



ANALISIS POTENSI GENETIK PLASMA NUTFAH PINANG (*Areca catechu* L.) INDONESIA DENGAN PENDEKATAN MULTI OMICS

MUHAMMAD ROIYAN ROMADHON



**PROGRAM STUDI PEMULIAAN DAN BIOTEKNOLOGI TANAMAN
FAKULTAS PERTANIAN
INSTITUT PERTANIAN BOGOR
BOGOR
2024**



@Hak cipta milik *IPB University*

IPB University



IPB University
— Bogor Indonesia —

Hak Cipta Dilindungi Undang-undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.



PERNYATAAN MENGENAI DISERTASI DAN SUMBER INFORMASI SERTA PELIMPAHAN HAK CIPTA

Dengan ini saya menyatakan bahwa disertasi dengan judul “**Analisis Potensi Genetik Plasma Nutfah Pinang Indonesia dengan Pendekatan Multi Omics**” adalah karya saya dengan arahan dari dosen pembimbing dan belum diajukan dalam bentuk apa pun 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 di bagian akhir disertasi ini.

Dengan ini saya melimpahkan hak cipta dari karya tulis saya kepada Institut Pertanian Bogor.

Bogor, Agustus 2024

Muhammad Roiyan Romadhon
A2603211011



RINGKASAN

MUHAMMAD ROIYAN ROMADHON. Analisis Potensi Genetik Plasma Nutfah Pinang Indonesia dengan Pendekatan Multi Omics. Dibimbing oleh SOBIR, WILLY BAYUARDI SUWARNO, dan DEDEN DERAJAT MATRA.

Tanaman pinang (*Areca catechu* L.) adalah sumber daya genetik penting bagi petani perkebunan di daerah Sumatera. Pengembangan pinang di Indonesia sudah dilakukan di beberapa wilayah Indonesia. Permintaan biji pinang terbanyak untuk keperluan industri rumah tangga dan kesehatan. Penelitian terkait *Whole Genome Sequencing* diperlukan untuk menyusun draft genom lengkap yang dapat dimanfaatkan untuk pemuliaan pinang selanjutnya. Pengetahuan terkait perbedaan pinang dalam dan pinang genjah terkait pembungaan sangat penting untuk mengelompokkan pinang yang berproduksi cepat. Kandungan metabolit pinang yang potensial dari plasma nutfah yang tersedia dapat menjadikan beberapa genotipe sehingga dapat memenuhi permintaan pinang. Genotipe pinang yang unggul dari segi produksi dan stabil juga diperlukan untuk mendukung kestabilan persediaan permintaan biji pinang. Penelitian ini bertujuan untuk mengelompokkan Genotipe pinang berdasarkan daya hasil tinggi, mengkonstruksi draft genom pinang dari *sequencing data* dengan *long-reads sequencing*, mendapatkan primer *Simple Sequence Repeat* (SSR) yang tervalidasi berbasis *whole genome*, mengidentifikasi gen-gen yang terlibat pada pembungaan Pinang Genjah dan Pinang Dalam, dan mengungkap profil senyawa metabolit sekunder pada kelompok Pinang Genjah dan Pinang Dalam.

Whole Genome Sequencing sebagai metode komprehensif untuk mengkonstruksi seluruh genom. Hasil statistik *clean data* dari *long-reads sequencing* pada Pinang emas sebanyak 94.156 *reads* dan Pinang Betara sebanyak 115.004 *reads*. Pinang Emas memiliki panjang *reads* N50 sebesar 2.707 kb dan Pinang Betara sebesar 2.232 kb. Panjang N50 hasil *denovo assembly* Pinang Emas sebesar 7.663 kb dan Pinang Betara sebesar 6.489 kb. *Number of sequences* Pinang Emas sebesar 830 sekuen dan Pinang Betara sebesar 821 sekuen. Hasil anotasi fungsional genom dengan database Nr NCBI secara signifikan dari total sekuens menunjukkan bahwa 41.08% sekuen pada pinang emas, sedangkan Pinang Betara hanya 44.21% hasil anotasi gen fungsional yang sesuai dengan database NR NCBI. Hasil dari draft genom digunakan untuk mendesain primer SSR dengan melakukan isolasi SSR. Jumlah SSR yang teridentifikasi dari pendekatan WGS dari Pinang Betara sebanyak 95 SSR dan Pinang Emas sebanyak 95 SSR, sedangkan SSR pinang Betara. Enam belas primer dapat teramplifikasi dan digunakan untuk penelitian keragaman genetik pinang.

