



KERAGAMAN GENETIK AREN (*Arenga pinnata* (Wurmb) Merr.) ASAL SEMBILAN DAERAH DI INDONESIA BERDASARKAN MARKA SSR

DIAN YUNITA RINAWATI



PROGRAM STUDI PEMULIAAN DAN BIOTEKNOLOGI TANAMAN
SEKOLAH PASCASARJANA
INSTITUT PERTANIAN BOGOR
BOGOR
2021



@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 mengumunkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.



PERNYATAAN MENGENAI TESIS DAN SUMBER INFORMASI SERTA PELIMPAHAN HAK CIPTA

Dengan ini saya menyatakan bahwa tesis dengan judul Keragaman Genetik Aren (*Arenga pinnata* (Wurmmb) Merr.) Asal Sembilan Daerah di Indonesia Berdasarkan Marka SSR 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 tesis ini.

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

Bogor, Agustus 2021

Dian Yunita Rinawati
A253160441

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.



RINGKASAN

DIAN YUNITA RINAWATI. Keragaman Genetik Aren (*Arenga pinnata* (Wurmb) Merr.) Asal Sembilan Daerah di Indonesia Berdasarkan Marka SSR. Dibimbing oleh SUDARSONO, REFLINUR dan DINY DINARTI.

Aren (*Arenga pinnata* (Wurmb) Merr.) adalah tanaman multiguna yang adaptif terhadap berbagai kondisi lahan dan potensial untuk dikembangkan secara luas karena memiliki nilai ekonomi dan fungsi konservasi. Produk tanaman aren telah dimanfaatkan untuk bahan baku industri. Nira aren selain untuk bahan pembuatan gula juga dimanfaatkan untuk bahan baku industri bioethanol. Ijuk aren sebagai bahan pembuatan biopolimer yang dapat diaplikasikan dalam industri otomotif dan industri kemasan. Pati dari bagian batang pohon aren yang sudah tua dijadikan bahan baku industri pembuatan tepung. Perakaran aren yang lebat memiliki kemampuan yang sangat baik dalam menahan air dan tanah.

Dukungan inovasi teknologi sangat penting untuk mencapai keberhasilan dan keberlanjutan pengembangan aren melalui peningkatan produktivitas tanaman aren. Komponen teknologi yang diperlukan untuk meningkatkan produktivitas tanaman aren antara lain varietas, klon, dan pohon induk unggul yang dihasilkan dari program pemuliaan tanaman. Plasma nutfah sebagai sumber keragaman genetik sangat penting dalam program pemuliaan tanaman. Indonesia menyimpan potensi keragaman genetik tanaman aren yang tinggi, mengingat penyebaran tanaman aren cukup luas di kepulauan Indonesia yang memiliki kondisi geografi berbeda. Informasi keragaman genetik sangat penting dalam menentukan strategi pengelolaan dan pemanfaatan plasma nutfah untuk tujuan pemuliaan tanaman atau untuk program konservasi plasma nutfah itu sendiri.

Penelitian ini bertujuan untuk memperoleh informasi keragaman genetik dan kekerabatan genetik aren yang berasal dari sembilan daerah di Indonesia berdasarkan marka SSR. Penelitian dilaksanakan pada bulan Agustus 2020 sampai dengan Maret 2021. Bahan genetik tanaman dalam penelitian ini terdiri atas 144 aksesi aren dari sembilan daerah, yaitu Bangka (10 aksesi), Lampung (16 aksesi), Lebak (16 aksesi), Bogor (11 aksesi), Tasikmalaya (10 aksesi), Brebes (26 aksesi), Gowa (13 aksesi), Bombana (13 aksesi), dan Muna (29 aksesi). Sampel yang diambil dari setiap aksesi berupa bagian daun tanaman aren. Seleksi terhadap 113 pasang (*forward* + *reverse*) primer SSR dilakukan untuk mendapatkan primer polimorfik. Primer SSR terpilih dari tahap seleksi primer digunakan untuk *genotyping* 144 aksesi aren menggunakan teknik PCR. Data hasil *genotyping* dianalisis untuk mengetahui jumlah alel (N_a), jumlah alel efektif (N_e), heterozigositas observasi (H_o), dan heterozigositas harapan (H_e), persentase keragaman genetik dalam populasi dan antar populasi, jarak genetik antar populasi, nilai PIC (*Polymorphism Information Content*) dan pohon kekerabatan genetik antar aksesi aren.

