

Analisis Perbandingan Pola Keanekaragaman Pisang Introduksi Berdasarkan Penanda Fenotipik dengan Penanda RAPD dan Pendugaan Korelasi antara Keduanya terhadap Komposisi Genomiknya

Comparison Analysis for Diversity Pattern of Introduction Banana Based on Phenotypic and RAPD Markers and Estimating Correlation Between Both of Them to Their Genomic Composition

Hanik Rohmah Robi`ah^{1*}, Sobir² dan Memen Surahman^{2*}

Diterima 20 Januari 2005/Disetujui 28 Oktober 2005

ABSTRACT

Banana accessions introduced from INIBAP Transit Center (ITC) have been studied their diversity revealed on phenotypic and RAPD markers. Both of them showed different clustering pattern and not fit to genomic composition. In order to know fitness level of clustering pattern both of them, comparison analysis have done to their similarity coefficient matrix, and followed by partial correlation analysis among phenotypic traits, and genomic composition. The comparison analysis resulting very poor correlation ($r = 0.491$). Partially correlation analysis among traits, DNA profile, and Musa genomic composition at 95-99% confidence revealed only OPA-18 line 2 related to accessions possessed pure "A" genome, and they were together associated to green color of petiole margins. OPD-10 line 3, significantly, associated to accessions with genome dominated "B", but there was no correlation between both of them to any characters. These results suggested that some primers and characters may specifically associated with certain.

Key words: Comparison analysis, Correlation analysis, Introduction bananas, Musa

PENDAHULUAN

Indonesia sebagai salah satu produsen pisang dunia telah melakukan introduksi beberapa pisang hasil *improvement* dari ITC. Pisang introduksi ini diharapkan dapat menambah keanekaragaman plasma nutfah yang telah dimiliki oleh Indonesia. Antar aksesi pisang ini telah dianalisis keanekaragamannya berdasarkan penampilan fenotipik dan kemudian dilanjutkan dengan menggunakan penanda RAPD. Hasil analisis masing-masing menunjukkan tingkat dan pola keanekaragaman yang berbeda, dimana berdasarkan penanda fenotipik didapatkan nilai koefisien kemiripan antara 31-94% atau jarak genetik 6-69%, sedangkan berdasarkan penanda RAPD didapatkan koefisien kemiripan 62-98% atau 2-38% keragaman. Untuk mengetahui tingkat kemiripan atau kecocokan pola keanekaragaman kedua penanda ini maka diperlukan perbandingan hasil dalam satu analisis perbandingan bersama. Penggunaan analisis ini secara umum memberikan gambaran seberapa besar kemiripan pola pengelompokan atau keselarasan matrik koefisien masing-masing. Analisis komparasi dua penanda telah dilakukan oleh Hamza *et al.* (2004) yang

membandingkan antara matrik koefisien kemiripan karakter morfologi dengan penanda SSR. Analisisnya memberikan hasil korelasi cukup bagus antara dua penanda, dimana berdasarkan dendrogram didapatkan informasi masing-masing penanda tersebut mampu mengelompokkan genotipa barley ke dalam masing-masing tipe (tipe *landrace* lokal dan varietas).

Analisis ini akan membantu menduga apakah penanda-penanda yang dianalisis tersebut secara umum terdapat asosiasi. Analisis korelasi lebih lanjut antara karakter dengan komposisi genomiknya diperlukan untuk melihat bagaimana tingkat keterpautan karakter atau komponen penanda dengan komposisi genomiknya. Pada tanaman pisang analisis ini dilakukan oleh Osuji *et al.* (1997); Ortiz *et al.* (1998); dan Swennen *et al.* (1995) (yang dirangkum Crouch *et al.* (2000)) dengan hasil korelasi cukup bagus antara penanda morfologi dengan pola pengelompokan genomnya.

Hasil Analisis korelasi ini diharapkan dapat memperjelas hasil analisis komparasi terhadap dua penanda yang dianalisis.

¹ Alumni Sekolah Pascasarjana IPB PS AGR, E-mail: hanikmunawar@yahoo.com

² Staf Pengajar Departemen Agronomi dan Hortikultura Fakultas Pertanian IPB Jl. Meranti Kampus IPB Darmaga, Bogor 16680 Telp/Fax (0251) 629353 E-mail: msurahm@lvcos.com
(* Penulis untuk korespondensi)

METODOLOGI

Bahan Tanaman

Bahan tanaman yang digunakan adalah tanaman pisang hasil introduksi dari ITC (International Transit Center) sebanyak 27 aksesori (Tabel 1). Seluruh aksesori ini ditanam di kebun percobaan PKBT Tajur.