Hasil analisis transkriptom untuk mengidentifikasi gen pembungaan antara pinang dalam dan pinang genjah diperoleh Fitokrom B (*phyB*) ditemukan di pinang emas yang mengatur ekspresi gen yang mendorong pembungaan, seperti *FLOWERING LOCUS T* (FT). *phyB* mempengaruhi perkembangan metabolomik, seperti laju produksi daun dan pemanjangan sel. Adanya *phyB* akan memperlama fase metabolomik sehingga ukuran sel banyak dan panjang. *phyB* menyebabkan batang menjadi lebih panjang dan besar sehingga ukuran pinang dalam lebih besar dibanding pinang genjah.



Analisis metabolomik tidak tertarget menghasilkan senyawa kelompok dominan yaitu alkaloid. Fungsi dari golongan alkaloid yaitu aktivitas antipsikotik dan antihipertensi, anti-inflamasi. Hasil metabolomik tidak tertarget dengan pendekatan PLS-DA terjadi pemisahan kelompok pinang dalam dan pinang genjah. Kelompok senyawa yang dominan yaitu alkaloid. Senyawa yang terdeteksi di kedua kelompok pinang sebanyak 24 senyawa. Kelompok Pinang Dalam memiliki dua senyawa dengan VIP >1.5 yaitu 2-hydroxy Lignoceric Acid dan guvacoline. Sedangkan Kelompok Pinang Genjah dengan VIP > 1,5 yaitu Tranexamicacid, DL-Stachydrine, L-(+)-Leucine dan Cetrimonium. Kandungan metabolit 2-hydroxy Lignoceric Acid, tranexamicacid, dan Guvacoline berbeda nyata antar kedua kelompok.

Kata kunci: *metabolomics, multivariate analysis, transcriptome assembly, whole genome sequencing*

Hak Cipta Dilindungi Undang-undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.



SUMMARY

MUHAMMAD ROIYAN ROMADHON. Analysis of the Genetic Potential of Indonesian Pinang Germplasm using a Multi Omics Approach. Supervised by SOBIR, WILLY BAYUARDI SUWARNO, and DEDEN DERAJAT MATRA.

Areca catechu L. is a significant genetic resource for plantation farmers in the Sumatra region. Areca nut development has been carried out in many areas of Indonesia. The highest demand for areca nut seeds is for household and health industry purposes. Research related to Whole Genome Sequencing is needed to compile a draft complete genome that can be used for further areca nut breeding. Knowledge regarding the differences between tall and dwarf regarding flowering is essential for classifying areca palms that produce fast. The potential content of areca nut metabolites from available germplasm can produce several genotypes to meet the demand for areca nut. Areca nut genotypes are superior in production and stability and are also needed to support the demand for areca nut supplies. This research aims to group areca nut accessions based on high yield, construct a draft areca nut genome from sequencing data using long-read sequencing, obtain validated SSR primers based on the whole genome, identify the genes involved in the flowering of the dwarf and tall arecanut, and reveal the profile of secondary metabolite compounds in the dwarf and tall areca groups.

