* dengan suhu -20°C.

C. Uji Kuantitas DNA menggunakan Spektrofotometer

Sebelum spektrofotometer digunakan untuk mengukur kuantitas DNA, terlebih dahulu dilakukan pengecekan ketepatan alat dengan menggunakan air suling (ddH₂O) sebanyak 1 µL sebagai contoh blangko. Jika ddH₂O terdeteksi bernilai 0 maka alat dalam keadaan benar dan blangko dikeluarkan dari spektrofotometer. Pengujian kuantitas DNA dilakukan dengan memasukan larutan DNA sebanyak 1 µL ke dalam spektrofotometer. Hasil pengukuran muncul dalam konsentrasi ng/µL dan kemurnian DNA dapat dilihat langsung dalam rasio panjang gelombang atau nilai absorbansi A_{260}/A_{280} (Ma *et al.*, 1996).

D. Amplifikasi DNA/*Polymerase Chain Reaction* (PCR) dengan Marka *Simple Sequence Repeat* (SSR)

1. Optimasi Suhu Annealing

Optimasi suhu annealing dilakukan untuk menemukan suhu *annealing* (T_a) yang paling tepat untuk sampel daun aren agar mendapatkan hasil pita DNA yang jernih dan jelas. T_a yang terlalu tinggi menyebabkan terlepasnya primer yang sudah menempel pada DNA cetakan sehingga produk PCR tidak terbentuk, sebaliknya T_a yang terlalu rendah menyebabkan terjadinya penempelan primer yang tidak spesifik pada DNA cetakan. Besarnya suhu *annealing* dapat ditentukan berdasarkan nilai T_m (suhu leleh primer) dari primer yang digunakan (Asy'ari *et al.* 2005).

DNA seluruh sampel yang telah diisolasi diamplifikasi menggunakan empat pasang primer SSR. Amplifikasi PCR dilakukan dengan membuat 12,5 µL campuran bahan yang terdiri dari 20 ng/µL DNA genom sebanyak 1 µL, 10 µM primer *forward* dan *reverse* masing-masing sebanyak 1 µL, MasterMix Green Go Taq sebanyak 6,25 µL dan ddH₂O sebanyak 4,25 µL. Semua bahan tersebut dimasukkan kedalam tabung PCR. Masing- masing tabung PCR yang berisi bahan dimasukkan ke dalam mesin PCR dan reaksi PCR dimulai dari denaturasi, *annealing*, dan elongasi/ekstensi. Penentuan suhu *annealing* (T_a)

dilakukan dengan menggunakan *gradien annealing* yang naik secara bertahap, masing-masing 11 siklus selama 1 menit, dan elongasi pada 72°C selama 2 menit. Siklus terakhir diikuti oleh pasca elongasi pada 72°C selama 5 menit.

Hasil amplifikasi PCR dianalisis menggunakan elektroforesis pada 1,2% gel agarose. Tangki elektroforesis dihubungkan dengan *power supply* bertegangan 50 volt selama 1 jam. Hasil elektroforesis divisualisasikan pada *UV transilluminator*. Suhu *annealing* terbaik pada masing-masing primer ditunjukkan dengan terbentuknya pita DNA yang jelas. Suhu yang terpilih digunakan pada proses amplifikasi untuk analisis SSR.

2. Prosedur Analisis Simple Sequence Repeat

Analisis SSR dilakukan dengan tahapan yang hampir sama dengan tahap optimasi Ta, tetapi digunakan suhu terbaik yang didapat dari proses optimasi tersebut. Hasil amplifikasi dianalisis menggunakan elektroforesis vertikal selama 115 menit dengan tegangan 80 V pada gel poliacrilamid 7% yang diwarnai menggunakan larutan ethidium bromida 10 mg/mL, dan divisualisasi menggunakan *UV Transilluminator*.

E. Analisis Data

1. Skoring Data

Skoring pita DNA hasil amplifikasi bertujuan untuk memperkirakan tingkat polimorfisme. Data yang diperoleh dari dokumentasi gel digunakan untuk penilaian. Jika pita DNA muncul, maka diberi skor “1” dan jika tidak ada pita, maka diberi skor “0”. Data yang diperoleh dianalisis menggunakan GenAnalyzer 23.1.1 dan NTSys ver 2.02.

2. Analisis Simple Sequence Repeat

Analisis SSR dilakukan dengan mengolah data hasil skoring pita DNA dengan bantuan software/program CERVUS 3.0.7. Analisis SSR dilakukan dengan parameter ukuran alel yang dideteksi, jumlah alel, frekuensi alel utama, keragaman genetik, heterozigositas, dan PIC.

3. Analisis Keragaman Genetik

Parameter yang hitung meliputi jumlah alel yang diamati (n_a), jumlah alel efektif (n_e), rata-rata heterozigositas yang diharapkan dalam setiap populasi (H_e), indeks informasi Shannon (I) sebagai ukuran keragaman gen, dan

persentase pita polimorfik (P%). Keragaman genetik dapat ditentukan dengan melihat nilai rata-rata heterozigositas yang diharapkan (H_e), dimana nilai keragaman genetik maksimumnya adalah 0,5. Hasil analisis keragaman genetik disajikan dalam bentuk tabel dan dibahas secara deskriptif.

4. Analisis Kemiripan dan Principal Coordinates Analysis (PCoA)

Analisis Kemiripan dan PCoA didapatkan dari analisis hasil skoring pita DNA menggunakan program NTSys dan PAST 4.03. Analisis kluster ini dilakukan untuk mengetahui pengelompokan dan nilai similaritas diantara aksesi aren dari berbagai daerah. Analisis similaritas dan clustering dilakukan menggunakan metode *Unweighted Paired Group Method Arithmetic* (UPGMA). Penyajian data clustering disajikan dalam bentuk *dendogram* dan *scatter plot*.

5. Analisis Perbandingan Keragaman Genetik berdasarkan Morfologi dan Molekuler

Analisis dilakukan dengan membandingkan dendogram hasil analisis kemiripan berdasarkan keragaman genetik molekuler dengan dendogram keragaman genetik morfologi aren dari Sumatra Barat. Dendogram keragaman genetik morfologi didapat berdasarkan data keragaman yang didapat dari penelitian sebelumnya oleh Juadinta (2025); Pratama (2025); dan Zebua (2024). Kedua dendogram dibandingkan pola pengelompokan dan dibahas secara deskriptif. Kemudian dilakukan juga uji mantel untuk melihat korelasi antara kedua metode analisis keragaman genetik berdasarkan matriks jarak (Diniz-filho et al., 2013). Pengujian dilakukan dengan bantuan software NTSys.

BAB IV HASIL DAN PEMBAHASAN

4.1. Koleksi Sampel Daun

Sampel daun yang digunakan pada analisis molekuler diambil dari tujuh lokasi yang tersebar di Sumatra Barat. Lokasi pengambilan sampel dan koordinat titik sampel pohon terlampir pada Lampiran 2 dan Lampiran 3. Lokasi pohon yang dijadikan sampel mengacu pada penelitian-penelitian sebelumnya yaitu

1. Kecamatan Talamau, Kabupaten Pasaman Barat (Zebua, 2024)
2. Kecamatan Akabiluru, Kabupaten Lima Puluh Kota (Juadinta, 2025)
3. Kecamatan Payakumbuh, Kabupaten Lima Puluh Kota (Pratama, 2025)
4. Kecamatan Tanjung Raya, Kabupaten Agam
5. Kecamatan Sungayang, Kabupaten Tanah Datar
6. Kecamatan Sangir, Kabupaten Solok Selatan
7. Kecamatan Sitiung, Kabupaten Dharmasraya

Pemilihan sampel pohon yang digunakan untuk pengambilan sampel daun didasarkan pada pohon aren yang memiliki potensi hasil nira tertinggi di setiap lokasi. Sampel daun yang dikoleksi didapat dari pelepah yang terjangkau dari *sigai* yang digunakan petani aren untuk menyadap. Sampel daun ini bukan merupakan daun dengan usia termuda maupun yang tertua. Pengambilan daun terlalu tua dihindari untuk dijadikan sampel. Hal ini karena daun tua memiliki kandungan senyawa yang berpotensi menjadi kontaminan pada proses isolasi seperti fenol yang lebih tinggi daripada daun muda. Namun pengambilan daun muda juga tidak dapat dilakukan dikarenakan dua alasan. Pertama, daun termuda berada pada posisi tertinggi pohon aren, sedangkan alat panjat berupa sigai yang digunakan para petani biasanya hanya mencapai titik tumbuh tandan bunga jantan yang disadap. Hal itu mengakibatkan pengambilan sampel daun tersebut sulit dilakukan.

Kedua, pohon aren yang dijadikan sampel merupakan pohon yang telah berproduksi. Pohon aren sendiri merupakan tanaman *determinate* yang pertumbuhannya akan berhenti saat mulai berproduksi. Waktu terbentuknya tandan bunga jantan sejak memasuki fase berproduksi memakan waktu lama yaitu kurang lebih dua tahun. Dengan kata lain, semua daun pada pohon aren yang telah

berproduksi merupakan daun tua. Jadi untuk menggunakan daun yang benar-benar muda sebagai sampel daun tidak bisa dilakukan.

Semua pohon yang dijadikan sampel telah dilakukan karakterisasi morfologi sebelumnya. Karakter morfologi yang diamati adalah karakter kualitatif yang meliputi permukaan batang, warna kulit batang, warna pelepah, bentuk pelepah, posisi tandan, warna biji, bentuk biji, permukaan ijuk, dan warna ijuk.

4.2. Hasil Uji Kuantitas DNA

Hasil uji kuantitas 18 sampel aren di Sumatra Barat didapat konsentrasi tersebar pada konsentrasi 11,7 $\mu\text{g/ml}$ sampai dengan 228,2 $\mu\text{g/ml}$. Pada Tabel 2 dapat dilihat bahwa bahwa pada nilai konsentrasi DNA tertinggi terdapat pada sampel SU3 yaitu sebesar 228,2 $\mu\text{g/ml}$. Namun pada sampel yang berasal dari daerah yang sama memiliki konsentrasi yang cukup rendah, yaitu pada SU2 dengan konsentrasi sebesar 38,4 $\mu\text{g/ml}$. Sampel dengan konsentrasi paling rendah terdapat pada sampel DK1 yaitu sebesar 11,7 $\mu\text{g/ml}$. Sampel DK2 yang berasal dari lokasi yang sama juga memiliki konsentrasi DNA yang cukup rendah yaitu 28,2 $\mu\text{g/ml}$. Rendahnya konsentrasi ini dapat disebabkan karena sampel masih terkontaminasi kontaminan seperti protein dan senyawa fenol. Konsentrasi DNA yang rendah juga dapat dilihat dan diamati dari nilai kemurnian pada nilai absorbansi A260/280.