Analisis Penanda Fenotipik

Pengamatan dilakukan terhadap 72 karakter vegetatif tanaman pisang menggunakan panduan deskriptor pisang (IBPGR, 1984; IPGRI, 1996) dan IITA Research Guide 66 (Swennen dan Ortiz, 1997) dengan beberapa modifikasi.

Organ tanaman yang diamati meliputi 20 karakter daun (bentuk pangkal, bentuk membuka pangkal, sifat pangkal (sobek/tidak), lebar daun, panjang daun, rasio panjang lebar daun, jumlah daun, keoverlapan, lilin bawah daun, penampakan atas daun, penampakan bawah daun, perubahan permukaan, sifat daun erect/tidak, kesimetrisan pangkal daun, warna belakang daun menggulung, warna permukaan daun atas, warna permukaan daun bawah, warna tepi daun, warna tulang atas, warna tulang bawah), 17 karakter tangkai daun (petiola) (bentuk bercak, bentuk kanal petiola, bentuk tepian petiola, dalam kanal petiola, keliling petiola, lebar kanal petiola, lebar tepian petiola, lilin petiola, panjang petiola, pewarnaan tepi tepian petiola, sudut petiola, tipe sayap petiola, warna bercak petiola, warna getah, warna petiola, warna tepi tepian petiola, warna tepian petiola), 12 karakter batang (bentuk bercak batang, bentuk pigmentasi bagian dalam, bentuk pigmentasi bagian luar, keliling batang, lilin pada batang, penampakan batang, pigmentasi dominan bagian dalam, pigmentasi dominan bagian luar, tinggi batang, warna bercak batang, warna dasar batang bagian dalam, warna dasar batang bagian luar), 23 karakter anakan (warna daun, warna tepi daun, penampak daun, warna tulang atas, warna tulang bawah, tebal lilin permukaan bawah daun, warna lilin permukaan bawah daun, bercak daun, bentuk pangkal daun, warna petiola, bentuk tepi petiola, warna tepi petiola, tebal lilin petiola, warna lilin petiola, bercak petiola, warna batang anakan tua, warna tunas muda, bercak batang, kecekungan, rasio anak-induk, tinggi anakan, jumlah anakan 30cm>, jumlah anakan semua).

Tabel 1. Bahan tanaman dalam penelitian

No	Kode ITC	Kode aksesori	Komposisi genomik
1	0312	Pisang Jari Buaya 5 (P5)	AA
2	0312	Pisang Jari Buaya 7.2 (P7)	AA
3	0505	FHIA-02 (F2)	AAAA
4	0505	FHIA-02. 4.5 (F45)	AAAA
5	0505	FHIA-02. 7.5 (F75)	AAAA
6	0506	FHIA-03 (F3)	AABB
7	0643	Cachaco (CA)	ABB
8	0712	AAcv Rose (ACV)	AA
9	1122	Gros-Michel (GM)	AAA
10	1123	Yangambi Km 5 (YKM)	AAA
11	1264	FHIA-17 (F17)	AAAA
12	1265	FHIA-23 (F23)	AAAA
13	1282	GCTV-119 (GCT)	AAA
14	1283	SH 3436-9 (SH9)	AAAA
15	1296	TMBX -6.1 (T6)	ABBB
16	1297	TMBX 5295-1-10.2 (T10)	AAAB
17	1319	FHIA-18 (F18)	Tetraploid
18	1332	FHIA-21 (F21)	AAAB
19	1344	CRBP 39.2 (C2)	AAAB
20	1344	CRBP 39.2.1 (C21)	AAAB
21	1344	CRBP 39.2.2 (C22)	AAAB
22	1344	CRBP 39.3 (C3)	AAAB
23	1307	SH 3640 (SH40)	AAAA
24	1418	FHIA-25. 1.1 (F251)	ABB
25	1418	FHIA-25. 3.2 (F253)	ABB
26	1418	FHIA-25. 5 (F255)	ABB
27	1441	Pisang Ceylan (PC)	AAB