Whole Genome Sequencing is a comprehensive method for analyzing the entire genome. The statistical results of raw data from long-read sequencing on Emas arecanut were 94,156 reads, and Betara arecanut was 115,004 reads. Emas arecanut has an N50 reads length of 2,707, and Betara arecanut is 2,232. The length of the N50 from the *de novo* assembly of Emas arecanut was 7,663, and Pinang Betara was 6,489. Emas arecanut sequences were 830 sequences, and Pinang Betara was 821 sequences. The results of significant functional genome annotation of the total sequences showed that 41.08% of the functional gene annotated sequences in the Emas arecanut were by the NCBI Nr database. In contrast, in the Betara arecanut, only 44.21% of the functional gene annotation results were by the NCBI NR database. The results of the draft genome were used to design SSR primers by isolating SSR. The number of SSRs identified from the WGS approach from Pinang Betara was 95 SSRs, Emas arecanut was 95 SSRs, and Betara arecanut SSRs. Sixteen primers can be amplified and used for research on the genetic diversity of areca nut.

The transcriptome analysis results were obtained to identify flowering genes between tall and dwarf arecanut. *Phytochrome B* (phyB) was found in Emas arecanut, which regulates the expression of genes that promote flowering, such as FLOWERING LOCUS T (FT). phyB influences vegetative development in areas such as leaf production rate and cell elongation. The presence of phyB will prolong the vegetative phase so that the cells are large and long. phyB causes the stem to become lengthier and more prominent so that the size of the inner areca nut is larger than the mature areca nut.

Untargeted metabolomics analysis produced the dominant group of compounds is alkaloids. The function of the alkaloid group is antipsychotic and antihypertensive, anti-inflammatory activity. The results of untargeted metabolomics using the PLSDA approach separated the tall and dwarf areca groups.



The dominant compound group is alkaloids. The compounds detected in both areca nut groups are 24 compounds. The tall areca nut group has two compounds with VIP > 1.5, namely 2-hydroxylignoceric acid and guvacoline. While the dwarf areca nut group with a VIP > 1.5 are tranexamicacid, DL-Stachydrine, L-(+)-Leucine, and cetrimonium. The metabolite content of 2-hydroxylignoceric acid, tranexamicacid, and guvacoline is significantly different between the two groups.

Keywords: metabolomics, multivariate analysis, transcriptome assembly, whole genome sequencing

Hak Cipta Dilindungi Undang-undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.



@Hak cipta milik IPB University

Hak Cipta Dilindungi Undang-undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.

© Hak Cipta milik IPB, tahun 2024
Hak Cipta dilindungi Undang-Undang

Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan atau menyebutkan sumbernya. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik, atau tinjauan suatu masalah, dan pengutipan tersebut tidak merugikan kepentingan IPB.

Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apa pun tanpa izin IPB.

ANALISIS POTENSI GENETIK PLASMA NUTFAH PINANG (*Areca catechu* L.) INDONESIA DENGAN MENGGUNAKAN PENDEKATAN MULTI OMICS

MUHAMMAD ROIYAN ROMADHON

Disertasi
sebagai salah satu syarat untuk memperoleh gelar
Doktor pada
Program Studi Pemuliaan dan Bioteknologi Tanaman

**PROGRAM STUDI PEMULIAAN DAN BIOTEKNOLOGI TANAMAN
FAKULTAS PERTANIAN
INSTITUT PERTANIAN BOGOR
BOGOR
2024**



Penguji Luar Komisi Pembimbing pada Ujian Tertutup Disertasi:

- 1 Prof. Dr. Ir. Sandra Arifin Aziz., M.S
- 2 Prof. Dr. Mohamad Rafi, S.Si., M.Si

Promotor Luar Komisi Pembimbing pada Sidang Promosi Terbuka Disertasi:

- 1 Prof. Dr. Mohamad Rafi, S.Si., M.Si
- 2 Kuntoro Boga Andri, SP, M.Agr, Ph.D

Hak Cipta Dilindungi Undang-undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.