Tabel 2. Hasil pengujian kuantitas DNA menggunakan spektrofotometer

No	Nama Sampel	Konsentrasi	Kemurnian DNA
1	PYK2	153,2 $\mu\text{g/ml}$	1,72
2	PYK1	182,3 $\mu\text{g/ml}$	1,74
3	SU3	228,2 $\mu\text{g/ml}$	1,74
4	SU2	38,4 $\mu\text{g/ml}$	1,58
5	SU1	192 $\mu\text{g/ml}$	1,76
6	DK1	11,7 $\mu\text{g/ml}$	1,35
7	DK2	28,2 $\mu\text{g/ml}$	1,51
8	TL1	57,9 $\mu\text{g/ml}$	1,60
9	TL2	225 $\mu\text{g/ml}$	1,54
10	TJR1	73,8 $\mu\text{g/ml}$	1,65
11	TJR2	36,1 $\mu\text{g/ml}$	1,62
12	AKAB1	38,7 $\mu\text{g/ml}$	1,52
13	AKAB2	39,8 $\mu\text{g/ml}$	1,57
14	SIT2	66 $\mu\text{g/ml}$	1,64
15	SIT1	97,9 $\mu\text{g/ml}$	1,65
16	SAN3	123,6 $\mu\text{g/ml}$	1,66
17	SAN2	64,8 $\mu\text{g/ml}$	1,67
18	SAN1	80,6 $\mu\text{g/ml}$	1,67

Keterangan: PYK=Payakumbuh (Lima Puluh Kota); SU=Sungayang (Tanah Datar); DK=Duo Koto (Pasaman); TL=Talamau (Pasaman Barat); TJR=Tanjung Raya (Agam); AKAB=Akabiluru (Lima Puluh Kota); SIT=Sitiung (Dharmasraya); SAN=Sangir (Solok Selatan)

Nilai pembacaan konsentrasi DNA dilakukan pada absorbansi 260 nm karena pada frekuensi inilah DNA dapat menyerap gelombang cahaya, sedangkan kontaminan seperti protein dan fenol dapat menyerap gelombang cahaya 280 nm (Harahap, 2017). Sehingga perbandingan hasil pembacaan pada frekuensi gelombang 260 dan 280 menunjukkan tingkat kemurnian DNA yang diisolasi.

Tingkat kemurnian tertinggi terlihat pada sampel SU1 yaitu sebesar 1,76 sedangkan yang terendah terlihat pada DK1 yaitu 1,35. Nilai kemurnian DNA ini dapat dikatakan lebih kecil daripada kemurnian DNA yang baik. Tingkat kemurnian DNA yang baik berkisar pada 1,8-2,0. Meskipun begitu apabila kemurnian DNA bernilai <1,8 maka kemungkinan DNA terkontaminasi oleh protein dan fenol, sedangkan kemurnian >2,0 maka dimungkinkan terkontaminasi oleh RNA (Wasdili *et al.*, 2022).

Pada hasil yang didapat semua sampel memiliki nilai kemurnian yang lebih kecil dari 1,8, hal ini dapat disebabkan karena aren merupakan tanaman dengan jaringan yang keras dan sampel daun yang digunakan tidak berasal dari daun yang muda. Menurut Buchori *et al.* (2023) DNA yang diisolasi dari daun yang berusia tua akan memberikan hasil yang kurang baik karena tingginya kandungan senyawa metabolit sekunder seperti senyawa fenolik di dalamnya, sehingga menyebabkan kontaminasi. Selain itu Mahadi *et al.* (2021) juga berpendapat bahwa tanaman tinggi seperti aren memiliki jaringan yang keras dan padat sehingga berpotensi terjadi kesulitan dalam proses lisis atau pemecahan dinding sel pada isolasi DNA.

4.3. Analisis *Simple Sequence Repeat*

Analisis SSR diawali dengan optimasi suhu annealing agar mengoptimalkan hasil PCR. Optimasi annealing dilakukan pada keempat primer dengan menggunakan dua sampel DNA dengan gradient suhu antara 50-55 °C Interval ini menjadi pedoman untuk semua primer karena rentang suhu kerja untuk primer SSR terdapat pada rentang tersebut (Royani *et al.*, 2022). Suhu paling optimum yang didapat dan dijadikan acuan dalam proses amplifikasi yang dilakukan pada ke-18 sampel adalah suhu 55 °C. Hal ini karena pada suhu 55 °C pita DNA terlihat paling terang terutama pada primer SCB07, AD563, dan AD679.

Analisis SSR dilakukan dengan mengkonversi hasil amplifikasi DNA yang telah divisualisasikan menjadi bilangan biner antara 0 dan 1. Bilangan 0

menunjukkan bahwa pada sampel tidak terdapat pita pada alel, sedangkan bilangan 1 menunjukkan bahwa terdapat pita DNA pada alel. 23.1.1. Hasil skoring DNA pada ke empat primer dapat dilihat pada Tabel 3.

Tabel 3. Hasil skoring pita DNA hasil amplifikasi dari keempat primer yang digunakan

Sampel	AD563						AD679			SCB07				AD159				
	AD 563-4	AD 563-5	AD 563-6	AD 563-7	AD 563-8	AD 563-9	AD 679-1	AD 679-2	AD 679-3	SC B07-1	SC B07-2	SC B07-5	SC B07-6	SC B07-7	AD 159-1	AD 159-2	AD 159-3	AD 159-4
SAN1	1	0	1	0	1	0	0	1	0	1	1	1	1	0	0	1	0	1
SAN2	1	0	1	0	1	0	0	0	1	1	1	1	1	0	0	1	0	1
SAN3	1	0	1	0	1	0	0	0	1	1	1	1	1	0	1	0	1	0
SIT1	1	0	1	0	1	0	0	0	1	1	1	1	1	0	0	1	0	1
SIT2	1	0	1	0	1	0	0	0	1	1	1	1	1	0	0	1	0	1
AKA B1	1	0	1	0	0	1	0	1	0	1	1	1	1	0	0	1	0	1
AKA B2	1	0	1	0	1	0	0	0	1	1	1	1	1	0	0	1	0	1
TL1	1	0	1	0	1	0	0	1	0	1	1	1	1	0	0	1	0	1
TL2	1	0	1	0	1	0	0	1	0	1	1	1	1	0	1	0	1	0
TJR1	1	0	1	0	1	0	0	0	1	0	0	1	0	0	1	0	1	0
TJR2	1	0	1	0	1	0	0	0	1	1	1	1	1	0	1	0	1	0
DK1	0	1	0	1	0	1	1	0	0	1	1	1	1	0	0	1	1	0
DK2	1	0	1	0	1	0	0	1	0	1	1	1	1	0	1	0	1	0
SU1	1	0	1	0	1	0	0	0	1	1	1	1	1	0	0	1	0	1
SU2	1	0	1	0	1	0	0	0	1	1	1	1	1	0	0	1	0	1
SU3	1	0	1	0	1	0	0	0	1	1	1	1	1	0	0	1	0	1
PYK1	1	0	1	0	1	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	1	0	1
PYK2	1	0	1	0	1	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	1	0	1

Keterangan: PYK=Payakumbuh (Lima Puluh Kota); SU=Sungayang (Tanah Datar); DK=Duo Koto (Pasaman); TL=Talamau (Pasaman Barat); TJR=Tanjung Raya (Agam); AKAB=Akabiluru (Lima Puluh Kota); SIT=Sitiung (Dharmasraya); SAN=Sangir (Solok Selatan)

Berdasarkan hasil skoring, dapat dilihat dari ke empat primer mampu mendeteksi alel dengan jumlah yang berbeda-beda. Primer AD563 berhasil mendeteksi sebanyak enam alel dari 30 genotipe aren yang digunakan sedangkan primer AD679 berhasil mendeteksi sebanyak tiga alel, primer SCB07 sebanyak lima alel, dan primer AD159 sebanyak empat alel.

Jumlah alel yang terdeteksi oleh setiap primer berbeda-beda. Hal ini karena setiap primer bersifat spesifik sehingga hanya menempel pada bagian tertentu pada DNA. Keragaman genetik dapat terlihat pada ada atau tidak ditemukannya suatu alel dalam DNA sampel. Dari hasil skoring dilakukan analisis SSR untuk melihat kemampuan primer untuk mendeteksi keragaman genetik dari sampel yang

digunakan. Analisis SSR dilakukan dengan parameter ukuran alel yang dideteksi, jumlah alel, frekuensi alel utama, keragaman genetik, heterozigositas, dan PIC. Hasil analisis SSR dapat dilihat pada Tabel 4.

Tabel 4. Hasil analisis SSR dengan empat primer terhadap 18 sampel aren

Primer	Ukuran alel (bp)	Jumlah alel	Major Allele Frequency	Gene Diversity	Heterozygosity	PIC
AD563	146-164	6	0.50	0.56	1.00	0.48
AD679	145-147	3	0.57	0.56	0.00	0.55
SCB07	204-217	5	0.45	0.64	0.90	0.51
AD159	158-176	4	0.32	0.74	1.00	0.66
Total		18				

Keterangan: PIC=Polymorphic Information Content

Berdasarkan hasil analisis SSR dapat dilihat Penanda AD563, AD679, dan AD159 mendeteksi alel pada ukuran yang hampir sama yaitu kisaran 145-175 bp, sedangkan SCB07 membaca alel pada ukuran 204-217 bp. Ukuran alel dapat dilihat pada hasil visualisasi gel elektroforesis dan diukur dengan membandingkannya dengan ladder yang digunakan. Jumlah alel tertinggi ditunjukkan oleh lokus AD563 yang dapat membaca 6 alel, sedangkan terendah adalah AD679 yang membaca 3 alel dari seluruh sampel aren. Jumlah alel terbaca dan sebaran ukuran alel yang luas dapat mengindikasikan luasnya keragaman genetik yang didapat melalui primer yang digunakan.

Major allele frequency atau frekuensi alel mayor merupakan parameter yang menyatakan dominansi suatu alel dalam sebuah lokus. Frekuensi alel mayor tertinggi ditemukan pada lokus AD679 yaitu sebesar 0.57 sedangkan terkecil pada AD159 yaitu 0.32. Nilai yang ditunjukkan pada setiap lokus dapat diartikan bahwa terdapat alel yang mendominasi atau banyak ditemukan pada sampel yang dianalisis. Hasil ini serupa dengan Andayani *et al.* (2025) yang menyatakan lokus dengan frekuensi alel mayor yang tinggi menunjukkan dominasi satu alel dalam populasi, sementara lokus dengan frekuensi alel mayor yang lebih rendah menunjukkan keberadaan alel alternatif yang lebih signifikan. Dapat diartikan bahwa semakin rendah frekuensi alel mayor yang didapat maka lebih beragam alel yang ditemukan maka diasumsikan keragaman genetik semakin tinggi. Berbanding terbalik, semakin tinggi frekuensi alel mayor maka semakin mendominasi satu alel dan diasumsikan keragaman genetik yang dibaca rendah dan primer tidak polimorfik.

Gene diversity dan heterozigositas merupakan parameter yang menunjukkan keragaman genetik yang dapat dibaca oleh primer. Nilai *gene diversity* yang didapat dari keempat primer berkisar dari 0.56-0.74 dengan nilai tertinggi terdapat pada AD159 dan terendah pada AD563 dan AD679. Nilai yang ditunjukkan *gene diversity* mencerminkan potensi variasi yang lebih banyak dalam karakteristik genetik, yang penting untuk pemuliaan tanaman (Andayani *et al.*, 2025). Nilai heterozigositas berkisar dari 0-1 yang menunjukkan proporsi individu yang heterozigot pada setiap lokus. Beberapa lokus menunjukkan heterozigositas rendah (0.00) seperti AD679, artinya tidak ada variasi genetik yang signifikan, sedangkan lokus dengan heterozigositas 1.00 seperti AD159 dan AD563, menunjukkan adanya perbedaan genetik substansial, penting untuk diversifikasi genetik. Semakin tinggi nilai heterozigositas maka semakin tinggi pula keragaman genetik yang didapat (Vika *et al.*, 2015).