Analisis Penanda RAPD

Isolasi DNA. Isolasi DNA dilakukan dengan memodifikasi metode yang digunakan Xuan Thu *et al.* (2002), dan metode Toruan-Mathius dan Hutabarat (1997). Bahan isolasi adalah 0.5-3 g daun muda masih menggulung, digerus dengan bantuan nitrogen cair sampai membentuk serbuk halus. Serbuk dimasukkan dalam tabung steril kemudian diisi 1-3 ml *buffer* ekstraksi (2% CTAB; 0.2 M EDTA (pH 8.0); 0.1 M Tris-HCl (pH 8.0), 1.4 M NaCl; 0.2% β -mercaptoethanol). Kemudian diinkubasi dalam *waterbath* pada suhu 65 °C selama 30 menit. *Buffer* Chloroform: Isoamil Alkohol (CIA) (24:1 v/v) ditambahkan sebanyak 1-3 ml ke dalam tabung, kocok perlahan-lahan selama 15-30 menit. Campuran ini disentrifugasi 11000 rpm selama 11 menit. *Supernatant* dipindahkan ke dalam tabung steril baru ukuran 5 ml, dan ditambah 1x volum 2-propanol dingin, kemudian dikocok perlahan dan diinkubasi dalam 4 °C selama 30 menit, gumpalan seperti lendir dikait dan dipindahkan ke dalam tabung mikro steril. Fase padat (*Pellet*) dicuci

2 kali dengan ethanol 70%, kemudian di *vacuum* atau dikering anginkan semalaman. Selanjutnya pellet dilarutkan dalam 100-300µl TE (1 M Tris-HCl (pH 8,0); 0,5 M EDTA (pH 8,0); Aquades) atau air bebas ion.

Analisis RAPD.

Delapan primer acak dari Operon (Operon teknologi Inc.) dipilih dari beberapa publikasi penelitian pisang yakni : OPA-12, OPA-18, OPD-10, OPG-14, OPH-07, OPH-08, OPH-13, dan SBH-13.

Proses amplifikasi dilakukan menggunakan mesin PCR ASTEC Thermal Cycler PC 707. Metode dan prosedur PCR memodifikasi metode PROMEGA (bulletin promega). Bahan campuran untuk satu tabung reaksi PCR terdiri atas 240 µM dNTPs, *buffer* PCR/15 mM MgCl₂ 1x, 0.65 unit/µl *Taq* DNA *polymerase*, Primer 10 pMol, DNA template 25-50 ng, dan ditambahkan air bebas ion sampai volume total 25 µl. Program *running* PCR yakni : pre denaturasi 94° C selama 5 menit, dilanjutkan 45 siklus meliputi denaturasi 94° C selama 30 detik, *annealing* 36° C selama 60 detik, Elongasi 72° C 2 menit, dan terakhir *Post* Elongasi 72° C selama 7 menit.

Elektroforesis dilakukan dengan memigrasikan sebanyak 5-10 µl hasil PCR : 1-2 µl *loading dye* (10:2) pada tegangan 100 Volt selama 20 menit. Hasil elektroforesis divisualisasi dengan UV transluminator dan didokumentasikan dengan kamera polaroid yang telah terhubung dengan program komputer.

Analisis Data

Data hasil pengamatan karakter fenotipik diskoring berdasarkan panduan deskriptor pisang (IBPGR, 1984; IPGRI, 1996) dengan beberapa modifikasi. Profil pita DNA hasil analisis RAPD diskor dengan nilai nol (0) jika tidak ada pita, dan satu (1) jika ada pita pada tingkat migrasi yang sama. Seluruh data hasil analisis RAPD dianalisis menggunakan software program NTSYSpc versi 2.02 (Rohlf, 1998). Analisis kemiripan antar aksesi diolah menggunakan prosedur SIMQUAL (*Similarity for Qualitative Data*) dan dihitung berdasarkan metode *Simple Matching Coefficient* (SM) dari Sokal and Sneath (1963, dalam Rohlf, 1998), dengan persamaan sebagai berikut :

$$SM = \frac{m}{n}$$

dimana :

SM = koefisien similaritas,

m = jumlah data dengan pola yang sama

n = jumlah data

Analisis Komparasi Antara Dua Penanda

Untuk mengetahui tingkat keselarasan koefisien kesamaan antara penanda fenotipik dengan profil DNA, kedua data dibandingkan dan dianalisis tingkat keselarasannya dengan menggunakan *MXCOMP* dalam NTSYS-pc versi 2.02. Tingkat keselarasan pengelompokan ditentukan berdasarkan kriteria *goodness of fit*, yakni tingkat kesamaan nilai matriks *similarity coefficient* dengan interpretasi kesesuaian matriks korelasi dua data adalah sangat sesuai ($r \geq 0.9$), sesuai ($0.8 \leq r < 0.9$), tidak sesuai ($0.7 \leq r < 0.8$), sangat tidak sesuai ($r < 0.7$).