Judul Disertasi : Analisis Potensi Genetik Plasma Nutfah Pinang (*Areca catechu*
L.) Indonesia dengan Pendekatan Multi Omics
Nama : Muhammad Roiyan Romadhon
NIM : A2603211011

Disetujui oleh

Pembimbing 1:
Prof. Dr. Ir. Sobir, M.Si.

Pembimbing 2:
Dr. Willy Bayuardi Suwarno, S.P., M.Si.

Pembimbing 3:
Dr. Deden Derajat Matra. S.P., M.Agr.

Diketahui oleh

Ketua Program Studi:
Dr. Ir. Yudiwanti Wahyu E.K., M.S.
NIP 196311071988112001

Dekan Fakultas Pertanian :
Prof. Dr. Ir. Suryo Wiyono, M.Sc.Agr.
NIP 196902121992031003

Tanggal Ujian:
30 Juli 2024

Tanggal Lulus: 11 NOV 2024

Hak Cipta Dilindungi Undang-undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
2. Dilarang mengumumkannya dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.



@Hak cipta milik *IPB University*

IPB University



IPB University
— Bogor Indonesia —

Hak Cipta Dilindungi Undang-undang

1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
 - a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
 - b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.

PRAKATA

Puji dan syukur penulis panjatkan kepada Allah subhanaahu wa ta'ala atas segala karunia-Nya sehingga karya ilmiah ini berhasil diselesaikan. Karya ilmiah ini sebagai rangkaian penelitian yang dilaksanakan dari Oktober 2021- November 2023 dengan judul “Analisis Potensi Genetik Plasma Nutfah Pinang (*Areca catechu* L.) Indonesia dengan Menggunakan Pendekatan Multi Omics”.

Penulis berterimakasih kepada semua pihak yang sudah membantu dan mendoakan penulis sampai tahap ini. Oleh karena itu penulis mengucapkan terimakasih dalam kesempatan ini kepada:

1. Prof. Dr. Ir. Sobir, M.Si, Dr. Willy Bayuardi Suwarno, SP., M.Si, dan Dr. Deden Derajat Matra. SP., M.Agr sebagai komisi pembimbing yang sudah membimbing dan memberikan masukkan dari segi ilmiah dan pengalaman dalam penyusunan disertasi ini.
2. Prof. Dr. Ir. Hamim. M.Si dan Prof. Dr. Awang Maharijaya, SP., M.Si sebagai penguji prakualifikasi lisan.
3. Prof. Dr. Ir. Sandra Arifin Aziz., M.S dan Prof. Dr. Mohamad Rafi, S.Si., M.Si sebagai penguji ujian tertutup yang sudah memberikan saran dan masukkan tugas akhir.
4. Prof. Dr. Mohamad Rafi, S.Si., M.Si dan Kuntoro Boga Andri., S.P., M.Agr, Ph.D sebagai promotor siding promosi yang sudah memberikan saran dan masukkan tugas akhir.
5. Kedua orang tua dan kakak yang sudah memberikan nasihat dan dukungan kepada penulis untuk tetap semangat dalam menyelesaikan tugas akhir.
6. Dr. Steivie Karouw, S.TP, M.Sc yang sudah mengizinkan dan membantu penulis untuk pengambilan sampel.
7. Ir. Miftahorrachman yang sudah memberikan saran dan masukkan terkait deskripsi plasma nutfah pinang.
8. Terimakasih kepada teman-teman S3 PBT 2021 yaitu Dr Wage Ratna Rohaeni (BBPSI Padi, Dr. Undang (Dosen Vokasi IPB, Dr Wira Hadiyanto (Universitas Tengku Umar) dan para Cand. Doktor Febriana Dwi Wahyuni (Dosen Univ. Esa Unggul Jakarta), Rina Artari (Peneliti Balitkabi, BSIP), Fitri Wardani (Peneliti LIPI KRB, BRIN), Warid (Dosen Univ. Trilogi), Siti Nurhidayah (Dosen Univ. Siliwangi), Helfi Eka Putra (Dosen Univ. Bengkulu), Catur (Dosen Univ. Kutai Kartanegara), dan Ariani S. Harahap (Dosen USU) dan S2 PBT 2021.
9. Bu Efra, Mas Herman, Mbak Sinta, Mas I Putu Wahyu Sanjaya, Mas Adit, Sopi, Nadya, Ikhsan, Hani, Sania, Mas Ramot, Mas Pandi, Mbak Alifah, Mas Agus, dan Sachio yang sudah memberikan semangat dan tempat berdiskusi.

