

## **Studi Keragaman Genetik Nenas (*Ananas Comosus* L. Merr) Hasil Persilangan Berdasarkan Penanda RAPD**

M. A. Nasution<sup>1</sup>, R. Poerwanto<sup>2</sup>, M. Surachman<sup>2</sup> dan Trikoesoemaningtyas<sup>2</sup>

1 Jurusan Budidaya Pertanian Fakultas Pertanian Universitas 45. Jl. Urip Sumoharjo Km.4 Makassar.90245

2 Departemen Agronomi dan Hortikultura IPB, Jl.Meranti Kampus IPB Darmaga, Bogor 16680.

**Key words:** morphology, RAPD, E-RAPD, similarity, genotype, clustering

### **Abstract**

Genetic diversity analysis were conducted on 30 hybrids *Ananas comosus* L.Merr and two parentals, which are collected by the Centre for Tropical and Fruit Studies based on RAPD markers to evaluation the genetic distance and relationship pattern among these accessions. Nineteen phenotypic traits, 13 RAPD primers had been used in this study. The aim of this study is to evaluate the genetic range and the pattern of relationships among the genotype of hybrids. Thirteen of the RAPD primer were involved in this study. The results of the analysis of similarity showed that the co-efficient range of similarity among different genotypes was 0.43-0.81. Based on the results of the analysis of clustering, a dendrogram could be grouped into four of the main genotypes, which was differentiated on 0.60 of the similar co-efficient. The results of the analysis of the main components showed that only eleven of the first of the main components could be found based on the data of DNA RAPD, which was 70% of the representative varieties in 105 of the tape's profile. The results of the analysis of the partial correlation between qualitative character and the profile of RAPD (primer) on 95-99% of the trust level showed that a fragment of line 5 of DNA OPE7 tended to be associated with the character of calyx, which was a silvery white color, and the fruit was a golden color. A fragment of line 4 of DNA SBR4 tended to associate with the character of fruit, which was a green color after the ripe stage and a fragment of the 13 tape of SOB2, tending to associate with the character of thorn, was undistributed.

### **PENDAHULUAN**

Studi keragaman genetik tanaman memegang peranan penting dalam upaya meningkatkan efektivitas dalam program pemuliaan tanaman. Informasi mengenai keragaman genetik tanaman nenas hasil persilangan sangat diperlukan dalam kegiatan seleksi.

Analisis keragaman pada tanaman nenas oleh beberapa peneliti didasarkan pada penanda morfologi, penanda isozim dan penanda molekuler. Hadiati (2002) telah melakukan analisis kekerabatan pada 24 nomor aksesori nenas dengan mempergunakan penanda morfologi. Hasil yang diperoleh menunjukkan bahwa dengan derajat kesamaan 0.84 persen dari 24 nomor aksesori yang dipergunakan dapat dikelompokkan menjadi sembilan kelompok. Hadiati dan Sukmajaya (2002) memperoleh empat kelompok kekerabatan dari 30 aksesori nenas yang dianalisis

berdasarkan penanda isozim pada derajat kesamaan 0.63. Duval *et al.* (2001) dengan menggunakan RFLP berhasil membuktikan bahwa *Ananas comosus* dengan spesies lainnya, seperti *Pseudananas saganarius* mempunyai polimorfisme yang tinggi, yaitu 58.7 persen, sedangkan *Ananas lucidus*, *Ananas ananassoides* dan *Ananas parguazensis* relatif homogen. Ruas *et al.* (2001) melalui penanda RAPD telah memperoleh koefisien kemiripan rata-rata aksesori *Ananas comosus* sebesar 0.85, sementara *Ananas lucidus* sebesar 0.75. Popluechai *et al.* (2007) berhasil mengelompokkan tiga kelompok kultivar nenas di Thailand melalui penanda RAPD dengan kemiripan 0.64 hingga 0.96. Cecilia *et al.* (2005) dengan penanda AFLP memperoleh koefisien kemiripan genetik sebesar 0.55 hingga 0.97 dari 100 aksesori, 48 aksesori dari *Ananas comosus* dan 14 aksesori dari spesies yang ada.

Untuk keperluan analisis keragaman, teknik RAPD cukup potensial karena mampu menghasilkan karakter yang tidak terbatas jumlahnya. Liu dan Furnier (1993) melaporkan bahwa penggunaan analisis RAPD selalu memperlihatkan keragaman yang tinggi dari isozim dan RFLP.

Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui keragaman genetik nenas hibrida berdasarkan penanda RAPD melalui analisis similaritas, analisis cluster, dan analisis komponen utama.

## BAHAN DAN METODE

30 tanaman nenas hibrida dan tetua Smooth Cayenne (JBSMSC-3) dan Queen (JBBMQH-6), Penelitian ini dilaksanakan di Kebun Percobaan Pasir Kuda PKBT IPB

Penelitian dilakukan dengan melakukan observasi genetik melalui analisis pola pita DNA dengan menggunakan teknik RAPD di laboratorium.