Analisis Korelasi Antara Karakter Kualitatif, Primer, dan Komposisi Genom

Analisis korelasi untuk melihat tingkat kecenderungan terpaut antara karakter kualitatif, DNA hasil amplifikasi masing-masing primer, dan komposisi genom dilakukan dengan menggabungkan data kualitatif fenotipik dengan data DNA yang dianalisis korelasi bersama dengan data skor jenis komposisi genom menggunakan analisis korelasi Pearson pada taraf kepercayaan 95-99% dalam MINITAB release 13.

HASIL DAN PEMBAHASAN

Hasil

Analisis Komparasi Antara Penanda Fenotipik dan RAPD

Berdasarkan hasil analisis komparasi antara matrik kemiripan penanda fenotipik dan RAPD menunjukkan nilai korelasi $r = 0,491$. Berdasarkan kriteria *goodness of fit*, yakni tingkat keselarasan nilai matriks pada dua data, nilai ini diinterpretasikan sangat tidak sesuai (*very poor fit*; $r < 0.7$). Berdasarkan uji statistic Z mantel α 0.05 di dapatkan korelasi yang sangat tidak nyata ($p = 1$), dimana nilai $p > 0.05$ menunjukkan nilai korelasi yang diperoleh tidak nyata.

Korelasi Antara Karakter, Primer, dan Komposisi Genom.

a. Korelasi karakter kualitatif dengan komposisi genom

Analisis korelasi menunjukkan terdapat 12 karakter kualitatif berkaitan dengan jenis komposisi genom tertentu (Tabel 2). Dari 12 karakter didapatkan hanya 1 karakter yang berkorelasi dengan jenis genom AAAA dan 7 karakter berkorelasi dengan jenis genom AAAB (Tabel 2).

Tabel 2. Karakter-karakter yang berkorelasi nyata dengan komposisi genom

No	Varian Karakter	Komposisi Genom				
		AAAA	AAAB	A SAJA	Dominan A	Dominan B
1	Tangkai daun horizontal	-	-	-	-	0.66
2	Pangkal daun simetris	-	0.65	-	0.71	-
3	Tulang daun bawah hijau	-	-	0.63	-	-
4	Kanal agak menutup	-	0.89	-	0.81	-
5	Tepi tepian petiola merah tua	-	-	0.7	-	-
6	Tepi tepian petiola merah ungu	-	0.79	-	0.7	-
7	Pigmen batang dalam 75%	-	-	-	0.61	-
8	Petiola anakan hijau-pink	0.66	-	-	-	-
9	Kanal anakan agak menutup	-	0.89	-	0.81	-
10	Lilin petiola anakan tidak ada	-	0.89	-	0.81	-
11	Batang anakan merah bata	-	0.82	-	0.73	-
12	Bercak batang anakan sedikit	-	0.63	-	-	-

Keterangan : A saja, mewakili genom AA/AAA/AAAA; Dominan A, mewakili genom AAAB/AAB; Dominan B, mewakili genom ABB/ABBB
 Notasi – menunjukkan tidak ada korelasi atau berkorelasi tidak nyata

Hasil korelasi antara karakter kualitatif dengan jenis genom yang mendominasi dalam komposisi genom didapatkan hanya dua karakter yang berkorelasi dengan genom A dan satu karakter berkorelasi dengan komposisi genom hibrida yang dominan genom B, sedangkan komposisi genom hibrid dominan genom A menunjukkan berkorelasi dengan tujuh karakter. Antara komposisi genom dominan A dan jenis genom AAAB terdapat kemiripan sebanyak enam karakter. Berdasarkan analisis ini dapat diketahui bahwa karakter-karakter yang berkorelasi dengan komposisi genom yang mewakili genom A saja tidak satu pun yang

menunjukkan adanya kemiripan dengan karakter-karakter yang berkorelasi dengan jenis genom AAAA maupun dengan genom hibrid yang dominan genom A.

b. Korelasi primer dengan karakter

Analisis korelasi lebih lanjut menunjukkan terdapat 17 varian karakter kualitatif yang nyata berkaitan dengan 5 primer dari 8 primer yang digunakan dalam RAPD (Tabel 3). Lima primer tersebut diwakili oleh 8 profil DNA.