Nilai PIC berkisar pada 0,48-0,66 dengan rata-rata 0,55 untuk keempat primer. AD563 memiliki nilai paling rendah yaitu 0.48 sedangkan AD159 memiliki nilai PIC tertinggi yaitu 0,66. PIC dijadikan standar untuk mengevaluasi marka genetik berdasarkan pita DNA hasil amplifikasi PCR, oleh karena itu nilai PIC dibagi menjadi tiga kelas yaitu $PIC > 0,5$ = sangat informatif, kemudian $0,25 > PIC > 0,5$ = sedang, dan $PIC < 0,25$ = rendah (Nurdianawati *et al.*, 2016). Pada AD679, nilai PIC yang didapatkan memiliki sebesar 0,55 sedangkan memiliki nilai heterozigositas 0. Hal ini dapat diartikan bahwa primer AD679 dapat membaca dan mendeteksi alel pada sampel dengan baik, namun alel yang terdeteksi pada semua sampel bersifat homoziogot.

Lokus dengan frekuensi tinggi terdapat pada individu yang menunjukkan kecenderungan monomorfisme, sehingga menghasilkan nilai PIC yang rendah. Namun, lokus dengan frekuensi yang lebih rendah juga cenderung monomorfisme, karena lokus tersebut menunjukkan prevalensi pita yang tidak ada, yang juga menghasilkan nilai PIC yang lebih rendah (Serrote *et al.*, 2020)

4.4. Analisis Keragaman Genetik

Analisis keragaman genetik dilakukan untuk melihat tingkat keragaman aren yang tersebar di Provinsi Sumatra Barat. Hasil analisis keragaman genetik aren di Sumatra Barat ditampilkan pada Tabel 5.

Tabel 5. Hasil analisis keragaman genetik aren pada setiap Kabupaten di Sumatra Barat

Populasi	Na	Ne	I	P%
Solok Selatan	10	0,12	1,91	33,33
Dharmasraya	10	0,10	0,00	0,00
Agam	8,5	0,13	1,04	16,67
Lima Puluh Kota	11	0,11	1,47	27,78
Tanah Datar	10	0,10	0,00	0,00
Pasaman	10	0,13	3,47	55,56
Pasaman Barat	10	0,11	1,39	22,22

Keterangan: Na=Jumlah alel diamati; Ne=Jumlah alel efektif; I=Indeks Shannon; P%=Persentase pita polimorfik

Berdasarkan hasil yang didapat, dapat dilihat bahwa jumlah alel yang diamati (Na) pada setiap lokasi memiliki jumlah yang mirip yaitu pada rentang 8,5-11 dengan rata-rata 9,94. Jumlah alel yang diamati menunjukkan jumlah alel berbeda yang ditemui pada semua lokus yang diamati pada aren di lokasi tersebut. Contohnya pada daerah Solok Selatan ditemukan sebanyak 10 alel dari 4 lokus yang diamati. Semakin banyak jumlah alel yang dideteksi dalam suatu populasi, maka semakin besar kemungkinan populasi itu memiliki keragaman genetik yang luas. Namun hasil Na yang didapat dari aren di Sumatra Barat bernilai cukup rendah dari total alel yang terbaca pada keempat lokus. Hal ini disebabkan karena banyaknya pita monomorfik pada populasi yang menunjukkan bahwa keragaman genetik dalam populasi tersebut tergolong rendah (Faizah *et al.*, 2016).

Jumlah alel efektif (Ne) pada populasi aren Sumatra barat memiliki nilai yang beragam dari rentang 0,10-0,13. Nilai Ne tertinggi ditemukan pada aren dari daerah Pasaman dengan nilai 0,13 sedangkan nilai terendah ditemukan pada Kabupaten Tanah Datar dan Dharmasraya sebesar 0,10. Jumlah alel efektif menyatakan nilai resiprok atau nilai kebalikan dari homozigositas. Semakin tinggi nilai jumlah alel efektif (Ne) dibanding jumlah alel pengamatan (Na), maka semakin banyak individu yang heterozigot (Harahap *et al.*, 2020).

Indeks Shannon pada beberapa sampel bernilai 0, dikarenakan pada sampel tersebut pita yang ditemukan hanya sedikit dan bersifat monomorfik. Nilai indeks Shannon tertinggi ditemukan pada Kabupaten Pasaman yaitu 3,47 dan nilai terendah pada yaitu 0 yang dianalisis pada Kabupaten Dharmasraya dan Tanah Datar. Nilai indeks Shannon menunjukkan kelimpahan suatu alel dalam populasi. Nilai Shannon indeks yang diamati tergolong rendah apabila <1.5, sedang 1.5-3.5,

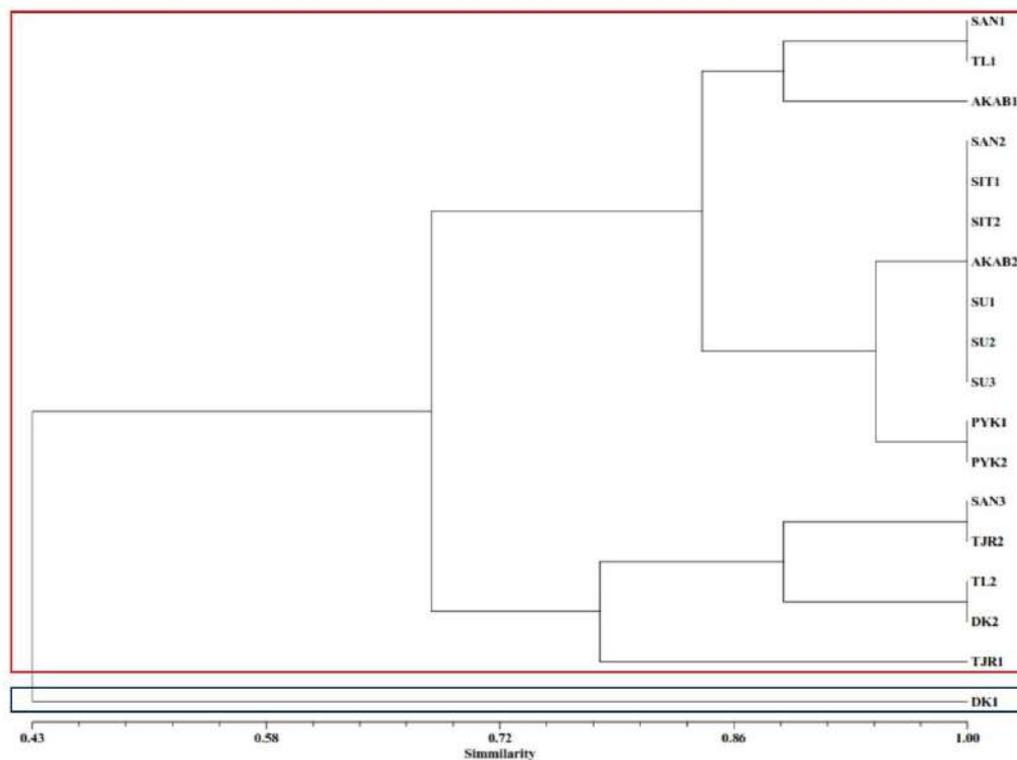
dan tinggi >1.5 . Semakin tinggi nilainya maka semakin tinggi juga keragaman genetik dalam populasi tersebut, begitu pula semakin rendah nilai indeks Shannon maka semakin rendah keragaman genetik (Supratman & Purwantoro, 2021).

Persentase pita polimorfik (P%) adalah persentase banyaknya pita DNA polimorfik yang berhasil dideteksi dari proses analisis SSR. Pita DNA polimorfik berarti gambaran pita DNA yang muncul pada ukuran tertentu di satu sampel, tetapi pada sampel yang lain tidak ditemukan. Ketidakhadiran pita pada sampel lain disebabkan karena perbedaan sekuens DNA pada kedua sampel. Sampel DNA yang dapat menghasilkan pita menandakan bahwa DNA tersebut memiliki sekuens yang komplemen dengan primer (Sulistiyawati & Widyatmoko, 2017). Semakin besar persentasenya, maka semakin banyak pita polimorfik yang ditemukan, dan dapat diartikan semakin beragam suatu populasi, begitupula sebaliknya.

Pada analisis yang dilakukan ditemukan bahwa pita polimorfik terendah terdapat pada Kabupaten Dharmasraya dan Kabupaten Tanah Datar yaitu 0%. Hal ini dikarenakan semua pita yang terdeteksi bersifat monomorfik. Sedangkan nilai P% tertinggi ditemukan pada Kabupaten Pasaman yaitu sebesar 55,56%. Sampel aren di Pasaman memiliki nilai P% yang cukup tinggi dibandingkan daerah lain. Hal ini menunjukkan bahwa pita DNA dari sampel di Pasaman memiliki keragaman yang cukup tinggi. Nilai P% Pasaman yang tinggi dapat disebabkan karena pohon aren di Pasaman belum ditanam secara homogen sehingga masih menggunakan pohon yang berada dari hutan. Meskipun begitu keragaman ini hanya mencakup satu daerah saja, sedangkan daerah yang lain memiliki nilai P% yang rendah bahkan 0. Hasil ini dinilai cukup rendah yang dapat diartikan bahwa kebanyakan pita yang dihasilkan dan terdeteksi adalah pita monomorfik. Pita monomorfik adalah pita yang dimiliki oleh semua sampel dalam populasi (Ballo & Nge, 2020). Hal ini dapat diartikan bahwa keragaman populasi tersebut sangat rendah. Faktor yang dapat menyebabkan terbentuknya pita monomorfik ini adalah adanya homogenitas genetik pada sampel dan kurangnya variasi genetik pada primer (Fadhilah *et al.*, 2025).

Berdasarkan hasil keseluruhan parameter, bisa disimpulkan bahwa aren di Sumatra Barat memiliki keragaman genetik yang rendah. Keragaman genetik yang rendah ini dapat dilihat dari rendahnya semua parameter keragaman yang digunakan mulai dari jumlah alel yang diamati, jumlah alel efektif, indeks Shannon, dan jumlah pita polimorfik. Di samping itu, tidak bisanya digunakan parameter heterozigositas harapan (H_e) juga menunjukkan rendahnya keragaman genetik yang didapat. Beberapa faktor diasumsikan sebagai penyebab rendahnya keragaman genetik, yaitu sampel yang terlalu sedikit, pita dominan monomorfik, dan variasi genetik pada sampel yang rendah (sampel homogen).

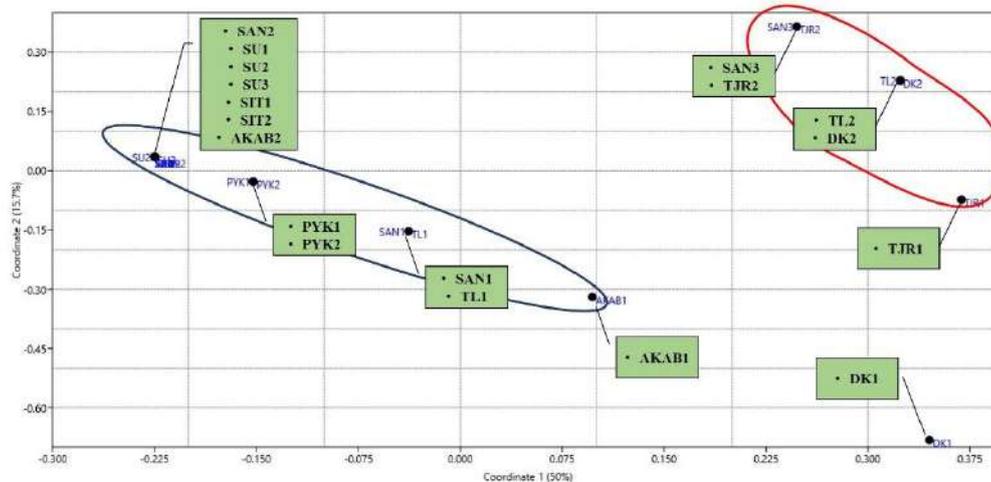
Analisis kekerabatan dan kedekatan genetik juga dilakukan ke semua sampel aren di Sumatra Barat. Analisis ini bertujuan untuk mengidentifikasi sekelompok objek yang mempunyai kesamaan dan karakteristik khas yang dapat dipisahkan dengan kelompok lainnya (Dani *et al.*, 2019). Data biner hasil skoring pita DNA digunakan untuk menyusun matriks kemiripan semua sampel dengan koefisien kemiripan SMC (*Simple Matching Coefficient*). *Simple Matching Coefficient* merupakan metode untuk mencari kedekatan (similaritas) antar dua objek. Karakteristik metode ini adalah objek yang digunakan harus bersifat biner (1/0) (Swari & Firdaus, 2020). Hasil perhitungan matriks kemiripan dapat dilihat pada Lampiran 3. Hasil analisis kekerabatan diinterpretasikan dengan dendogram kekerabatan. Dendogram di tampilkan dengan skala similaritas antar sampel dengan metode SAHN-UPGMA. Metode UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*) merupakan metode pengelompokan hirarki aglomeratif sederhana untuk menghasilkan dendogram dari matriks jarak. (Puigbò, 2002). Dendogram hasil analisis kekerabatan ditampilkan pada Gambar 1.



