

**ANALISIS KEKERABATAN GENETIK AREN BERDASARKAN
POSISI OPERKULUM DAN KARAKTER ANATOMI DAUN
DENGAN MENGGUNAKAN PENANDA *SIMPLE SEQUENCE
REPEAT* (SSR)**



**PROGRAM STUDI AGRONOMI
FAKULTAS PERTANIAN
UNIVERSITAS ANDALAS
PADANG
2026**

RINGKASAN

Muhammad Aulia Rahman. Analisis Kekerabatan Genetik Aren Berdasarkan Posisi Operkulum dengan Menggunakan Penanda *Simple Sequence Repeat* (SSR). Dibimbing oleh Aswaldi Anwar, Dini Hervani, dan Ratna Wulandari.

Tanaman aren (*Arenga pinnata*) merupakan komoditas perkebunan strategis yang hampir seluruh bagian pohonnya dapat dimanfaatkan, mulai dari nira sebagai bahan baku gula aren dan bioetanol, buah muda (kolang-kaling), ijuk, hingga pati dari empulur batangnya. Pengembangan potensi aren secara optimal memerlukan pemahaman mendalam tentang keragaman dan kekerabatan genetiknya, mengingat tingginya variasi genetik dalam populasi aren yang bersistem penyerbukan terbuka (*open pollinated*). Salah satu pendekatan deteksi dini yang dapat digunakan untuk mengelompokkan varietas aren adalah berdasarkan posisi operkulum, yaitu struktur khusus pada benih aren yang berfungsi melindungi embrio dan berperan penting dalam proses perkecambahan. Penelitian ini bertujuan menganalisis kekerabatan genetik aren berdasarkan posisi operkulum menggunakan marka *Simple Sequence Repeat* (SSR), serta mempelajari hubungannya dengan karakter anatomi daun. Penelitian dilaksanakan pada November 2025–Januari 2026, dengan sampel daun aren dari empat kelompok posisi operkulum (K1, K2, K3, dan K4) yang dianalisis secara molekuler menggunakan sepuluh primer SSR dan dikonfirmasi melalui pengamatan anatomi daun pada parameter ketebalan epidermis, kutikula, dan mesofil. Hasil penelitian menunjukkan bahwa dari sepuluh primer SSR yang digunakan, dua di antaranya sangat informatif dengan nilai *Polymorphic Information Content* (PIC) di atas 0,5, sementara primer lainnya berkeinformatifan sedang hingga rendah. Analisis dendrogram UPGMA dan *Principal Coordinate Analysis* (PCoA) mengelompokkan 24 sampel daun aren ke dalam dua klaster utama: Klaster I mencakup aksesori K1 (kuadran kanan atas) dan K2 (kuadran kiri atas) yang berkerabat dekat dengan varietas Parasi dan Smulen (tipe sedang/antara), sedangkan Klaster II mencakup aksesori K4 (kuadran kanan bawah) dan sebagian K3 yang berkerabat dekat dengan varietas Dalam Tomohon (tipe dalam). Pengamatan anatomi daun menunjukkan pola yang konsisten dengan pengelompokan genetik tersebut. Aksesori K1 dan K2 menampilkan struktur anatomi paling optimal, dengan skor semikuantitatif tertinggi (masing-masing 15), kutikula relatif tebal, palisade rapat, epidermis tebal, dan kloroplas padat — mencerminkan keseimbangan pertumbuhan vegetatif dan produktivitas yang baik. Sebaliknya, aksesori K4 menunjukkan karakter anatomi paling menyimpang, dengan skor terendah (9), kutikula tipis, palisade longgar, dan kloroplas jarang; keragaman genetiknya yang tinggi ternyata tidak berkorelasi dengan performa anatomi, melainkan mencerminkan variabilitas adaptif akibat kondisi suboptimal pada awal pertumbuhan. Aksesori K3 belum menunjukkan kecenderungan pengelompokan definitif secara molekuler maupun anatomi, sehingga memerlukan kajian lanjutan. Hasil ini menegaskan bahwa posisi operkulum berkorelasi dengan keragaman genetik yang terdeteksi melalui SSR sekaligus dengan karakter anatomi daun aren.

SUMMARY

Muhammad Aulia Rahman. Genetic Relationship Analysis of Sugar Palm Based on Operculum Position Using Simple Sequence Repeat (SSR) Markers. Supervised by Aswaldi Anwar, Dini Hervani, and Ratna Wulandari.

Sugar palm (*Arenga pinnata*) is a strategic plantation commodity in which nearly every part of the tree can be utilized, ranging from sap as a raw material for palm sugar and bioethanol, immature fruit (kolang-kaling), fiber (ijuk), to starch extracted from the stem pith. Optimal development of sugar palm's potential requires a thorough understanding of its genetic diversity and relatedness, given the high genetic variation within open-pollinated sugar palm populations. One early-detection approach that can be used to group sugar palm varieties is based on operculum position, a specialized structure on the seed that protects the embryo and plays an important role in germination. This study aimed to analyze the genetic relatedness of sugar palm based on operculum position using Simple Sequence Repeat (SSR) markers, as well as to examine the relationship between operculum position and leaf anatomical characters. The research was conducted from November 2025 to January 2026, with leaf samples collected from four operculum-position groups (K1, K2, K3, and K4), which were subsequently analyzed molecularly using ten SSR primers and confirmed through observation of leaf anatomy, focusing on epidermal thickness, cuticle thickness, and mesophyll thickness. Genetic diversity analysis was performed using UPGMA dendrograms and Principal Coordinate Analysis (PCoA) based on genetic distance matrices. The results showed that of the ten SSR primers used, two were highly informative, with Polymorphic Information Content (PIC) values above 0.5, while the remaining primers exhibited moderate to low informativeness. UPGMA dendrogram and PCoA analyses grouped the 24 sugar palm leaf samples into two major clusters: Cluster I comprised accessions K1 and K2, which were closely related to the Parasi and Smulen varieties (intermediate type), while Cluster II comprised accession K4 and part of K3, which were closely related to the Dalam Tomohon variety (deep type). Accession K4, located in the lower-right quadrant of the PCoA plot, was identified as the deep type; its high genetic diversity did not correlate with leaf anatomy but instead reflected adaptive variability (thin cuticle, loose palisade layer) in response to suboptimal conditions during early growth. In contrast, accessions K1 and K2 were concluded to be of the intermediate type, supported by optimal leaf anatomical structure reflecting a balance between vegetative growth and productivity. Accession K3 did not yet show a definitive clustering tendency, either molecularly or anatomically, and therefore requires further study. These findings confirm that operculum position is correlated with genetic diversity detectable through SSR markers.