Tabel 3. Karakter-karakter yang berkorelasi nyata dengan profil RAPD

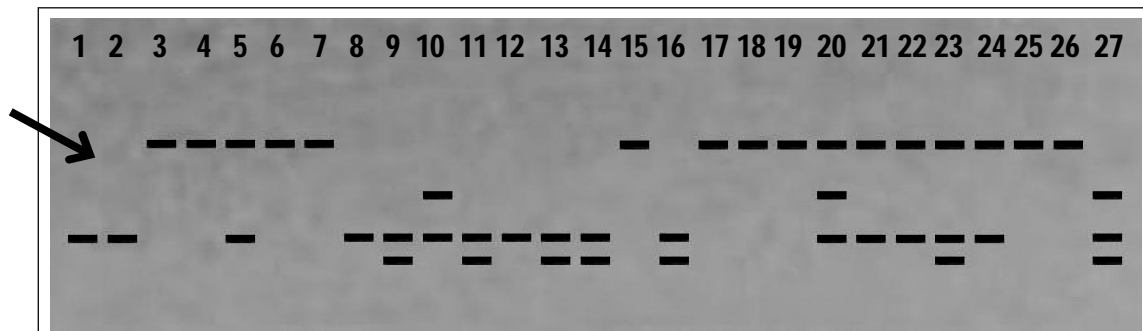
Karakter	Primer							
	A12-1	A12-4	A18-2	A18-5	D10-1	D10-3	G14-4	H7-1
1	0.65	-	-	-	-	-	-	-
8	-	-	-	-	-	-	0.62	-
18	-	-	-	-	-	0.68	-	-
20	-	-	0.63	-	-	-	-	-
30	-	-	-	-	-	0.62	-	0.67
31	-	0.61	-	-	-	-	-	-
35	-	-	0.69	-	-	-	-	-
39	-	-	0.62	-	-	-	-	-
40	-	-	0.65	-	-	-	-	-
41	-	-	-	-	-	-	-	0.76
42	-	-	0.8	-	-	-	-	-
60	-	-	-	-	0.88	-	-	-
62	0.78	-	-	-	-	0.69	-	-
65	-	-	-	-	-	-	0.63	-
75	-	-	-	-	-	0.62	-	0.67
77	-	-	-	0.62	-	-	-	-
78	-	-	-	-	-	0.62	-	0.67

Kode karakter : 1-Pangkal daun bulat melingkar; 8-Lilin bawah daun tipis; 18-Daun menggulung coklat ungu; 20-Tulang daun atas hijau cerah; 30-Kanal menutup tidak overlap; 31-Petiola bersayap berombak; 35-Lilin petiola tebal sekali; 39-Warna petiola hijau; 40-Tepi tepian petiola merah tua; 41-Tepi tepian

petiola merah ungu; 42 Tepian petiola hijau; 60-Tepi daun anakan merah/merah ungu; 62-Tulang daun atas anakan merah/merah ungu; 65-Lilin bawah daun anakan tidak ada; 75-Tepi kanal petiola anakan menutup tidak overlapping; 77-Tepian petiola anakan merah tua; 78-Lilin petiola anakan tidak ada;

Kode primer : A12-1 = OPA12 baris 1; A12-4 = OPA12 baris 4; A18-2, OPA18 baris 2; A18-5, OPA18 baris 5; D10-1, OPD10 baris 1; D10-3, OPD10 baris 3; G14-4, OPG14 baris 4; H7-1, OPH7 baris 1
 Notasi – menunjukkan tidak ada korelasi atau berkorelasi tidak nyata

Berdasarkan analisis korelasi ini secara khusus 100% kepercayaan) berkorelasi antara 78-88% dengan 3 didapatkan 3 varian karakter yang sangat nyata (99- profil RAPD dari 3 primer yang berbeda (Tabel 3).



Gambar 1. Profil RAPD dari Primer OPA12. Fragmen DNA yang ditunjuk oleh panah berkorelasi 78% dengan anakan yang memiliki warna tulang daun merah/ungu. Nomor 1-27 mewakili urutan aksesori seperti pada Tabel 1.