Gambar 1. Dendrogram hasil analisis kedekatan genetik (kekerabatan) antara 18 sampel aren di Sumatra Barat

Berdasarkan Gambar 1 dapat dilihat bahwa seluruh sampel pada awalnya terbagi menjadi dua pada kemiripan 43% yaitu memisahkan seluruh sampel menjadi dua klaster. Pada klaster pertama, sampel kembali dipecah menjadi dua klaster kecil dengan kemiripan $\pm 67\%$ dan begitu seterusnya. Sampel dengan kemiripan 100% juga ditemukan yaitu sampel SAN2, SIT1, SIT2, AKAB2, SU1, SU2, dan SU3 pada satu kelompok. Lalu terdapat juga sampel SAN1 dan TL1 pada satu kelompok, PYK1 dan PYK2 pada kelompok lainnya, SAN3 dan TJR2, serta TL2 dan DK2 pada kelompok yang berbeda. Nilai similaritas mencapai 100% diartikan bahwa seluruh alel yang terdeteksi dalam satu kelompok melalui analisis SSR sama.

Untuk melihat kemiripan sampel aren dilakukan juga analisis PCoA (*Principle Coordinates Analysis*). PCoA bertujuan untuk mempermudah dalam melihat kemiripan sampel pada dimensi yang lebih kecil. Matriks kemiripan dan koordinat sampel PCoA terlampir pada Lampiran 4 dan Lampiran 5. Hasil analisis PCoA bisa dilihat pada Gambar 2



Gambar 2. Plot PCoA (*Principle Coordinate Analysis*) yang menunjukkan kemiripan sampel aren di Sumatra Barat

Analisis koordinat utama (PCoA) merupakan analisis yang digunakan untuk mengetahui kedekatan individu berdasarkan kemiripan karakter melalui penyederhanaan dimensi (Kristamtini *et al.*, 2016). Dengan menggunakan data biner hasil skoring pita DNA, PCoA dianalisis dengan matriks similaritas Jaccard. Tujuannya yaitu agar didapatkan nilai similaritas antara sampel yang digunakan sehingga dapat divisualisasikan kedalam plot PCoA. Nilai yang digunakan sebagai *x* dan *y axis* nya yaitu *Coordinate 1* dan *2* yang memperlihatkan data sebesar 50% dan 15%. Hal ini berarti plot yang disajikan dapat menginterpretasikan sebesar 65% dari data keseluruhan.

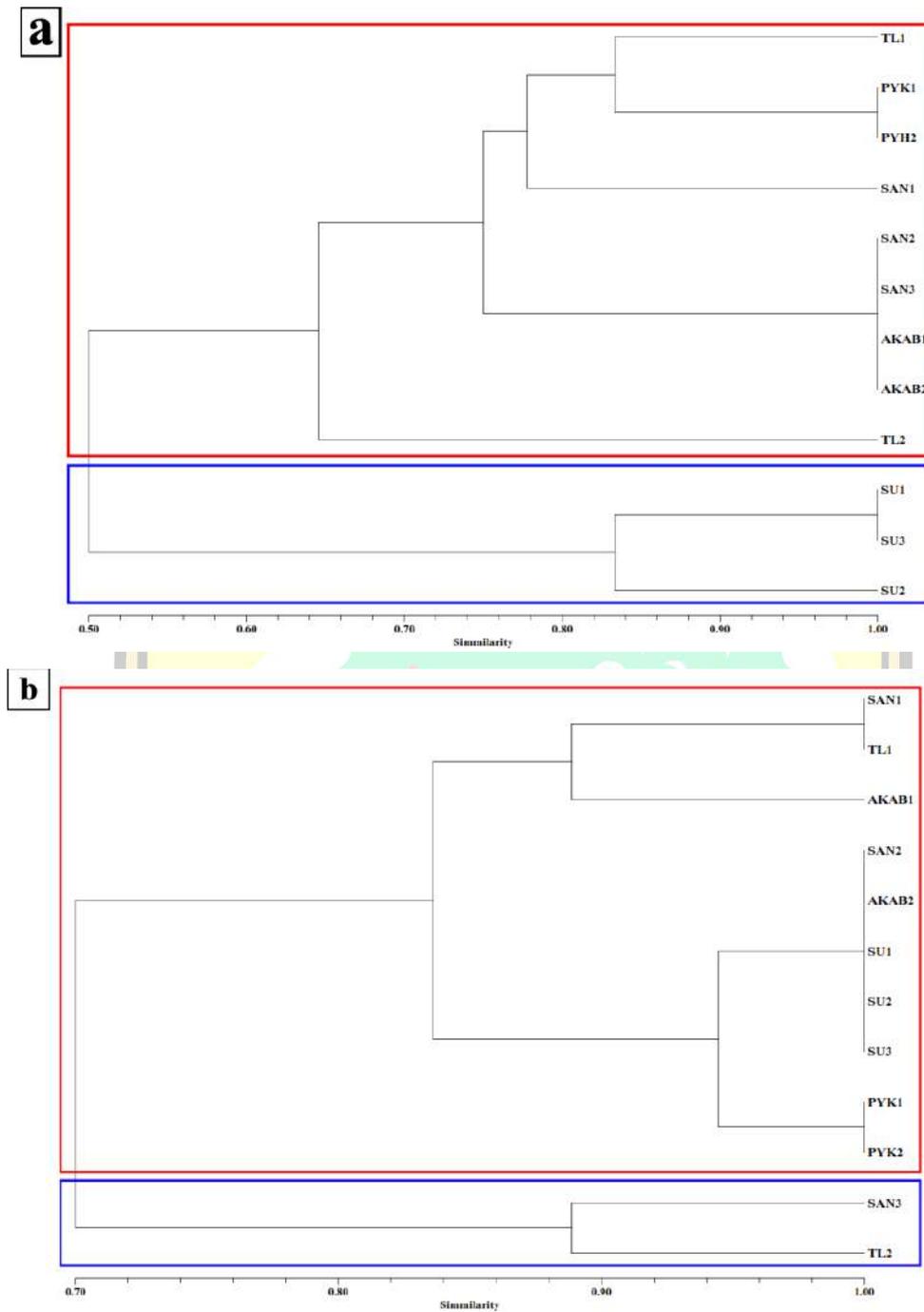
Berdasarkan plot yang telah dianalisis, dapat dilihat bahwa beberapa sampel mengelompok pada satu titik, yaitu pada koordinat (-0.225, 0.035) terdapat tujuh sampel yang terletak pada posisi yang sama. Hal ini disebabkan karena ketujuh sampel tersebut sangat identik satu sama lain, kemiripan ini juga dapat dilihat melalui hasil skoring pita DNA (Tabel 3) dan dendogram kemiripan genetik (Gambar 1) yang menunjukkan hasil yang sama. Selain itu bisa juga dilihat bahwa terdapat sampel yang terpisah jauh yaitu DK1 (0.345, -0.682). Sampel DK1 dapat juga dilihat pada dendogram dan skoring DNA bahwa sampel ini memiliki pita DNA yang berbeda dari kebanyakan sampel lainnya dan terpisah sendiri pada dendogram. Namun meskipun terlihat terpisah, apabila dilihat dari *Coordinate 1*, DK1 memiliki jarak yang dekat dengan TJR1 yang dapat dikonfirmasi juga melalui kedekatan sampel di dendogram. Kedekatan sampel berdasarkan *Coordinate 1* dapat

diasumsikan lebih mendekati kenyataan karena *Coordinat* 1 sendiri dapat menginterpretasikan 50% dari keseluruhan data.

Berdasarkan plot PCoA pada Gambar 2, dapat disimpulkan bahwa keragaman genetik sampel aren terbagi menjadi dua klaster besar yaitu yang ditandai lingkaran biru dan lingkaran merah. Masing-masing klaster terdapat sampel yang mengelompok dan membentuk beberapa titik koordinat pada plot. Sampel DK1 merupakan sampel yang memiliki keragaman paling tinggi dan berbeda dari keseluruhan sampel sehingga berada pada posisi yang terpisah jauh, yang menunjukkan nilai ketidakmiripan yang tinggi.

4.5. Hubungan Keragaman Genetik Molekuler dan Morfologi

Keragaman genetik berdasarkan molekuler menunjukkan keragaman genetik berdasarkan pita DNA dan alel yang muncul setelah amplifikasi. Keragaman didapat dari perbedaan pita yang muncul antara satu sampel dengan sampel yang lainnya. Di sisi lain keragaman berdasarkan morfologis, didapat berdasarkan perbedaan visual dari morfologi (fenotip) dari tanaman aren yang diamati. Pengamatan karakter kualitatif dan kuantitatif diharapkan dapat memperlihatkan perbedaan dan keragaman pada semua sampel aren yang diamati. Namun seringkali pengamatan morfologi memberikan nilai keragaman yang tidak tepat. Hal ini dikarenakan morfologi tanaman aren dapat dipengaruhi oleh faktor lingkungan, baik itu lingkungan tumbuh dan pemeliharaan oleh petani. Oleh karena itu dilakukan perbandingan nilai keragaman genetik berdasarkan morfologi dan molekuler. Analisis kemiripan dilakukan pada setiap metode keragaman untuk mendapatkan dendrogram keragaman. Hasil pengamatan kedua teknik analisis terlampir pada Lampiran 6. Perbandingan dendrogram kedua metode dapat dilihat pada Gambar 3.