Isolasi DNA dilakukan mengikuti metode CTAB Doyle dan Doyle (1987). Pemurniaan DNA dengan menggunakan metode Sambrook *et al.* (1989). Penetapan estimasi kualitas DNA dilakukan setelah pellet DNA larut secara homogen. melalui elektroforesis dan dibandingkan dengan standar DNA lamda. Pita DNA hasil isolasi divisualisasi pada *UV transiluminator*, dan dipotret dengan kamera digital. Konsentrasi DNA ditentukan dengan membandingkan ketebalan DNA sampel dengan DNA lamda. DNA templat kemudian diencerkan sampai konsentrasi 25 ng dan siap digunakan untuk reaksi amplifikasi.

Amplifikasi DNA nenas dilakukan menurut metode Williams *et al.* (1990). Mesin PCR yang digunakan adalah *Applied Biosystem Thermal Cycler version 2.00*, yang diprogramkan dengan tahapan sebagai berikut, yaitu: Tahap I. Pre-PCR :

94°C selama 4 menit sebanyak satu siklus, Tahap II. PCR terdiri atas : denaturasi 94°C selama 30 detik, *annealing* pada suhu 36°C selama 1 menit; dan ekstention pada suhu 72°C selama 1 menit sebanyak 40 siklus; Tahap III Post PCR: Perpanjangan akhir pada suhu 72°C selama 5 menit sebanyak satu siklus.

Setelah reaksi amplifikasi berakhir selanjutnya dielektroforesis pada 1.2% gel agarose dalam larutan TBE 1x. Elektroforesis dilakukan selama 120 menit pada tegangan 60 volt, suhu ruang. Pengamatan pita hasil amplifikasi dilakukan menggunakan alat dokumentasi gel (gel dok) dan direkam ke dalam disket.

Seleksi primer dilakukan dengan menggunakan 50 jenis primer RAPD dan 4 primer E-RAPD dengan menggunakan DNA templat dari satu sample hibrida hasil persilangan yang memiliki stok DNA yang cukup. Seleksi primer dilakukan melalui reaksi amplifikasi dan elektroforesis seperti yang telah dijelaskan sebelumnya. Primer yang memberikan hasil amplifikasi yang polimorfism berupa pita DNA yang jelas dan tajam, akan dipilih untuk digunakan dalam analisis selanjutnya. Sebanyak 9 primer RAPD dan tiga primer E-RAPD hasil seleksi terhadap 50 primer telah diketahui dapat memberikan amplifikasi yang polimorfis pada tanaman nenas. Lebih jelasnya disajikan pada Tabel 1.

Data hasil RAPD dianalisis dengan menggunakan software NTSYS-pc versi 2.02 dan MINITAB Release 14. Sebelum data RAPD dianalisis, terlebih dahulu data tersebut diskor diskor nilai nol (0) jika tidak ada pita, dan satu (1) jika ada pita pada tingkat migrasi yang sama. Analisis Similaritas, menggunakan prosedur SIMQUAL (*Similarity for Qualitative Data*) pada program NTSYS-pc versi 2.02 dan dihitung berdasarkan berdasarkan rumus Nei dan Li (1979) atau koefisien *Dice* (S) yaitu  $S = 2n_{ab}/(n_a + n_b)$ ;  $n_{ab}$  adalah jumlah pita DNA pada individu a dan b. Analisis pengelompokan, menggunakan *Sequential, Agglomerative, Hierarchical, and Nested* (SAHN)-UPGMA (*Unweighted pair-group method, arithmetic average*) pada program NTSYS-pc versi 2.02. Hasil analisis disajikan dalam bentuk dendrogram. Analisis Komponen Utama, dilakukan dengan mengekstrak 3 *eigenvectors* dari 3 *Eigenvalues* utama yang memberikan tingkat keragaman paling tinggi melalui prosedur analisis *Ordination* dalam program NTSYS-pc versi 2.02. Hasil analisis disajikan dalam bentuk plot dua dan tiga dimensi.

## HASIL & PEMBAHASAN

### Seleksi Primer

Hasil seleksi primer diperoleh 12 primer (9 primer RAPD dan tiga primer E-RAPD) yang menghasilkan amplifikasi yang polimorfik (Tabel 2).

Visualisasi hasil elektroforesis menunjukkan masing-masing primer menghasilkan profil DNA dengan jumlah produk amplifikasi yang beragam. Ukuran fragmen DNA yang teramplifikasi berkisar 150 bp – 7.5 kb. Ukuran fragmen DNA yang teramplifikasi tergantung daerah yang diapit oleh dua primer dalam arah bolak-balik (McPherson *et al.* 1992). Jumlah dan pola penanda RAPD dari setiap primer bervariasi antara pita tiga (SOB1) sampai dengan 13 (SBR04, SBR08, SOB02). Rata-rata primer mampu menghasilkan 8.75 penanda RAPD. Dari 12 primer yang digunakan untuk membangkitkan penanda RAPD pada DNA contoh 32 genotipe tanaman diperoleh 105 penanda RAPD, yang 101 (96%) di antaranya merupakan penanda polimorfik. Tapia *et al.* (2005), dengan menggunakan penanda AFLP diperoleh 95% pita polimorfik dari 100 pita yang dihasilkan pada contoh 40 aksesi nenas koleksi plasma nutfah Campo Experimental del Papaloapan, Veracruz. Jumlah penanda RAPD yang dibangkitkan oleh setiap primer pada seluruh genotipe disajikan pada Tabel 2. Contoh pola pita RAPD hasil amplifikasi primer SBN5 menggunakan DNA 30 hibrida dan tetuanya (JBBMQH6 dan JBSMSC3) dapat dilihat pada Gambar 1.