Semoga karya ilmiah ini bermanfaat bagi pihak yang membutuhkan dan bagi kemajuan ilmu pengetahuan.

Bogor, Agustus 2024

Muhammad Roiyan Romadhon
A2603211011



DAFTAR ISI

DAFTAR TABEL	xiv
DAFTAR GAMBAR	xv
DAFTAR LAMPIRAN	xvi
PENDAHULUAN	1
1.1 Latar Belakang	1
1.2 Tujuan Penelitian	2
1.3 Manfaat Penelitian	2
1.4 Ruang Lingkup Penelitian	3
1.5 Kebaruan (Novelty)	3
1.6 Hipotesis	3
TINJAUAN PUSTAKA	5
2.1 Pinang	5
2.2 <i>Multi-Omics Analysis</i>	6
III EVALUASI KARAKTER AGRONOMI DAN ANALISIS STABILITAS BERAT BUAH SERTA BERAT BIJI PADA EMPAT BELAS GENOTIPE PINANG LOKAL INDONESIA	9
3.1 Abstrak	9
3.2 Pendahuluan	10
3.3 Bahan dan metode	12
3.4 Hasil dan Pembahasan	17
3.5 Simpulan	31
IV PENGEMBANGAN MARKA <i>SIMPLE SEQUENCE REPEATS</i> (SSRS) DAN KARAKTERISASI DENGAN MENGGUNAKAN DATA <i>WHOLE GENOME</i> PINANG INDONESIA	32
4.1 Abstrak	32
4.2 Pendahuluan	33
4.3 Bahan dan Metode	34
4.4 Hasil dan Pembahasan	36
4.1 Simpulan	45
V ANALISIS TRANSKRIPTOMIK UNTUK IDENTIFIKASI GEN PEMBUNGAAN VARIETAS UNGGUL PINANG EMAS (GENJAH) DAN PINANG BETARA (DALAM)	46
5.1 Abstrak	46
5.2 Pendahuluan	47
5.3 Bahan dan Metode	48
5.4 Hasil dan Pembahasan	49
5.5 Simpulan	54
VI PROFIL METABOLIT TIDAK TERTARGET EMPAT BELAS PINANG LOKAL INDONESIA DENGAN METODE LC-MS/MS	55
6.1 Abstrak	55
6.2 Pendahuluan	55
6.3 Bahan dan Metode	56



6.4	Analisis Data	57
6.5	Hasil dan Pembahasan	57
6.1	Simpulan	62
VII PEMBAHASAN UMUM		63
VIII SIMPULAN DAN SARAN		68
8.1	Simpulan	68
8.2	Rekomendasi	68
DAFTAR PUSTAKA		69
LAMPIRAN		83
RIWAYAT HIDUP		88

Hak Cipta Dilindungi Undang-undang
1. Dilarang mengutip sebagian atau seluruh karya tulis ini tanpa mencantumkan dan menyebutkan sumber :
a. Pengutipan hanya untuk kepentingan pendidikan, penelitian, penulisan karya ilmiah, penyusunan laporan, penulisan kritik atau tinjauan suatu masalah
b. Pengutipan tidak merugikan kepentingan yang wajar IPB University.
2. Dilarang mengumumkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.