Gambar 3. Perbandingan dendrogram antara teknik analisis keragaman berdasarkan (a) morfologi dan (b) molekuler

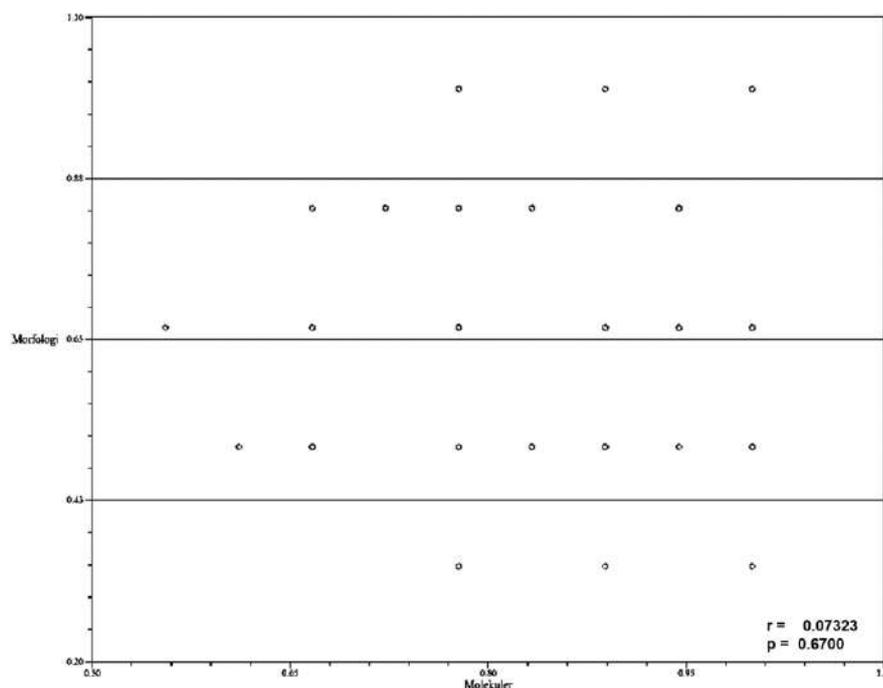
Gambar 3 menunjukkan dendrogram yang dianalisis berdasarkan keragaman genetik morfologi (a) dan keragaman genetik molekuler (b). Data yang digunakan untuk analisis keragaman genetik morfologi mengacu pada penelitian sebelumnya yaitu karakterisasi morfologi aren di berbagai daerah di Sumatra Barat (Fadlillah,

2024; Juadinta, 2025; Pratama, 2025; dan Zebua, 2024). Namun karakter morfologi aren di beberapa daerah penelitian belum lengkap, maka jumlah sampel yang digunakan untuk analisis kemiripan morfologi berkurang dari yang seharusnya. Oleh karena itu, pengurangan sampel juga dilakukan pada analisis kemiripan molekuler agar perbandingan yang dilakukan menjadi setara. Analisis kemiripan pada seluruh sampel dianalisis berdasarkan karakter kualitatif saja meliputi karakter batang, daun, buah, biji, dan ijuk.

Berdasarkan perbandingan dendogram pada Gambar 3, dapat dilihat ada perbedaan pola pengelompokan pada kedua metode. Kedua metode membentuk dua klaster utama, namun dengan sampel anggota yang benar-benar berbeda. Contohnya pada sampel dari Sangir (SAN) yaitu SAN2 dan SAN3 yang memiliki kemiripan 100% berdasarkan morfologis namun memiliki perbedaan sebesar 30% setelah dianalisis secara molekuler. Hasil serupa didapat pada tanaman ubi jalar (Karuri et al., 2010) yang menunjukkan perbedaan pengelompokan antara teknik analisis keragaman genetik dengan morfologi dan molekuler. Hutchings & Kroon (1994) mengemukakan bahwa terjadi suatu efek yaitu *morphological (phenotypic) plasticity* atau plastisitas morfologi (fenotipik) yang mengakibatkan dua organisme secara fenotipik mirip, tetapi secara genetik berbeda. Oleh karena itu memungkinkan terjadi perbedaan pada keragaman genetik yang didapat melalui kedua teknik tersebut.

Namun beberapa sampel menunjukkan pola kemiripan yang hampir sama di kedua metode. Contohnya untuk sampel yang berasal dari Sungayang (SU), pada metode morfologi ketiga sampel memiliki kemiripan $\pm 85\%$ meskipun SU2 terpisah dengan SU1 dan SU3, sedangkan pada metode molekuler ketiga sampel memiliki kemiripan sebesar 100% atau sama persis berdasarkan pita DNA yang terdeteksi. Lalu sampel dari Talamau (TL) juga menunjukkan perbedaan yang sama pada kedua metode, yaitu kedua sampel terpisah jauh dengan perbedaan $\pm 60-70\%$. Contoh lainnya dapat dilihat pada sampel yang berasal dari Kecamatan Payakumbuh (PYK) selalu menunjukkan pola pengelompokan yang sama, yaitu kedua sampel PYK1 dan PYK2 selalu mengelompok menjadi satu, sehingga dapat disimpulkan bahwa sampel dari wilayah tersebut sangat identic baik secara morfologi maupun secara molekuler.

Perbedaan teknik analisis keragaman genetik juga dapat dilihat dengan cara lain selain perbandingan visual antara kedua dendrogram. Upaya untuk melihatnya adalah dengan melakukan uji mantel. Uji mantel dilakukan dengan membandingkan matriks jarak antara data keragaman genetik berdasarkan molekuler dan morfologi. Hasil perbandingan dengan uji Mantel ditampilkan pada Gambar 4.



Gambar 4. Scatter plot visualisasi hubungan antara keragaman genetik berdasarkan morfologi dan molekuler

Pada Gambar 4 dapat dilihat *scatter plot* yang menggambarkan hubungan antara kedua keragaman genetik yang diujikan. Sumbu x memperlihatkan jarak genetik berdasarkan analisis molekuler sedangkan sumbu y berdasarkan morfologi. Setiap titik yang tersebar di dalam plot, menunjukkan hubungan antara dua sampel berdasarkan kedua matriks. Titik sampel pada plot seharusnya berjumlah 66 titik yang didapatkan dengan perhitungan $n(n-1)/2$, dimana n adalah jumlah sampel yang diuji. Namun beberapa sampel memiliki hubungan dengan jarak genetik yang sangat mirip bahkan sama persis, sehingga beberapa titik saling tumpang tindih di dalam plot. Berdasarkan *scatter plot* hasil uji Mantel, dapat dilihat bahwa pengujian terhadap kedua set data mendapatkan nilai $r=0,07$ dan $p=0,6$. Nilai ini dapat dinyatakan sangat kecil karena sangat mendekati 0. Nilai r yang rendah menginterpretasikan bahwa tidak ada korelasi antara kedua set data, tidak saling

berinteraksi secara positif maupun negatif. Hasil yang sama juga ditemukan oleh Bushehri *et al.*, (2005) dan Karuri *et al.*, (2010) yang menyatakan bahwa keragaman genetik berdasarkan morfologi dan molekuler tidak memiliki korelasi. Pada plot yang ditampilkan juga tidak menampilkan adanya garis regresi juga dikarenakan alasan yang sama yaitu korelasi yang sangat rendah antara kedua set data seperti yang ditemukan pada hasil uji mantel oleh Prysizahniuk *et al.* (2018).

Ketiadaan korelasi antara keragaman genetik secara morfologi dan molekuler diasumsikan disebabkan oleh beberapa faktor. Pertama, karena independensi masing-masing variasi sifat seperti yang diungkapkan oleh Karuri *et al.*, (2010) dan Arraouadi *et al.*, (2009). Kedua, alel-alel yang terdeteksi melalui analisis SSR bersifat tidak adaptif sehingga fenotip yang ditampilkan tidak terpengaruh dari keragaman genetik yang ditemukan (Vieira *et al.*, 2007).

Hasil ini sedikit berbeda dibandingkan melakukan perbandingan visual antara kedua dendogram yang menunjukkan bahwa kedua teknik analisis masih memberikan hasil yang searah, meskipun hanya untuk beberapa sampel. Namun kedua metode perbandingan sangat penting diaplikasikan untuk melihat seberapa besar keragaman genetik bisa dibaca hanya dengan ciri morfologis tanpa harus melakukan analisis molekuler. Jika hasil yang didapat saling berkorelasi, maka penentuan sifat dan potensi tanaman aren dapat dilakukan hanya berdasarkan pengamatan morfologis.

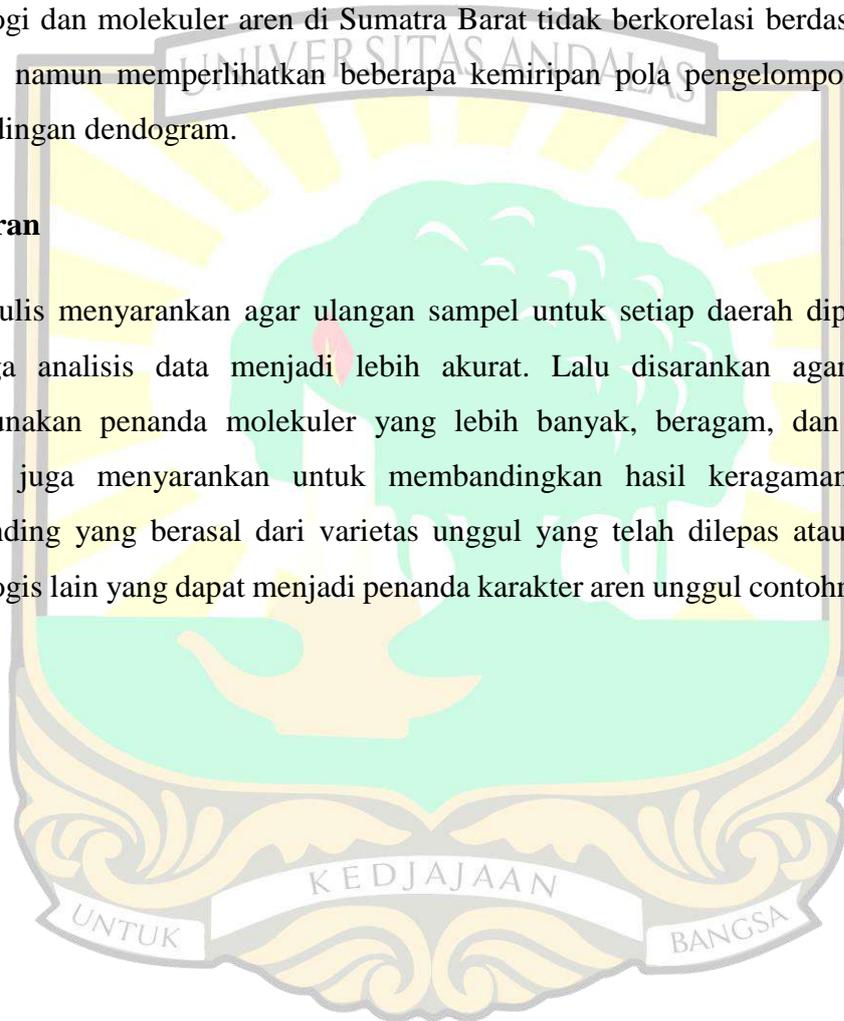
BAB V KESIMPULAN DAN SARAN

5.1. Kesimpulan

Berdasarkan hasil penelitian, diketahui bahwa keragaman genetik aren di Sumatra Barat termasuk kategori rendah. Hal ini didasarkan pada nilai Shannon Index (I) yang rendah dan banyaknya ditemukan pita monomorfik. Keragaman morfologi dan molekuler aren di Sumatra Barat tidak berkorelasi berdasarkan uji Mantel, namun memperlihatkan beberapa kemiripan pola pengelompokan pada perbandingan dendogram.

5.2. Saran

Penulis menyarankan agar ulangan sampel untuk setiap daerah diperbanyak sehingga analisis data menjadi lebih akurat. Lalu disarankan agar analisis menggunakan penanda molekuler yang lebih banyak, beragam, dan spesifik. Penulis juga menyarankan untuk membandingkan hasil keragaman dengan pembanding yang berasal dari varietas unggul yang telah dilepas atau karakter morfologis lain yang dapat menjadi penanda karakter aren unggul contohnya posisi apokol.