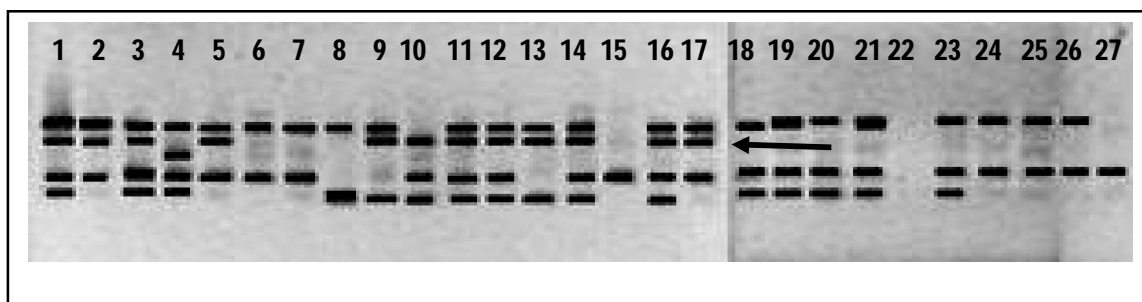
Primer OPA18 baris 2 berkorelasi dengan karakter tepian petiola hijau yang terdapat pada aksesori nomor 1 (P5), 2 (P7), 3 (F2), 4 (F45), 5 (F75), 6 (F3), 8 (ACV), 9 (GM), 10 (YKM), 11 (F17), 12 (F23), 13 (GCT), 14 (SH9), 16 (T10), dan 17 (F18). OPD10 baris 1 berkorelasi dengan tepi daun anakan merah ungu. OPA12 baris 1 (Gambar 1) berkorelasi dengan tulang daun bagian atas anakan berwarna merah/merah ungu.

c. Korelasi primer dengan komposisi genom

Hasil analisis korelasi parsial profil RAPD dengan komposisi genom didapatkan 5 profil DNA dari 3 primer menunjukkan berkorelasi nyata dengan 3 jenis genom. Profil DNA dari OPA18 baris 2 dan 5 nyata berkorelasi dengan aksesori bergenom A saja (Tabel 3), di samping itu profil DNA OPA18 baris 2 juga berkorelasi

sangat nyata dengan tepian petiola berwarna hijau ($r=0.8$) (Gambar 2; Tabel 4). Karakter ini terdapat pada aksesori nomor 1 (P5/AA), 2 (P7/AA), 3 (F2/AAAA), 4 (F45/AAAA), 5 (F75/AAAA), 6 (F3/AAAB), 8 (ACV/AA), 9 (GM/AAA), 10 (YKM/AAA), 11 (F17/AAAA), 12 (F23/AAAA), 13 (GCT/AAA), 14 (SH9/AAAA), 16 (T10/AAAB), dan 17 (F18/TETRA).

Profil DNA baris 3 dari OPD-10 berkorelasi nyata ($r=0.62$) dengan genom dominan B (Tabel 4) yang mewakili aksesori nomor 7 (CA/ABB), 15 (T6/ABBB), 24 (F251/ABB), 25 (F253/ABB), dan 26 (F255/ABB). Genom AAAB yang mewakili aksesori nomor 16 (T10/AAAB), 18 (F21/AAAB), 19 (C2/AAAB), 20 (C21/AAAB), 21 (C22/AAAB), dan 22 (C3/AAAB) berkorelasi nyata dengan profil DNA baris 1 dari OPH-07.



Gambar 2. Profil RAPD dari Primer OPA-18. Fragmen DNA yang ditunjuk oleh panah berasosiasi sebesar 0.5 dengan aksesori bergenom A saja yang juga berkorelasi sebesar 0.8 dengan tepian petiol hijau. Nomor 1-27 mewakili aksesori seperti pada Tabel 1.

Tabel 4. Primer yang berkorelasi dengan komposisi genom

No	Primer	Komposisi Genom		
		Genom A saja (AA/AAA/AAAA)	Dominan B (ABBB/ABB)	AAAB
1	OPA-18 baris 2	0.5	-	-
2	OPA-18 baris 5	0.53	-	-
3	OPD-10 baris 3	-	0.62	0.51
4	OPH-07 baris 1	-	-	0.57

Pembahasan

Komparasi Antara Matrik Kemiripan Penanda Fenotipik dan RAPD

Hasil analisis *cluster* telah menunjukkan bahwa terdapat perbedaan pola pengelompokan aksesori antara penanda fenotipik dan RAPD. Setelah dilakukan analisis komparasi antara matriks koefisien kemiripan kedua penanda didapatkan nilai korelasi keduanya yakni $r = 0.491$ yang dikategorikan sebagai korelasi yang sangat lemah. Korelasi yang rendah ini menunjukkan bahwa pola keragaman diantara dua penanda sangat sedikit yang selaras.