DAFTAR TABEL

1	Genotipe pinang dan asal daerah	16
2	Gambaran umum kondisi lingkungan	16
3	Rataan karakter jumlah tandanm jumlah buah per tandan, lingkaran batang, jumlah bekas daun, dan jumlah daun	17
4	Rata-rata karakter bobot buah, lingkaran ekuator buah, lingkaran polar buah, bobot biji, lingkaran ekuator biji, dan lingkaran polar biji	18
5	Pengaruh langsung dan tidak langsung karakter terpilih terhadap bobot biji	20
6	Genotipe dalam klaster	21
7	Jarak <i>intracluster</i> dan <i>intercluster</i> berdasarkan metode Tocher	22
8	Skor masing-masing genotipe pada PC pertama dan kedua yang mempunyai kontribusi signifikan terhadap keberagaman	22
9	Nilai eigen, kontribusi terhadap variabilitas, dan pemuatan faktor untuk analisis komponen utama (PC) sifat-sifat agronomi pada genotipe pinang	23
10	Penampilan karakter tipe <i>bole</i> , warna buah, bentuk buah, bentuk biji, dan bekas daun dari genotipe yang diuji	24
11	Kuadrat Tengah dari analisis ragam gabungan dari karakter kuantitatif	26
12	Analisis stabilitas bobot buah genotipe pinang selama 5 tahun	27
13	Analisis stabilitas bobot biji genotipe pinang selama 5 tahun	28
14	Ragam dari analisis AMMI untuk karakter bobot buah dan bobot biji selama 5 tahun	29
15	Hasil Statistik dari <i>raw data long reads</i> Pinang Emas (Genjah) dan Pinang iBetara (Dalam)	37
16	iiiJumlah bacaan yang lolos di beberapa nilai kualitas DNA hasil sekuensing <i>ilong – read</i> pada Pinang Betara dan Pinang Emas	37
17	Parameter <i>de novo assembly</i> Pinang Betara dan Pinang Emas dengan menggunakan Flye v2.9	38
18	Hasil pencarian mikrosatelit pinang	39
19	Hasil uji kuantitas dan kualitas DNA 42 genotipe pinang	43
20	Daftar 16 pasang primer SSR pinang yang digunakan pada iianalisis iikeragaman	44
21	Ringkasan <i>raw reads</i> dan <i>clean reads</i> serta rakitan transkriptom	50
22	Ringkasan <i>de novo transcriptome assembly</i> dan karakteristik prediksi <i>Open Reading Frames</i> (ORFs)	50
23	Anotasi fungsional dari transkrip	51
24	Hasil analisis <i>gen ontology</i> pinang betara dan emas untuk proses biologi	52
25	Hasil analisis <i>gen ontology</i> Pinang Betara dan Emas untuk komponen seluler	53
26	Hasil analisis <i>gen ontology</i> Pinang Betara dan Emas untuk fungsi molekuler	53
27	<i>Two sample independent t-test</i> kandungan metabolit pada kelompok pinang dalam dan pinang genjah	62