DAFTAR PUSTAKA

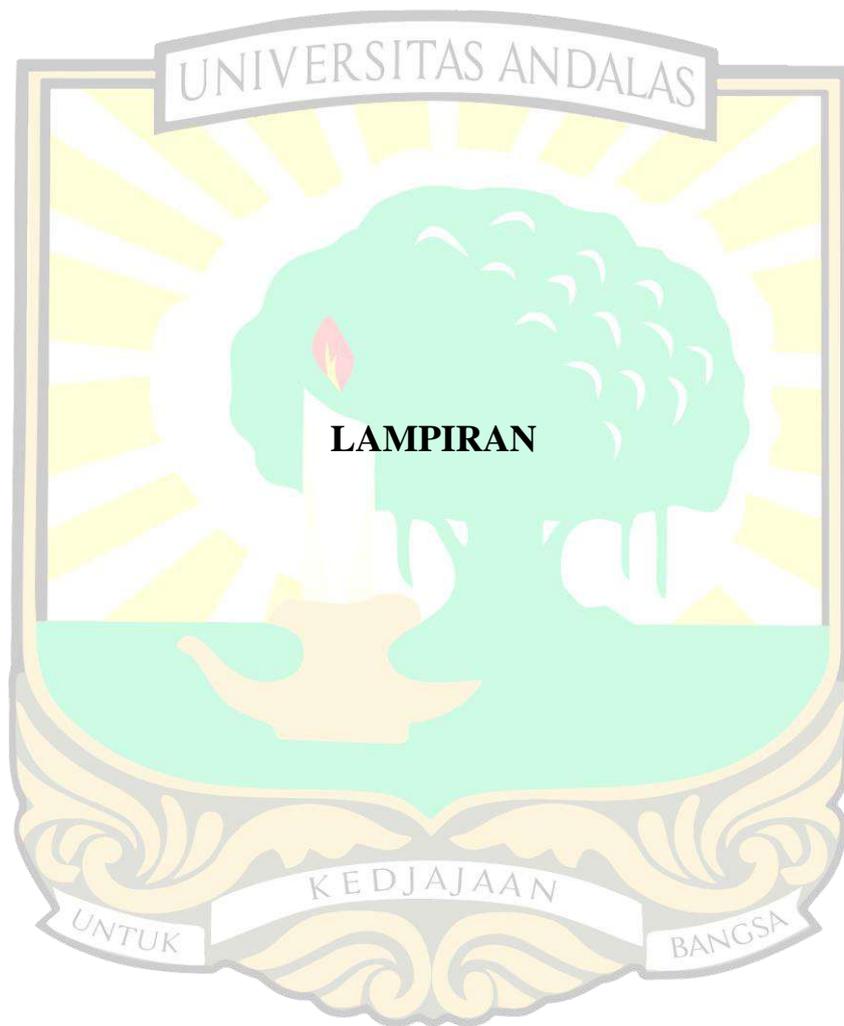
- Al-fai, S. A., Migdadi, H. M., Algamdi, S. S., Altaf, M., Ammar, M. H., Al-oheed, R. S., Al-thamra, M. I., El-harty, E. H., & Jakse, J. (2016). Development, characterization and use of genomic SSR markers for assessment of genetic diversity in some Saudi date palm (*Phoenix dactylifera* L.) cultivars. *Electronic Journal of Biotechnology*, *21*, 18–25. <https://doi.org/10.1016/j.ejbt.2016.01.006>
- Andayani, N. N., Aqil, M., Efendi, R., Isnaini, M., & Azrai, M. (2025). Standardisasi proses analisis sidik jari DNA jagung hibrida nasional. *Warta Agrostandar*, *1*(3), 25–29.
- Anwar, A., Dwipa, I., Hervani, D., & Sari, A. (2024). Hubungan posisi apokol dalam perkecambahan aren (*Arenga pinnata* Merr.) dengan pertumbuhan kecambah dan keragaman genetik. *Jurnal Agroteknologi*, *14*(2), 89–96. <https://doi.org/10.24014/ja.v14i2.26686>
- Arraouadi, S., Badri, M., Jaleel, C. A., Djebali, N., Ilahi, H., Huguet, T., & Aouani, M. E. (2009). Analysis of genetic variation in natural populations of *Medicago truncatula* of Southern Tunisian ecological areas, using morphological traits and SSR markers. *Tropical Plant Biol.*, *2009*(2), 122–132. <https://doi.org/10.1007/s12042-009-9034-5>
- Artika, I. M. (2023). *Teknik manipulasi gen*. IPB Press.
- Ballo, A., & Nge, S. T. (2020). Analisis keragaman genetik pada tanaman kelor (*Moringa oleifera*) berdasarkan penanda molekuler *Random Amplified Polimorphic DNA* (RAPD). *Jurnal Biotropikal Sains*, *17*(1), 35–44.
- Broussard, L., Abadie, C., Lalande, J., Limami, A. M., Lothier, J., & Tcherkez, G. (2023). Phloem sap composition : What have we learnt from metabolomics? *International Journal of Molecular Sciences*, *24*, 16.
- Buchori, A., Firmansah, H., Anika, M., Ratnawati, S., Ulfa, U. T., & Zandrato, Y. (2023). Komparasi metode ekstraksi DNA menggunakan daun padi: Review. *Agriculture and Biological Technology*, *1*(1), 40–50. <https://doi.org/10.61761/agiotech.1.1.40-50>
- Bushehri, A. . S.-, Torabi, S., Omid, M., & Ghannadha, M. (2005). Comparison of genetic and morphological distance with heterosis with RAPD markers in hybrids of barley. *International Journal of Agriculture & Biology Biol.*, *7*(4), 592–595. <http://www.ijab.org>
- Chee, W. W., Jit, T. C., Kien, W. C., Mayes, S., Singh, R., & Chin, S. A. (2015). Development of an Effective SSR-based fingerprinting system for commercial planting materials and breeding. *Journal of Oil Palm Research*, *27*(2), 113–127.
- Dani, A. T. R., Wahyuningsih, S., & Rizki, N. A. (2019). Penerapan hierarchical clustering metode agglomerative pada data runtun waktu. *Jambura Journal of*

- Mathematics*, 1(2), 64–78. <https://doi.org/10.34312/jjom.v1i2.2354>
- Diniz-filho, J. A. F., Soares, T. N., Lima, J. S., Dobrovolski, R., Landeiro, V. L., Pires, M., Telles, D. C., Rangel, T. F., & Bini, L. M. (2013). *Mantel test in population genetics*. 36(4), 475–485.
- Direktorat Jendral Perkebunan. (2022). *Statistik perkebunan non unggulan 2021-2023*. Sekretariat Direktorat Jenderal Perkebunan.
- Fadhilah, N., Idami, Z., & Dur, S. (2025). Analisis polimorfik genetik DNA ikan mas koki genus *Carrasius* menggunakan metode RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*). *Jurnal Biosense*, 8(2), 157–171.
- Fadlillah, S. R. (2024). *Eksplorasi dan karakterisasi morfologi tanaman aren (Arenga pinnata Merr.) di Nagari Silago Kecamatan IX Koto Kabupaten Dharmasraya*. Universitas Andalas.
- Faizah, R., Wening, S., Rahmadi, H. Y., & Purba, A. R. (2016). Keragaman genetik populasi *E. oleifera* dan populasi *E. guineensis* pada koleksi plasma nutfah PPKS. *J. Pen. Kelapa Sawit*, 24(1), 13–22.
- Fauzi, R. Z. (2020). *Identifikasi keragaman karakteristik Simple Sequence Repeat (SSR) pada Expressed Sequence Tags(EST) Curcuma longa untuk prastudi keragaman genetik temu ireng (Curcuma aeruginosa)*. Universitas Islam Negeri Syarif Hidayatullah.
- Handayani, T. (2022). Pemencaran biji jenis-jenis tanaman suku *Annonaceae* di Kebun Raya Bogor, Indonesia. *Prosiding Seminar Nasional Masyarakat Biodiversitas Indonesia*, 8(2), 136–141. <https://doi.org/10.13057/psnmbi/m080205>
- Handoyo, D., & Rudiretna, A. (2001). Prinsip umum dan pelaksanaan *Polymerase Chain Reaction (PCR)*. *Unitas*, 9(1), 17–29.
- Harahap, A. S. (2017). Uji kualitas dan kuantitas DNA beberapa populasi pohon kapur Sumatera. *Journal of Animal Science and Agronomy Panca Budi*, 2(02), 1–6.
- Harahap, E. J., Rosmayanti, R., & Hanafiah, D. S. (2020). Uji polimorfik dan heterozigositas pada progeni F4 kedelai (*Glycine max (L.) Merrill*) tahan salin dengan menggunakan marka SSR (*Simple Sequence Repeats*). *Jurnal Agrotek Lestari*, 5(2), 78–86. <https://doi.org/10.35308/jal.v5i2.2229>
- Harahap, P., Rosmayati, Harahap, E. M., Harahap, D. E., & Harahap, F. S. (2018). Eksplorasi dan identifikasi tanaman aren (*Arenga pinnata* Merr.) di Kabupaten Tapanuli Selatan. *Jurnal Pertanian Tropik*, 5(3), 423–427.
- Hutchings, M. J., & Kroon, H. De. (1994). Foraging in plants: The role of morphological plasticity in resource acquisition. *Advances in Ecological Research*, 25, 159–238. [https://doi.org/10.1016/S0065-2504\(08\)60215-9](https://doi.org/10.1016/S0065-2504(08)60215-9)
- Juadinta, S. (2025). *Inventarisasi kearifan lokal dan karakterisasi penanda morfologi pohon aren (Arenga pinnata (Wurmb.) Merr) berpotensi unggul di Kecamatan Akabiluru, 50 Kota*. Universitas Andalas.

- Karuri, H. W., Ateka, E. M., Amata, R., Nyende, A. B., Muigai, A. W. T., Mwasame, E., & Gichuki, S. T. (2010). Evaluating diversity among kenyan sweet potato genotypes using morphological and SSR markers. *International Journal of Agriculture and Biology*, *12*(1), 33–38.
- Kristamtini, K., Taryono, T., Basunanda, P., & Murti, R. H. (2016). Keragaman genetik kultivar padi beras hitam lokal berdasarkan penanda mikrosatelit. *Jurnal AgroBiogen*, *10*(2), 69. <https://doi.org/10.21082/jbio.v10n2.2014.p69-76>
- Laksananny, S. A., & Pujirahayu, N. (2017). Analisis kelayakan usahatani tanaman aren (*Arenga pinnata* Merr) genjah pada sistem agroforestri di kawasan Tahura Nipa-nipa Kendari. *Ecogreen*, *3*(1), 33–39.
- Ma, Y. J., Dissen, G. A., Rage, F., & Ojeda, S. R. (1996). RNase protection assay. *Methods*, *10*(3), 273–278. <https://doi.org/10.1006/meth.1996.0102>
- Mahadi, I., Zulfarina, & Anggraini, M. (2021). Penggunaan buffer alternatif untuk isolasi DNA genomik pada tanaman hutan. *Jurnal Penelitian Kehutanan Wallacea*, *10*(2), 117–130. <https://doi.org/10.18330/jwallacea.2021.vol10iss2pp117-130>
- Margolang, I. G. (2023). *Eksplorasi dan identifikasi tanaman aren (Arenga pinnata) di Kabupaten Deli Serdang*. Universitas Medan Area.
- Ningsih, D. U. (2021). Optimasi suhu annealing proses amplifikasi gen Luciferase pengkode bioluminesensi pada jamur *Neonothopanus sp.* dengan metode *Polymerase Chain Reaction*. *Prosiding SEMNAS BIO 2021*, 1693–1700.
- Nirawati. (2021). *Pendekatan genetik untuk mengidentifikasi karakter spesifik sukrosa aren (Arenga pinnata (Wurmb) Merr.)*. UNIVERSITAS HASANUDDIN.
- Nurdianawati, S., Wicaksana, N., & Anas, A. (2016). Analisis kesesuaian marka SSR (*Simple Sequence Repeats*) untuk identifikasi keragaman genetik pada kacang bambara asal Jawa Barat. *Agrikultura*, *27*(2), 120–123. <https://doi.org/10.24198/agrikultura.v27i2.10528>
- Pamaya, D., Muchlissin, S. I., Maharani, E. T. W., Darmawati, S., & Ethica, S. N. (2018). Isolasi bakteri penghasil enzim protease *Bacillus amyloliquefaciens* IROD2 pada oncom merah pasca fermentasi 48 jam. *Seminar Nasional Edusaintek*, 40–46.
- Pasaribu, A., Putri, L. A. P., & Suryanto. (2017). Analisis awal keragaman molekular kelapa sawit (*Elaies guineensis* Jacq.) menggunakan lima primer SSR (*Simple Sequences Repeats*). *Jurnal Pertanian Tropik*, *4*(1), 47–56.
- Pranoto, Charis, A., Alwi, A. Z., Arianti, L. A., & Hidayat, W. W. N. (2022). Identifikasi populasi pohon aren (*Arenga pinnata*) sebagai potensi utama produk kreatif Desa Wisata Branjang Ungaran. *Media Informasi Penelitian Kabupaten Semarang (SINOV)*, *4*(1), 100–111.