Perbedaan intensitas setiap pita tidak bisa digunakan untuk menduga jumlah pasang kopi basa pada setiap pita RAPD dan E-RAPD. Intensitas pita DNA hasil amplifikasi pada setiap primer sangat dipengaruhi : kemurniaan dan konsentrasi

DNA tempale (cetakan). DNA cetakan mengandung senyawa-senyawa seperti polisakarida dan senyawa fenolik serta konsentrasi DNA cetakan yang terlalu kecil sering menghasilkan pita DNA amplifikasi yang samar-samar atau tidak jelas, sebaran situs penempelan primer pada DNA cetakan dan adanya kompetisi tempat penempelan primer pada DNA cetakan yang menyebabkan satu fragment diamplifikasi dalam jumlah banyak dan fragment lainnya sedikit.

Primer yang tidak menghasilkan pita DNA mengindikasikan bahwa primer-primer tersebut tidak mempunyai homologi dengan DNA cetakan, karena terbentuknya fragment pita DNA bergantung pada sekuen primer dan genotipe dari DNAcetakan. Perbedaan jumlah dan polimorfisme pita DNA yang dihasilkan dari setiap primer menggambarkan kekompleksan genom tanaman yang diamati. Pita RAPD merupakan hasil berpasangannya nukleotida primer dengan nukleotida genom tanaman, maka semakin banyak primer yang digunakan akan semakin terwakili bagian-bagian genom, sehingga semakin tergambar keadaan genom tanaman yang sesungguhnya.

### **Analisis Similaritas**

Hubungan genetik antar hibrida dan kedua tetuanya dapat ditentukan dari matriks kemiripan genetik yang diturunkan berdasarkan ada tidaknya pita DNA hasil amplifikasi menggunakan 12 primer acak. Matriks kemiripan genetik populasi nenas hibrida dan tetuanya disajikan pada Tabel 3.

Hasil analisis kemiripan dari 105 profil DNA tersebut menunjukkan koefisien kemiripan genetik (KG) berdasarkan penanda RAPD dan E-RAPD memiliki nilai berkisar antara 0.43 hingga 0.81. Adapun nilai KG tertinggi yaitu 0.81 pada hibrida H25-H27 dan H27-H28, kemudian disusul dengan koefisien kemiripan genetik dengan nilai 0.78 yaitu antara H23-H26 dan H23-H27. Nilai koefisien kemiripan genetik terendah adalah antara adalah 0.38 antara hibrida H01-H30. Nilai KG antara tetua T1 (JBBMQH6) dengan F1 hibrida memiliki rentang nilai antara 0.43 hingga 0.68, sedangkan antara tetua T2 (JBSMSC3) dengan F1 hibrida memiliki rentang nilai KG antara 0.45 hingga 0.75. Nilai KG tertinggi dengan nilai 0.68 adalah antara tetua T1 (JBBMQH6) dengan F<sub>1</sub> hibrida H13. Sedangkan nilai KG terendah dengan nilai 0.43 adalah antara tetua T1 (JBBMQH6)-H01. Sementara nilai KG tertinggi dengan nilai 0.75 adalah antara tetua T2 (JBSMSC3)-H06. Sedangkan nilai KG terendah dengan nilai 0.43 adalah antara tetua T2 (JBSMSC3)- H30.

Analisis kluster terhadap semua profil DNA (RAPD) dapat menghasilkan dendrogram dengan koefisien kemiripan berkisar antara 0.56 – 0.81 (Gambar 2 ). Empat kelompok terbentuk pada tingkat kemiripan 0.60 dan membentuk lagi menjadi 5 sub kelompok hibrida pada tingkat kemiripan 0.63. Kedua tetua berada pada kelompok berbeda pada tingkat kemiripan 0.62. Pada koefisien kemiripan 0.60, kelompok 1 beranggotakan 24 hibrida dan dua tetua, kelompok 2 beranggotakan dua hibrida, kelompok 3 beranggotakan satu hibrida dan kelompok 4 beranggotakan tiga hibrida. Empat kelompok ini dapat diuraikan lagi menjadi lima sub kelompok pada koefisien kemiripan 0.62 dimana sub kelompok 1 terdiri atas tetua JBBMQH6 dan dua hibrida, sub kelompok 2 terdiridari tetua JBSMSC3 dan 22 hibrida, sub kelompok 3, 4 dan 5 anggotanya masing-masing terdiri atas 2, 1 dan 3 hibrida (Tabel 4)

### **Analisis pengelompokan**

Pada analisis komponen utama dapat menunjukkan besarnya pengaruh persentase nilai keragaman dari komponen utama (tiga komponen utama) yang dimiliki karakter-karakter pada setiap aksesori yang dikarakterisasi dan dapat ditunjukkan pada tingkat keragaman 70% dimana nilai persentase tersebut dapat mewakili seluruh keragaman dari semua komponen yang ada. Hasil penelitian ini menunjukkan bahwa terdapat sebelas karakter utama dapat membentuk keragaman sebesar 70.40% dari total 100% keragaman seluruh profil pita DNA pada tingkat akumulasi persentase keragaman. Berarti terdapat 94 karakter yang diasumsikan tidak terlalu nyata pengaruhnya terhadap pembentukan plot pengelompokan dari 30 hibrida dan dua tetuanya yang dianalisis (Tabel 5). Hasil analisis komponen utama menunjukkan hanya 28,30% dapat dijelaskan menggunakan tiga sumbu komponen utama pertama (Gambar 3). Pada Gambar 3 terlihat bahwa hibrida H02, H10 dan H20 pada kelompok 1 dipetakan terpisah, demikian pula H24 dipetakan terpisah dari kelompok 2.