DAFTAR GAMBAR

1	Ruang lingkup penelitian	4
2	Bahan genetik pinang koleksi plasma nutfah	12
3	Kategori bole pada pinang	13
4	Warna buah pinang koleksi plasma nutfah	13
5	Bentuk buah pinang koleksi plasma nutfah	14
6	Bahan genetik pinang koleksi plasma nutfah	14
7	Tipe bekas daun pinang koleksi plasma nutfah	14
8	Correlogram karakter agronomi dengan plasma nutfah pinang. jt=jumlah itandan, lebu=lingkar ekuator buah, lpb=lingkar polar biji, jbd=jumlah ibekas daun, lpbu=lingkar polar buah, jd=jumlah daun, lb=lingkar batang, leb=lingkar ekuator biji, jbpt=jumlah buah per tandan, bbu=bobot buah, bb=bobot biji	19
9	Diagram analisis sidik lintas terhadap karakter berat biji. BB=Bobot Biji, iJT=Jumlah Tandan, BBU=Bobot Buah, LEB=Lingkar Ekuator Biji, iLPB=Lingkar Polar Biji	20
10	PCA biplot karakter agronomi dengan plasma nutfah pinang	23
11	<i>Heatmap</i> karakter agronomi dengan plasma nutfah pinang. JT=Jumlah Tandan, LEBU=Lingkar Ekuator Buah, LPB=Lingkar Polar Biji, JBD=Jumlah Bekas Daun, LPBU=Lingkar Polar Buah, JD=Jumlah Daun, LB=Lingkar Batang, LEB=Lingkar Ekuator Biji, JBPT=Jumlah Buah per Tandan, BBU=Bobot Buah, BB=BobotBiji	25
12	AMMI biplot dari karakter bobot buah, sumbu (x) adalah PC1 dan sumbu (y) adalah PC2 menunjukkan interaksi antara Genotipe dan lingkungan. E1-E5 adalah lingkungan 1-5.	30
13	Biplot GGE dari karakter bobot biji, sumbu (x) adalah PC1 dan sumbu (y) adalah PC2 menunjukkan interaksi antara Genotipe dan lingkungan. E1-E5 adalah lingkungan 1-5	30
14	Biplot GGE menampilkan pemeringkatan genotipe berdasarkan rata-rata bobot buah dan kestabilan untuk menentukan genotipe ideal	31
15	Biplot GGE menampilkan pemeringkatan genotipe berdasarkan rata-rata bobot biji dan kestabilan untuk menentukan genotipe ideal	31
16	Diagram alir analisis <i>long-reads</i> dan desain primer SSR	35
17	Sebaran panjang dan kualitas reads dari DNA Pinang Emas (kiri) dan iPinang Betara (kanan)	37
18	Sebaran motif SSR pada pinang Betara (a) dan pinang Emas (b) hasil <i>iiiwhole genome sequencing</i>	40
19	Frekuensi Motif SSR yang teridentifikasi hasil <i>Whole Genome Sequencing</i> dari Pinang Betara	41
20	Frekuensi Motif SSR yang teridentifikasi hasil <i>Whole Genome Sequencing</i> dari Pinang Emas	41
21	Hasil amplifikasi DNA genotipe emas (pinang genjah) menggunakan 20 primer pada suhu 60°C	45
22	Hasil amplifikasi DNA genotipe rasaujaya (pinang dalam) menggunakan 20 primer pada suhu 60°C	45

23	Diagram alir <i>de novo assembly</i> pembungaan pinang	48
24	Kelompok Senyawa Metabolit Sekunder Pinang Genjah dan Pinang Dalam dengan LC MS/MS	58
25	Perbandingan Jumlah Senyawa Metabolit Sekunder Pada Kelompok Pinang Genjah dan Pinang Dalam	59
26	<i>Principal Component Analysis</i> (PCA) (A) dan <i>Partial Least Squares Discriminant Analysis</i> (PLSDA) (B) berdasarkan senyawa teridentifikasi hasil analisis LC-MS/MS pada 14 Genotipe biji pinang	61
27	Nilai <i>variable in projection</i> (VIP) pada senyawa metabolit sekunder biji pinang dari 14 Genotipe pinang local dengan fitur proyeksi <i>Partial Least Squares Discriminant Analysis</i> (PLSDA) imature	62
28	Asosiasi gen pembungaan dengan kandungan metabolit sekunder (Zhang <i>et al.</i> 2020)	65

DAFTAR LAMPIRAN

1	Lampiran 1 Formula, <i>error</i> , berat molekul, <i>retention time</i> , MS1, dan MS2 untuk senyawa yang teridentifikasi	84
2	Lampiran 2 Formula, <i>error</i> , berat molekul, <i>retention time</i> , MS1, dan MS2 untuk senyawa yang teridentifikasi (lanjutan)	85
3	Lampiran 3 Metabolit yang teridentifikasi pada biji pinang	86
4	Lampiran 4 Metabolit yang teridentifikasi pada biji pinang (lanjutan)	87