- Pratama, M. D. (2025). *Inventarisasi kearifan lokal dan karakterisasi penanda morfologi aren (Arenga pinnata (Wurmb) Merr.) berpotensi unggul di Kecamatan Payakumbuh, Kabupaten Lima Puluh Kota*. Universitas Andalas.
- Pryszahniuk, L. M., Klyachenko, O. L., Dikhtiar, I. O., & Symonenko, N. V. (2018). Analysis of diversity and genetic interactions of potato varieties (*Solanum tuberosum* L.) based on morphological characteristics and SSR markers. *Plant Varieties Studying and Protection*, 14(3), 277–284. <https://doi.org/10.21498/2518-1017.14.3.2018.145292>
- Rinawati, D. Y., Reflinur, Dinarti, D., & Sudarsono. (2021). Genetic diversity of sugar palm (*Arenga pinnata*) derived from nine regions in Indonesia based on SSR markers. *Biodiversitas*, 22(9), 3749–3755. <https://doi.org/10.13057/biodiv/d220919>
- Royani, J. I., Sinaga, O. F. B., Aliyah, K. N., Hardianto, D., Agustina, T., Rofiq, M. N., Kristamtini, Handayani, T., Puspitasari, W., Sudarsono, Abdullah, L., & Asiyah, S. I. (2022). Screening of simple sequence repeats (SSR) primers from mutated *Indigofera zolligeriana* Miq plants. *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science*, 1114(1), 1–9. <https://doi.org/10.1088/1755-1315/1114/1/012106>
- Santoso, T. J., Utami, D. W., & Septiningsih, E. M. (2006). Analisis sidik jari DNA plasma nutfah kedelai menggunakan marka SSR. *AgroBiogen*, 2(1), 1–7.
- Serrote, C. M. L., Reiniger, L. R. S., Silva, K. B., Rabaiolli, S. M. dos S., & Stefanel, C. M. (2020). Determining the polymorphism information content of a molecular marker. *Gene*, 726, 1–15. <https://doi.org/10.1016/j.gene.2019.144175>
- Siregar, U. J., & Olivia, R. D. (2012). Keragaman genetik populasi sengon (*Paraserianthes falcataria* (L) Nielsen) pada hutan rakyat di Jawa berdasarkan penanda RAPD. *Journal of Tropical Silviculture*, 3(2), 1–7.
- Sulistiyawati, P., & Widyatmoko, A. (2017). Keragaman genetik populasi kayu merah (*Pterocarpus indicus* Willd) menggunakan penanda *Random Amplified Polymorphism DNA*. *Jurnal Pemuliaan Tanaman Hutan*, 11(1), 67–76. <https://doi.org/10.20886/jpth.2017.11.1.67-76>
- Sunaryo, W. (2015). Review : Aplikasi DNA barcoding untuk analisis keragaman genetik lai-durian (*Durio zibethinus x kutejensis*) asal Kalimantan Timur. *Pros Sem Nas Masy Biodiv Indon*, 1(6), 1273–1277. <https://doi.org/10.13057/psnmbi/m010602>
- Supratman, A. R., & Purwantoro, A. (2021). Karakterisasi Tanaman Keladi Hias (*Caladium spp.*) berdasarkan Penanda Molekuler RAPD. *Vegetalika*, 10(4), 287. <https://doi.org/10.22146/veg.37168>
- Swari, M. H. P., & Firdaus, J. (2020). Implementasi case based reasoning pada sistem identifikasi kerusakan komputer dengan metode similaritas simple matching coefficient. *Prosiding Seminar Nasional Informatika Bela Negara*, 1, 25–30. <https://doi.org/10.33005/santika.v1i0.3>

- Tenda, E. T., Maskromo, I., & Heliyanto, B. (2010). Eksplorasi plasma nutfah aren (*Arenga pinnata* Merr) di Kutai Timur, Provinsi Kalimantan Timur. *Buletin Palma*, 38, 88–94.
- Terryana, R. ., Nugroho, K., & Lestari, P. (2020). Genetic diversity of sugar palm populations from Cianjur and Banten revealed by Simple Sequence Repeat (SSR) markers. *IOP Conf. Series: Earth and Environmental Science*, 418. <https://doi.org/10.1088/1755-1315/418/1/012038>
- Vieira, E. A., de Carvalho, F. I. F., Bertan, I., Kopp, M. M., Zimmer, P. D., Benin, G., da Silva, J. A. G., Hartwig, I., Malone, G., & de Oliveira, A. C. (2007). Association between genetic distances in wheat (*Triticum aestivum* L.) as estimated by AFLP and morphological markers. *Genetics and Molecular Biology*, 30(2), 392–399. <https://doi.org/10.1590/S1415-47572007000300016>
- Vika, T. O., Purwantoro, A., & WUlandari, R. A. (2015). Keragaman molekuler pada tanaman lili hujan (*Zephyranthes spp.*). *Vegetalika*, 4(1), 70–77. <https://doi.org/10.3969/j.issn.1008-0813.2015.03.002>
- Wasdili, F. A. Q., Putri, A. S., & Romlah, S. (2022). Optimasi isolasi DNA genom *Candida albicans* dengan metode Litium Karbonat. *Anakes : Jurnal Ilmiah Analis Kesehatan*, 8(2), 160–168. <https://doi.org/10.37012/anakes.v8i2.1156>
- Widyawati, N. (2012). *Sukses Investasi Masa Depan Dengan Bertanam Pohon Aren*. Lily Publisher.
- Winarto, S. (2017). Pemanfaatan serat ijuk sebagai material campuran menahan beban tekan studi kasus : Pembangunan homestay Singonegaran Kediri. *UkaRsT*, 1(1), 1–10.
- Yuliasti, & Reflinur. (2015). Evaluation of mungbean mutant lines to drought stress and their genetic relationships using SSR markers. *Atom Indonesia*, 41(3), 161–167.
- Yunus, Hamsina, & Tang, M. (2020). Produksi bioetanol dari nira aren. *Saintis*, 1(1), 33–39.
- Zalapa, J. E., Cuevas, H., Zhu, H., Steffan, S., Senalik, D., Zeldin, E., McCown, B., Harbut, R., & Simon, P. (2012). Using next-generation sequencing approaches to isolate Simple Sequence Repeat (SSR) loci in the plant sciences. *American Journal of Botany*, 99(2), 193–208. <https://doi.org/10.3732/ajb.1100394>
- Zebua, E. V. (2024). *Inventarisasi kearifan lokal dan karakterisasi penanda morfologi pohon aren (Arenga pinnata) berpotensi unggul di Kecamatan Talamau, Kabupaten Pasaman Barat*. Universitas Andalas.
- Zulfahmi. (2013). Penanda DNA untuk analisis genetik tanaman. *Jurnal Agroteknologi*, 3(2), 41–52.
- Zulfiana, A. S. (2021). *Validasi marka SSR hasil desain genom inti dan keragaman genetik Arenga pinnata Merr. pada provenansi Maros dan Sanjai*. Universitas Hasanuddin.



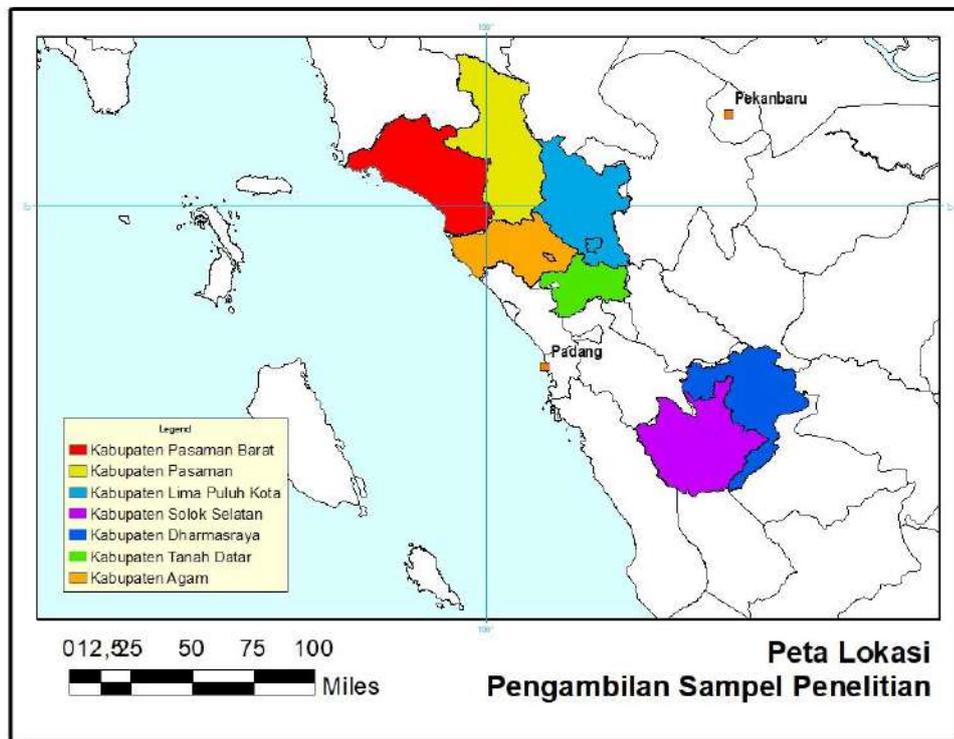
LAMPIRAN

Lampiran 1. Jadwal Kegiatan Penelitian dari bulan Mei s.d. Juni 2025

No	Kegiatan	Minggu ke-							
		1	2	3	4	5	6	7	8
1	Pengambilan sampel daun	■	■	■					
2	Isolasi DNA			■	■				
3	Uji Kuantitas DNA			■	■				
4	Amplifikasi DNA			■	■	■			
5	Analisis dan Pengolahan Data				■	■	■	■	
6	Penulisan Tesis		■	■	■	■	■	■	■



Lampiran 2. Peta lokasi pengambilan sampel daun aren di berbagai lokasi di Sumatra Barat



Lampiran 3. Matriks kemiripan genetik aren di Sumatra Barat dengan koefisien kemiripan *Simple Matching Coefficient* (SMC)