### **Korelasi primer dengan karakter kualitatif**

Analisis korelasi lebih lanjut menunjukkan terdapat 15 varian karakter kualitatif yang nyata berkaitan dengan 7 primer dari 12 primer yang digunakan dalam RAPD. Sembilan primer tersebut diwakili oleh 19 profil pita DNA. Berdasarkan analisis korelasi ini diperoleh 15 varian karakter semuanya sangat nyata (100% kepercayaan) berkorelasi antara 60-75% dengan 19 profil RAPD dari 12 primer yang berbeda. Primer OPE7 pita 2 berkorelasi dengan karakter kelopak warna putih perak ( $r=0.70$ ), juga berkorelasi dengan warna daging buah kuning emas dalam ( $r=0.70$ ) yang terdapat pada hibrida H01, primer SOB2 pita 3 berkorelasi dengan karakter duri tidak merata ( $r=0.75$ ) yang terdapat pada hibrida H03, H021, H023, H024, H025, H026, H027, dan H028. primer SBR4 pita 12 berkorelasi dengan warna buah hijau setelah matang ( $r=0.70$ ) yang terdapat hanya pada hibrida H08, primer SBN5 pita 3 berkorelasi dengan warna buah kuning pudar sebelum matang ( $r=0.70$ ) dan juga berkorelasi dengan warna buah kuning dalam sampai jingga tua ( $r=0.70$ ) yang terdapat hanya pada hibrida H21, primer SBH2 pita 8 berkorelasi dengan warna buah hijau setelah matang ( $r=0.70$ ) yang terdapat pada hibrida H29, dan primer SOB2 pita 1 berkorelasi dengan bentuk buah kerucut ( $r=0.70$ ) yang terdapat pada hibrida H03. Profil DNA dari Primer OPE7, SBR4, dan SOB2 disajikan masing-masing disajikan pada Gambar 4, 5 dan 6.

## **KESIMPULAN DAN SARAN**

### **Kesimpulan**

Hasil analisis RAPD terhadap 30 hibrida nenas dan tetuanya menunjukkan keragaman dengan rentang berkisar 0.43 hingga 0.81 dari 105 profil DNA polimorfik. Berdasarkan analisis cluster pada penanda RAPD menjadi empat kelompok. Hasil analisis komponen utama penanda RAPD 30 hibrida nenas dan tetuanya membentuk 4 kelompok.

Berdasarkan hasil analisis komponen utama, menunjukkan bahwa data RAPD yang terwakili 70% keragaman pada 105 profil pita DNA RAPD yang diamati baru dapat diperoleh pada sebelas komponen utama pertama.

Hasil pengujian analisis korelasi parsial antara karakter kualitatif dengan primer RAPD diperoleh kecenderungan primer OPE7 pita 2 berkorelasi 0.70 dengan karakter kelopak warna putih perak, sekaligus berkorelasi 0.70 warna

daging buah kuning emas dalam. Hasil amplifikasi primer SOB2 pita 3 berkorelasi nyata 0.75 dengan hibrida dengan karakter duri tidak merata.

### Saran

Hasil penelitian menunjukkan karakterisasi yang menggunakan penanda RAPD sebaiknya digunakan primer yang secara spesifik dapat menghasilkan profil DNA yang polimorfik yang juga berasosiasi dengan karakter penting nenas. Dengan menggunakan primer yang tepat kemungkinan akan memberikan hasil karakterisasi yang lebih akurat dan dapat mengelompokkan nenas ke dalam kelompok-kelompok karakter utama.

### UCAPAN TERIMA KASIH

Penulis mengucapkan terima kasih kepada Kantor Kementerian Riset dan Teknologi melalui program RUSNAS Pengembangan Buah-buah Unggulan Indonesia di Pusat Kajian Buah-Buahan Tropika (PKBT), LPPM-IPB atas bantuan dana dan fasilitas dalam pelaksanaan penelitian ini.