Faktor utama yang menyebabkan ketidak-selarasan memungkinkan adalah antara penanda fenotipik yang diamati dan profil DNA RAPD yang teramplifikasi bukan merupakan satu bagian yang saling berhubungan, atau hanya berhubungan sebagian. Hal ini berarti penanda RAPD yang diperoleh belum tentu merupakan DNA yang menyandi karakter fenotipik yang diamati. Hasil analisis yang tidak selaras antara fenotipik dan DNA yang dihasilkan pada penelitian ini, terdapat pula pada hasil penelitian Crouch *et al.* (2000). Mereka melakukan analisis keanekaragaman menggunakan penanda morfologi generatif (berdasarkan tipe dan panjang tandan) bersama 11 primer RAPD, dimana diperoleh tingkat korelasi yang lemah antara kedua penanda tersebut.

Korelasi Antara Karakter Kualitatif dengan Komposisi Genom

Analisis *cluster* berdasarkan penanda fenotipik memperlihatkan adanya beberapa aksesori yang masuk ke dalam kelompok genom yang berbeda dengan kelompok genom yang dimilikinya. Hal ini diduga akibat tidak adanya asosiasi antara karakter yang dipilih dengan kelompok genomnya. Berdasarkan hasil analisis korelasi antara karakter kualitatif dengan komposisi genom menunjukkan bahwa hanya 12 varian karakter (dari 88 varian yang dianalisis) yang berkaitan dengan komposisi genom. Dari 12 karakter ini, diketahui hanya 1 karakter yang berkorelasi dengan jenis genom AAAA, 2 karakter dengan genom A saja (seluruh genom A diploid, triploid dan tetraploid), 1 karakter berkorelasi dengan komposisi genom hibrida dominan genom B, 7 karakter berkorelasi dengan jenis genom AAAB dan 7

karakter berkorelasi dengan komposisi genom hibrida dominan genom A. Antara komposisi genom dominan A dan jenis genom AAAB terdapat kemiripan sebanyak 6 karakter.

Sedikitnya karakter yang berkorelasi dengan genom A saja dan juga yang berkorelasi dengan hibrida dominan B dibandingkan genom hibrida yang dominan A, menunjukkan bahwa aksesori-aksesori yang memiliki genom A saja ini, baik kelompok diploid, triploid maupun tetraploid, mempunyai keragaman yang lebih tinggi dibandingkan kelompok AAAB atau hibrida dominan A. Hal ini didukung oleh hasil pengelompokan dendrogram yang menunjukkan variasi jarak genetik yang lebih beragam pada kelompok genom A saja dibandingkan kelompok genom hibrida dominan A. Hasil ini menunjukkan bahwa memang hanya sebagian kecil karakter yang berkorelasi dengan genom. Hal ini memperkuat dugaan bahwa karakter yang dipilih dalam analisis pengelompokan aksesori pisang ini masih belum tepat.

Penelitian Osuji *et al.* (1997); Ortiz *et al.* (1998); dan Swennen *et al.* (1995) (yang dirangkum Crouch *et al.*, (2000)) menghasilkan korelasi yang bagus antara penanda morfologi dengan pengelompokan genomnya. Namun, karakter yang digunakan hanya dipilih karakter-karakter fase generatif tertentu yang mengacu pada 15 karakter morfologi Simmonds dan Sheppard (1955). Sementara itu Ortiz (1997) tidak mendapatkan hasil yang selaras antara karakter morfologi yang diamati dengan pengelompokan genomnya, yang mana Ortiz (1997) sama sekali tidak menggunakan karakter yang diamati Osuji *et al.* (1997); Ortiz *et al.* (1998); dan Swennen *et al.* (1995).

Korelasi Parsial Antara Primer dengan Komposisi Genom

Berdasarkan analisis pengelompokan RAPD didapatkan informasi adanya hasil pengelompokan aksesori pisang yang belum sepenuhnya sesuai dengan pengelompokan komposisi genom yang sesungguhnya. Penyebab utama diduga faktor latar belakang genetik dan evolusi, serta faktor pemilihan primer yang belum tepat. Berdasarkan Hasil analisis korelasi parsial antara primer dengan karakter kualitatif menunjukkan hanya sebagian primer yang berhubungan dengan komposisi

genom, dimana didapatkan 5 profil DNA dari 3 primer menunjukkan berkorelasi nyata dengan 3 jenis genom. Profil DNA dari OPA18 baris 2 dan 5 nyata berkorelasi dengan aksesi bergenom A saja, dan secara khusus profil DNA OPA18 baris 2 juga berkorelasi sangat nyata dengan tepian petiola berwarna hijau ($r=0.8$) (Gambar 2; Tabel 3). Profil DNA baris 3 dari OPD-10 berkorelasi nyata ($r=0.62$) dengan genom dominan B, dan profil DNA baris 1 dari OPH-07 berkorelasi nyata dengan genom AAAB.