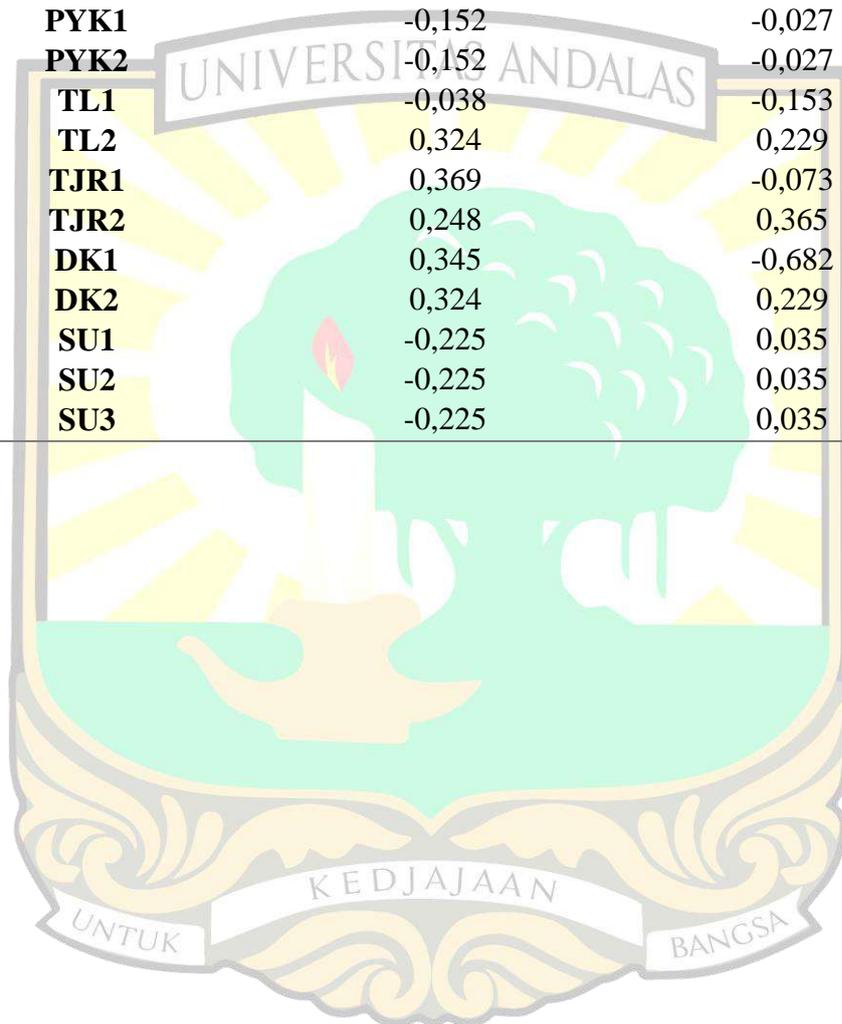
Daerah	Sampel	SU1	SU2	SU3	TL1	TL2	AKAB1	AKAB2	PYK1	PYK2	DK1	DK2	TJR1	TJR2	SIT1	SIT2	SAN1	SAN2	SAN3		
Tanah Datar	SU1	1,00																			
	SU2	1,00	1,00																		
	SU3	1,00	1,00	1,00																	
Pasaman Barat	TL1	0,92	0,92	0,92	1,00																
	TL2	0,75	0,75	0,75	0,83	1,00															
Lima Puluh Kota	AKAB1	0,83	0,83	0,83	0,92	0,75	1,00														
	AKAB2	1,00	1,00	1,00	0,92	0,75	0,83	1,00													
	PYK1	0,96	0,96	0,96	0,88	0,71	0,79	0,96	1,00												
	PYK2	1,00	1,00	1,00	0,88	0,63	0,75	1,00	1,00	1,00											
Pasaman	DK1	0,58	0,58	0,58	0,58	0,58	0,67	0,58	0,54	0,38	1,00										
	DK2	0,75	0,75	0,75	0,83	1,00	0,75	0,75	0,71	0,63	0,58	1,00									
Agam	TJR1	0,71	0,83	0,71	0,63	0,79	0,54	0,71	0,67	0,75	0,46	0,79	1,00								
	TJR2	0,83	0,83	0,83	0,75	0,92	0,67	0,83	0,79	0,75	0,58	0,92	0,88	1,00							
Dharmasraya	SIT1	1,00	1,00	1,00	0,92	0,75	0,83	1,00	0,96	1,00	0,58	0,75	0,71	0,83	1,00						
	SIT2	1,00	1,00	1,00	0,92	0,75	0,83	1,00	0,96	1,00	0,58	0,75	0,71	0,83	1,00	1,00					
Solok Selatan	SAN1	0,92	0,92	0,92	1,00	0,83	0,92	0,92	0,88	0,88	0,58	0,83	0,63	0,75	0,92	0,92	1,00				
	SAN2	1,00	1,00	1,00	0,92	0,75	0,83	1,00	0,96	1,00	0,58	0,75	0,71	0,83	1,00	1,00	1,00	1,00			
	SAN3	0,83	0,83	0,83	0,75	0,92	0,67	0,83	0,79	0,75	0,58	0,92	0,88	1,00	0,83	0,83	0,75	0,83	1,00		

Lampiran 4. Matriks jarak Euclidean sebagai data acuan pembuatan PCoA pada analisis keragaman genetik

Sampel	SAN1	SAN2	SAN3	SIT1	SIT2	AKAB ₁	AKAB ₂	PYK1	PYK2	TL1	TL2	TJR1	TJR2	DK1	DK2	SU1	SU2	SU3
SAN1	1,000	0,818	0,538	0,818	0,818	0,818	0,818	0,750	0,750	1,000	0,667	0,308	0,538	0,333	0,667	0,818	0,818	0,818
SAN2	0,818	1,000	0,667	1,000	1,000	0,667	1,000	0,909	0,909	0,818	0,538	0,417	0,667	0,333	0,538	1,000	1,000	1,000
SAN3	0,538	0,667	1,000	0,667	0,667	0,429	0,667	0,615	0,615	0,538	0,818	0,700	1,000	0,333	0,818	0,667	0,667	0,667
SIT1	0,818	1,000	0,667	1,000	1,000	0,667	1,000	0,909	0,909	0,818	0,538	0,417	0,667	0,333	0,538	1,000	1,000	1,000
SIT2	0,818	1,000	0,667	1,000	1,000	0,667	1,000	0,909	0,909	0,818	0,538	0,417	0,667	0,333	0,538	1,000	1,000	1,000
AKAB1	0,818	0,667	0,429	0,667	0,667	1,000	0,667	0,615	0,615	0,818	0,538	0,214	0,429	0,429	0,538	0,667	0,667	0,667
AKAB2	0,818	1,000	0,667	1,000	1,000	0,667	1,000	0,909	0,909	0,818	0,538	0,417	0,667	0,333	0,538	1,000	1,000	1,000
PYK1	0,750	0,909	0,615	0,909	0,909	0,615	0,909	1,000	1,000	0,750	0,500	0,385	0,615	0,313	0,500	0,909	0,909	0,909
PYK2	0,750	0,909	0,615	0,909	0,909	0,615	0,909	1,000	1,000	0,750	0,500	0,385	0,615	0,313	0,500	0,909	0,909	0,909
TL1	1,000	0,818	0,538	0,818	0,818	0,818	0,818	0,750	0,750	1,000	0,667	0,308	0,538	0,333	0,667	0,818	0,818	0,818
TL2	0,667	0,538	0,818	0,538	0,538	0,538	0,538	0,500	0,500	0,667	1,000	0,545	0,818	0,333	1,000	0,538	0,538	0,538
TJR1	0,308	0,417	0,700	0,417	0,417	0,214	0,417	0,385	0,385	0,308	0,545	1,000	0,700	0,133	0,545	0,417	0,417	0,417
TJR2	0,538	0,667	1,000	0,667	0,667	0,429	0,667	0,615	0,615	0,538	0,818	0,700	1,000	0,333	0,818	0,667	0,667	0,667
DK1	0,333	0,333	0,333	0,333	0,333	0,429	0,333	0,313	0,313	0,333	0,333	0,133	0,333	1,000	0,333	0,333	0,333	0,333
DK2	0,667	0,538	0,818	0,538	0,538	0,538	0,538	0,500	0,500	0,667	1,000	0,545	0,818	0,333	1,000	0,538	0,538	0,538
SU1	0,818	1,000	0,667	1,000	1,000	0,667	1,000	0,909	0,909	0,818	0,538	0,417	0,667	0,333	0,538	1,000	1,000	1,000
SU2	0,818	1,000	0,667	1,000	1,000	0,667	1,000	0,909	0,909	0,818	0,538	0,417	0,667	0,333	0,538	1,000	1,000	1,000
SU3	0,818	1,000	0,667	1,000	1,000	0,667	1,000	0,909	0,909	0,818	0,538	0,417	0,667	0,333	0,538	1,000	1,000	1,000

Lampiran 5. Koordinat sampel pada scatter plot visualisasi PCoA

Sampel	Coord 1 (Sumbu X)	Coord 2 (Sumbu Y)
SAN1	-0,038	-0,153
SAN2	-0,225	0,035
SAN3	0,248	0,365
SIT1	-0,225	0,035
SIT2	-0,225	0,035
AKAB1	0,097	-0,320
AKAB2	-0,225	0,035
PYK1	-0,152	-0,027
PYK2	-0,152	-0,027
TL1	-0,038	-0,153
TL2	0,324	0,229
TJR1	0,369	-0,073
TJR2	0,248	0,365
DK1	0,345	-0,682
DK2	0,324	0,229
SU1	-0,225	0,035
SU2	-0,225	0,035
SU3	-0,225	0,035



Lampiran 6. Data skoring untuk dendrogram keragaman genetik berdasarkan morfologi (karakter kualitatif) dan molekuler (pita DNA)

Sampel	Karakter Morfologi								Alel yang muncul																	
	M1	M2	M3	M4	M5	M6	M7	M8	A1	A2	A3	A4	A5	A6	A7	A8	A9	A10	A11	A12	A13	A14	A15	A16	A17	A18
SAN1	5	3	1	5	1	1	3	3	1	0	1	0	1	0	0	1	0	1	1	1	1	0	0	1	0	1
SAN2	5	5	1	5	1	1	3	1	1	0	1	0	1	0	0	0	1	1	1	1	1	0	0	1	0	1
SAN3	5	5	1	5	1	1	3	1	1	0	1	0	1	0	0	0	1	1	1	1	1	0	1	0	1	0
AKAB1	5	5	1	5	3	1	3	1	1	0	1	0	0	1	0	1	0	1	1	1	1	0	0	1	0	1
AKAB2	5	5	1	5	3	1	3	1	1	0	1	0	1	0	0	0	1	1	1	1	1	0	0	1	0	1
PYK1	5	3	1	5	3	5	3	1	1	0	1	0	1	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	1	0	1
PYK2	5	3	1	5	3	5	3	1	1	0	1	0	1	0	0	0	1	1	1	1	1	1	0	1	0	1
TL1	5	3	1	5	5	3	1	1	1	0	1	0	1	0	0	1	0	1	1	1	1	0	0	1	0	1
TL2	5	1	1	5	1	3	3	5	1	0	1	0	1	0	0	1	0	1	1	1	1	0	1	0	1	0
SU1	5	7	3	5	3	3	3	3	1	0	1	0	1	0	0	0	1	1	1	1	1	0	0	1	0	1
SU2	5	7	3	5	1	1	3	5	1	0	1	0	1	0	0	0	1	1	1	1	1	0	0	1	0	1
SU3	5	7	3	5	1	1	3	3	1	0	1	0	1	0	0	0	1	1	1	1	1	0	0	1	0	1