### Daftar Pustaka

- Apriyani SI. 2005. Analisis Keragaman Genetik Nenas Koleksi PKBT berdasarkan Penanda Morfologi dan Penanda Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD) [tesis]. Bogor: Sekolah Pascasarjana, Institut Pertanian Bogor.
- Cecilia YK, Nagai C, Moore PH., Zee F, Kim Minna S, Denise L. S dan Ming R. (2005), Intra-specific DNA polymorphism in pineapple (*Ananas comosus* (L.) Merr.) assessed by AFLP markers. *Journal Genetic Resources and Crop Evolution*. Vol.51.08. 805-903.
- Diyarti, 2003. Pengelompokan plasma nutfah padi calon tetua persilangan berdasarkan peubah hasil dan kompone hasil [skripsi]. Bogor: Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Institut Pertanian Bogor.
- Doyle JJ., JL. Doyle. 1987. Isolation of plant DNA from fresh tissue. *Focus* 12: 13-15.
- Duval MF, Noyer JL, Perrier X, Coppens d'Eeckenbrugge G., Halmon P. 2001. Molecular diversity in pineapple assessed by RFLP markers. Springer-Verlag. *Theory Appl Genet* 102:83-90.
- Gaspersz V. 1995. Teknik Analisis dalam Penelitian Percobaan 2. Penerbit Tarsito Bandung.
- Hadiati S. 2002. Variabilitas Genetik Nanas (*Ananas comosus* L. Merr) berdasarkan Analisis Fenotip dan Isozim.[tesis]. Bandung: Program Pascasarjana Universitas Padjadjaran Bandung.
- Hadiati S, Sukmadjaja D. 2002. Keragaman pola pita beberapa aksesori nenas berdasarkan analisis izosim. *Jurnal Bioteknologi Pertanian*. Vol.7 No.2. 62-77 p.
- [IBPGR] International Board for Plant Genetic Resources. 1991. Descriptors for Pineapple. Rome.
- Liu Z, Furnier GR. 1993. Comparison of Allozym, RFLP, and RAPD markers for revealing genetic variation within and between Trembling aspen and Bigtooth aspen. *Theor. App. Genet.* 87:97-105.
- McPherson MJ, Oliver RJ, Gurr SJ. 1992. The polymerase chain reaction. Di dalam: Gur SJ, McPherson MJ, Bowles DJ. Editor. *Molecular Plant*

- Pathology, Practical Approach I. Oxford University Press, New York: 123-144.
- Nei M, Li W. 1979. Mathematical model for studying genetic variation in term of restriction endonuclease. USA: *Proc. Natl. Acad.Sci* 767:5269-5273.
- Popluechai S, Onto S, Eungwanichayapant PD. 2007. Relationships between some Thai cultivars of pineapple (*Ananas comosus*) revealed by RAPD analysis. *Songklanakarin J. Sci. Technol.* Vol. 29 No. 6: 1492- 1497p.
- Rohlf FJ. 1993. NTSYS-pc: Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System. Version 2.0. User Guide, Exeeter Software. New York: 10-13.
- Sambrook J., E.F. Fritsh, T. Maniatis. 1989. *Moleculer cloning*. Cold Spring Harbor Laboratory Press. New York. hlm 568-600.
- Sripaoraya S *et al.* 2001. Relationships in pineapple by random amplified polymorphic. *Plant Breeding* 120, 265-267.
- Tapia CE, Gutierrez EMA, Warbourton LM, Uriza AD, Rebolledo MA. 2005. Characterization of pineapple germplasm (*Ananas spp*) by mean AFLPs.[Abstrak]. Di dalam: *IV International Pineapple*. ISHS Acta Horticulturae 666.
- Weising K, Nybom H, mWolff K, Meyer W. 1995. *DNA Fingerprinting in Plants and Fungi*. Boca Raton:CRC Press.
- Wels J. McClelland M. 1990. Fingerprinting genom using PCR with arbitrary primers. *Nucleid Acids Res.* 18: 7213-7218.
- William JGK, Kubelik AR, Livak KJ, Rafalski JA, Tingey SV. 1990. DNA polymorphism amplified by arbitrary primers are usefull as genetic marker. *Nucleid Acids Res.* 18: 6531-6535.

No.	Primer	5' to 3'	No.	Primer	5' to 3'
1	OPE-07	AGATGCAGCC	7	SBH-02	TCGGACGTGA
	OPE-11	GAGTCTCAGG	8	SBH-07	GGAAGTCGCC
2	SBR-04	AATCGGGCTG	9		
	SBR-08	GTGACGTAGG	10	SBH-08	ACCTCAGCTC
3			11		
	SBN-05	ACTGAACGCC	12	SOB-01	AGATGCAGCCG
4		AGCGTCACTC		SOB-02	
	SBN-13			SOB-03	AGATGCAGCCA
5					AGATGCAGCCT
6					

### Tables

Tabel 1. Primer-primer RAPD dan E-RAPD hasil seleksi yang digunakan dalam penelitian

Tabel 2. Data primer dan jumlah profil DNA hasil analisis RAPD dan E-RAPD

Primer	Ukuran pita (pb)	Jumlah Profil DNA		Jumlah pita
		Monomorfik	Polimorfik	
OPE07	200 – 1500	1	5	6
OPE11	250 - 1500	0	8	8
SBR04	250 – 3000	0	13	13
SBR08	150 – 2000	0	13	13
SBN05	150 – 2500	0	9	9
SBN13	200 – 2500	0	9	9
SBH02	250 – 2500	0	11	11
SBH07	150 – 2000	0	7	7
SBH08	200 – 7500	1	3	4
SOB01	200 - 1500	2	1	3
SOB02	200 – 2000	0	13	13
SOB03	150 - 1500	0	9	9
		4	101	105