KESIMPULAN

Hasil analisis keselarasan penanda fenotipik dan RAPD diperoleh hasil korelasi yang sangat lemah ($r = 0.491$). Ini berarti pola antara keragaman fenotipik tidak selaras dengan pola keragaman profil DNA RAPD. Hasil pengujian analisis korelasi parsial antara karakter kualitatif, primer, dan komposisi genomik didapatkan kecenderungan OPA 18 profil 2 berasosiasi sebesar 0.5 dengan kelompok genom A, sekaligus berasosiasi sebesar 0.8 dengan tepian petiola hijau. Hasil amplifikasi OPD-10 baris 3 berkorelasi nyata dengan aksesi hibrida dengan komposisi genom didominasi genom B, akan tetapi tidak didapatkan korelasi antara OPD-10 baris 3, genom dominan B dengan karakter tertentu. Hasil ini meyakinkan terdapatnya primer-primer yang mungkin secara spesifik berkaitan dengan genom-genom tertentu pada pisang. Pemilihan primer yang tepat, yang sudah teruji secara khusus, juga menjadi alternatif yang harus dilakukan untuk memperkuat analisis *cluster* pada aksesi/kultivar pisang.

UCAPAN TERIMAKASIH

Penelitian ini merupakan sebagian dari penelitian tesis yang didanai oleh proyek RUSNAS periode 2002-2004 yang ditangani PKBT. Banyak pihak yang telah membantu saya dalam proses penelitian dan penulisan jurnal ini, untuk itu saya menyampaikan terima kasih kepada : Bapak Dr. Ir. Sobir, MSi., Bapak Dr. Ir. Memen Surahman, MSc., juga seluruh staf PKBT, dan semua pihak yang telah berjasa dalam proses penelitian dan penulisan yang tidak dapat saya sebutkan satu persatu. Semoga Allah SWT. menjadikan kebaikan semuanya sebagai amalan baik yang tiada terputus hingga di akhirat.

DAFTAR PUSTAKA

- Crouch H.K., J.H. Crouch, S. Madsen, D.R. Vuylsteke, R. Ortiz. 2000. Comparative analysis of phenotypic and genotypic diversity among plantain landraces (*Musa* spp., AAB). *Theor Appl Genet.* 101:1056-1065.
- Hamza, S., W. B. Hamida, A. Rebai, M. Harrabi. 2004. SSR-based genetic diversity assesment among Tunisian winter barley and relationship with morphological traits. *Euphytica* 135: 107-118.
- IBPGR. 1984. Revised banana descriptors (*Musa* spp.). International broad of Plant Genetic Resources (IBPGR). Rome. Italy.
- IPGRI. 1996. Descriptors for Banana (*Musa* spp.). International Plant Genetic Resources Institute. Rome. Italy. 59 p.
- Rohlf, F.J. 1998. *NTSYSpc: Numerical taxonomy and multivariate analysis system* Version 2.0. User Guide. Exeter Software. Applied Biostatistics Inc. New York. p 31
- Simmonds, N.W., K. Shepherd. 1955. The taxonomy and origins of the cultivated bananas. *Journal Linnean Society London Bot.* 55:302-312.
- Swennen, R., R. Ortiz. 1997. Morphology and growth of plantain and banana. IITA Research Guide 66. Training Program, International Institute of Tropical Agriculture (IITA), Ibadan, Nigeria: 32 pp. (<http://www.iita.org/trn-mat/irg66/irg661.html>)
- Toruan-Mathius, N., T. Hutabarat. 1997. Analysis of genetic integrity of banana plantlets from in-vitro culture by Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD). *Menara Perkebunan* 65 (1):17-25.
- Xuan Thu, N., Le Thi Lan Oanh, Ho Huu Nhi, 2002. Using RAPD technique for identifying and classifying some banana cultivars in Vietnam. *Infomusa* ([http://www. Inibap.org/publications/infomusa/INFO11.1-GB.pdf](http://www.Inibap.org/publications/infomusa/INFO11.1-GB.pdf)) 11 (1):48-50.