Tabel 3. Matriks koefisien kemiripan genetik (KG) antar 30 hibrida dan tetuanya

T1	T2	H01	H02	H03	H04	H05	H06	H07	H08	H09	H10	H11	H12	H13	H14	H15	H16	H17	H18	H19	H20	H21
H22	H23	H24	H25	H26	H27	H28	H29	H30														
T1	1.00																					
T2	0.691.00																					
H01	0.430.651.00																					
H02	0.540.510.621.00																					
H03	0.650.660.500.561.00																					
H04	0.670.700.520.560.701.00																					
H05	0.550.580.520.730.570.701.00																					
H06	0.650.750.500.520.670.660.591.00																					
H07	0.600.630.490.630.590.670.730.761.00																					
H08	0.640.620.440.490.490.530.560.660.651.00																					
H09	0.670.700.540.650.610.630.610.710.720.651.00																					
H10	0.580.710.580.610.600.610.600.610.640.610.761.00																					
H11	0.590.620.540.550.610.580.510.580.630.680.700.681.00																					
H12	0.640.590.500.620.590.580.530.600.600.570.680.660.811.00																					
H13	0.680.720.550.560.580.640.600.740.670.780.770.730.670.671.00																					
H14	0.630.640.610.590.630.620.600.650.640.720.670.750.690.690.741.00																					
H15	0.570.550.590.550.550.610.590.660.700.580.670.590.720.700.640.641.00																					
H16	0.670.650.480.550.610.600.590.660.650.700.700.680.680.680.750.720.671.00																					
H17	0.580.640.560.540.560.550.510.680.600.590.740.580.590.670.680.630.690.721.00																					
H18	0.550.610.520.590.570.550.520.640.680.610.660.710.710.730.620.650.710.660.671.00																					
H19	0.590.720.510.550.520.560.580.700.600.640.670.670.600.720.730.660.640.710.710.721.00																					
H20	0.520.620.620.710.650.600.560.580.600.480.640.650.600.640.560.590.580.600.640.610.571.00																					
H21	0.510.540.430.610.540.570.530.620.660.590.660.690.700.710.650.650.640.700.560.730.670.651.00																					
H22	0.640.730.620.550.610.600.510.660.630.570.650.660.680.700.640.620.650.730.720.730.760.600.681.00																					
H23	0.610.610.490.620.550.620.580.620.620.560.640.700.690.720.680.660.720.690.630.750.710.610.740.771.00																					
H24	0.590.520.510.600.590.560.520.580.560.530.650.610.580.600.590.590.630.580.570.560.550.640.620.600.641.00																					
H25	0.570.700.480.520.620.650.550.630.630.560.650.660.670.600.600.530.720.630.640.750.650.690.640.700.760.611.00																					

KUMPULAN MAKALAH SEMINAR ILMIAH PERHORTI(2009)

H260.670.630.510.610.640.690.640.640.650.580.630.640.610.630.640.620.650.670.600.640.710.610.660.720.780.670.751.00

H270.600.630.470.540.570.590.550.640.610.560.590.620.630.680.620.600.730.730.650.690.670.650.670.710.780.610.810.741.00

H280.590.620.480.500.560.600.530.620.620.540.620.650.600.670.610.610.690.690.640.670.730.570.630.740.730.600.750.790.811.00

H290.650.580.440.510.550.610.520.590.570.560.590.600.560.580.620.580.640.680.580.570.600.490.580.710.680.710.700.740.740.791.00

H300.530.450.380.490.540.580.480.540.530.430.550.560.570.590.530.510.650.600.510.510.520.500.590.600.590.650.600.580.680.640.71

1.00

67

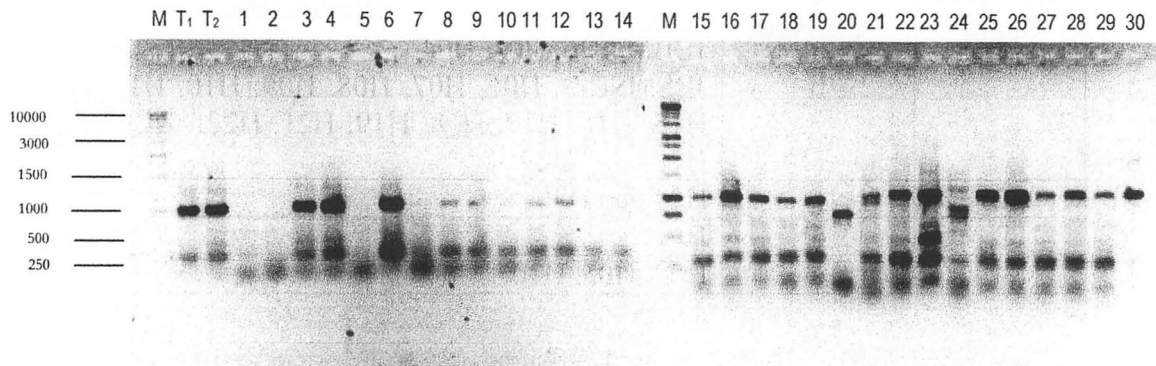
Tabel 4. Kelompok hibrida yang terbentuk berdasarkan dendrogram RAPD yang dianalisis dengan metode pengelompokan UPGMA berdasarkan 105 pola pita DNA.

Kelompok Utama	Sub Kelompok	Hibrida/tetua
1	a	JBBMQH6, H03, H04
	b	JBSMSC-3, H06, H07, H08, H09, H10, H11,H12, H13, H14, H15, H16, H17, H18, H19, H21, H22, H23, H25, H26, H27, H28, dan H29.
2	c	H24 dan H30
3	d	H01
4	e	H02, H05, H20

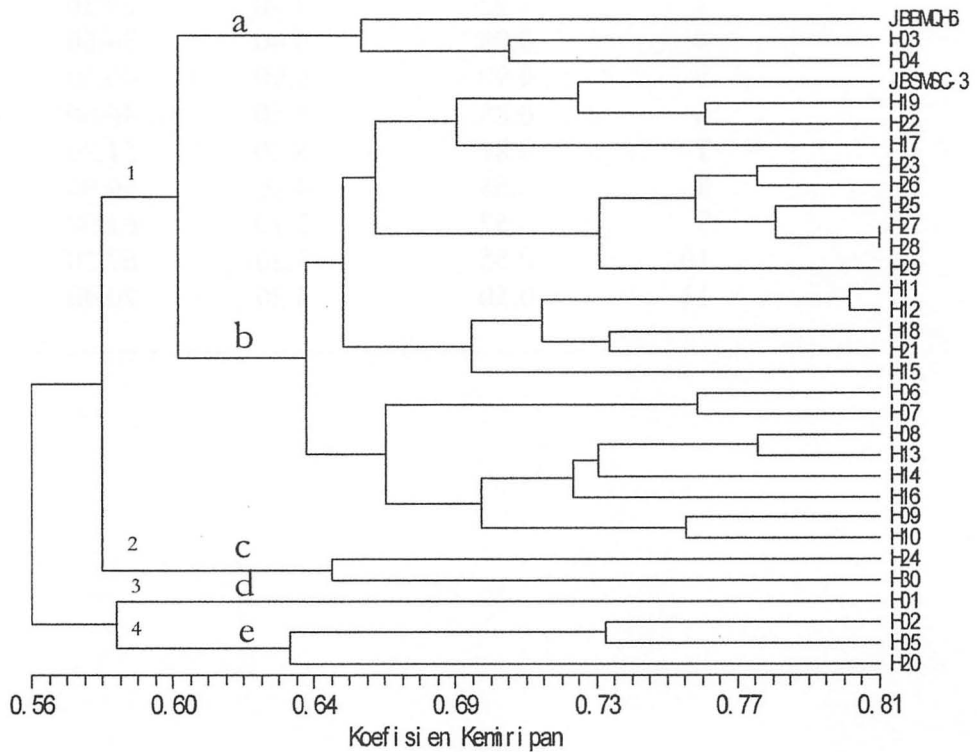
Tabel 5. Nilai Akar ciri 10 komponen utama profil RAPD

Profil RAPD	Nilai ciri	Persentase keragaman	% Akumulasi keragaman
1	1.72	11.20	11.20
2	1.40	9.10	20.30
3	1.22	7.90	28.30
4	0.98	6.40	34.60
5	0.90	5.90	40.50
6	0.85	5.50	46.00
7	0.81	5.30	51.20
8	0.65	4.20	59.90
9	0.57	3.70	63.60
10	0.55	3.50	67.20
11	0.50	3.20	70.40

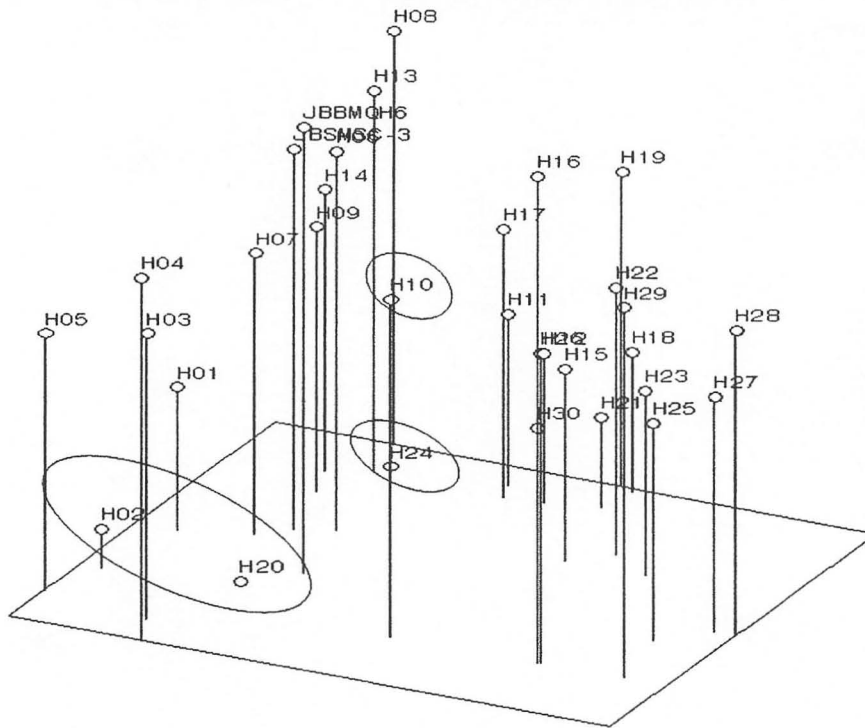
Figures



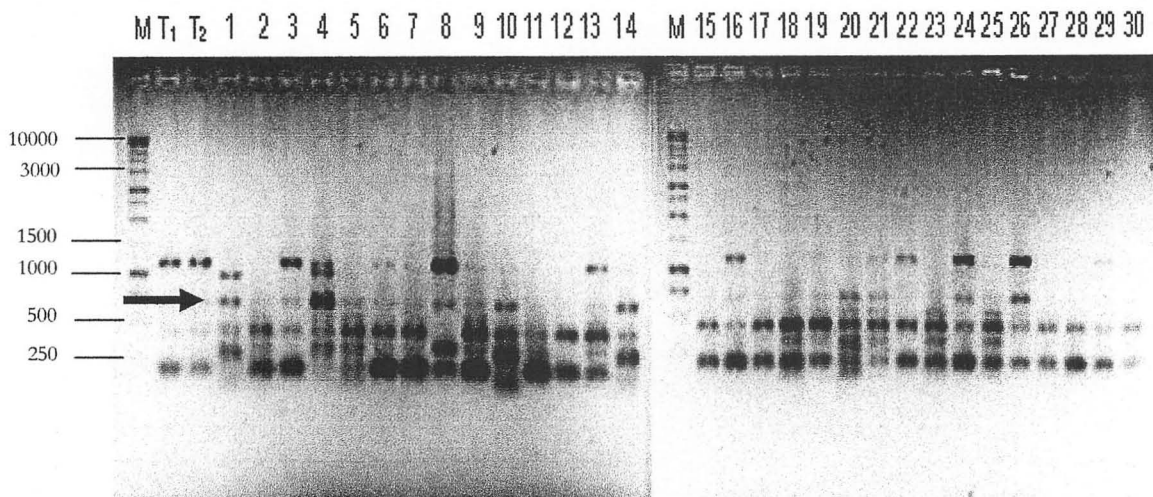
Gambar 1. Pola pita penanda RAPD yang dibangkitkan menggunakan primer SBN5 pada genotipe tetua ( $T_1$ =JBBMQH6;  $T_2$ = JBSMSC3) dan 30  $F_1$  hasil persilangan tetua  $T_1 \times T_2$ .



Gambar 2. Dendrogram kemiripan genotipik hasil analisis kluster dengan metode pengelompokan UPGMA berdasarkan 150 pola pita DNA.



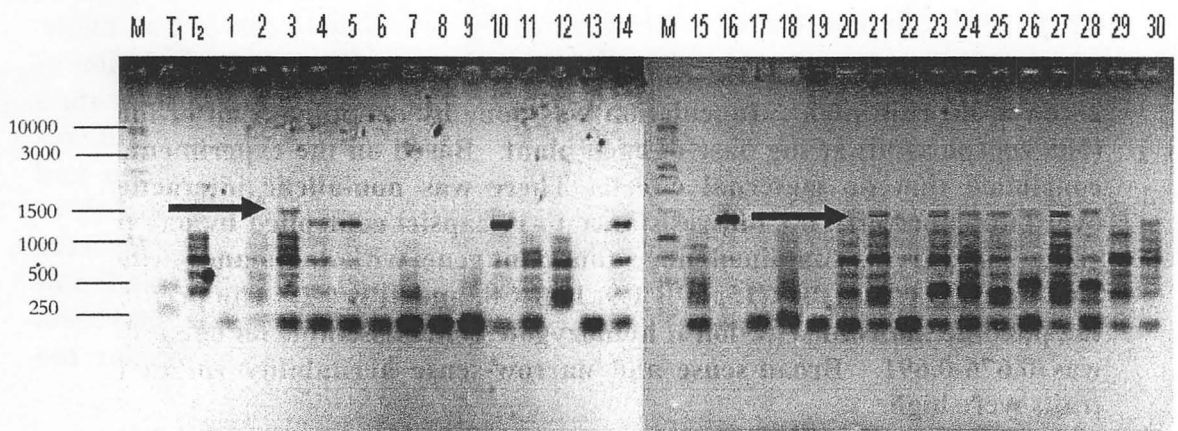
Gambar 3. Analisis komponen utama dari data kemiripan nenas hibrida dan tetuanya berdasarkan 150 pola pita primer RAPD hasil amplifikasi, yang dipetakan ke dalam bentuk tiga sumbu komponen utama pertama.



Gambar 4. Profil RAPD dari Primer OPE7. Panah menunjukkan fragmen yang berkorelasi dengan 0.70 dengan karakter kelopak warna putih perak dan buah kuning emas .



Gambar 5. Profil RAPD dari Primer SBR4. Panah menunjukkan fragmen yang berkorelasi ( $r=0.70$ ) dengan warna buah hijau setelah matang



Gambar 6. Profil RAPD dari Primer SOB2. Panah menunjukkan fragmen yang berkorelasi (0.70) dengan dengan karakter karakter duri tidak merata