Hasil penelitian menunjukkan bahwa terdapat dua primer yang informatif untuk studi keragaman genetik aren. Keragaman genetik aren dalam populasi (79%) lebih tinggi dari keragaman genetik antar populasi (21%). Keragaman genetik aren paling tinggi ditunjukkan oleh populasi asal Bangka, sedangkan keragaman genetik paling rendah terdapat pada populasi asal Muna. Jarak genetik paling jauh antara populasi Lampung dan Muna (0,283), dan jarak genetik paling dekat antara populasi Bangka dengan Lebak (0,033). Aren dari sembilan populasi terbagi ke



dalam tiga kelompok besar kekerabatan. Kelompok 1 terdiri atas aksesori populasi Bangka, Lampung, Bogor, Tasikmalaya, Brebes, Gowa, Bombana dan Muna. Kelompok 2 terdiri atas aksesori populasi Bangka, Lampung, Lebak, Bogor, Tasikmalaya, Brebes, dan Gowa. Kelompok 3 terdiri atas aksesori populasi Bangka, Lebak, Brebes, Tasikmalaya, dan Gowa. Seluruh aksesori populasi Muna berada dalam satu kelompok kekerabatan mengindikasikan bahwa *gene flow* sangat terbatas pada populasi Muna. Secara umum, pola pengelompokan aksesori aren pada penelitian ini tidak ditentukan oleh faktor geografis asal aksesori aren.

Kata kunci: aksesori, frekuensi alel, jarak genetik, kekerabatan genetik, polimorfik.

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

DIAN YUNITA RINAWATI. Genetic Diversity of Sugar Palm (*Arenga pinnata* (Wurmb) Merr.) from Nine Regions in Indonesia Based on SSR Markers. Supervised by SUDARSONO, REFLINUR and DINY DINARTI.

Sugar palm (*Arenga pinnata* (Wurmb) Merr.) is a multipurpose plant that is adaptive to various land conditions and has the potential to be widely developed because it has economic value and conservation functions. Sugar palm products have been used as industrial raw materials. The sap of sugar palm used as raw material for the bioethanol industry. Sugar palm fiber used as a material for making biopolymers that can be applied in the automotive industry and packaging industry. Starch from the trunk of an old palm tree is used as raw material for flour-making industry. The thick roots of sugar palm have excellent ability in retaining water and soil.

The support of technological innovation is very important to achieve the success and sustainability of sugar palm development through increasing the productivity of sugar palm plants. The technological components needed to increase the productivity of sugar palm include varieties, clones, and superior parent trees produced from plant breeding programs. Germplasm as a source of genetic diversity is very important in plant breeding programs. Indonesia has a high potential for genetic diversity of sugar palm, considering that the distribution of sugar palm is quite wide in Indonesian archipelago which has different geographical conditions. Information on genetic diversity is very important in determining strategies for managing and utilizing germplasm for plant breeding purposes or for the germplasm conservation program itself.

This study aimed to obtain information on genetic diversity and genetic relationships of sugar palm originating from nine regions in Indonesia based on SSR markers. The study was conducted from August 2020 to March 2021. The genetic material of the plant in this study consisted of 144 accessions of sugar palm from nine regions, namely Bangka (10 accessions), Lampung (16 accessions), Lebak (16 accessions), Bogor (11 accessions), Tasikmalaya (10 accessions), Brebes (26 accessions), Gowa (13 accessions), Bombana (13 accessions), and Muna (29 accessions). Samples were taken from each accession in the form of the leaves of the palm plant. Selection of 113 pairs (forward + reverse) of SSR primers was carried out to obtain polymorphic primers. SSR primers selected from the primer selection stage were used for genotyping 144 sugar palm accessions using PCR technique. The genotyping data were analyzed to determine the number of alleles (Na), the number of effective alleles (Ne), observed heterozygosity (Ho), and expected heterozygosity (He), the percentage of genetic diversity within populations and between populations, genetic distance between populations, and PIC (Polymorphism) values. Information Content) and genetic relationships tree between sugar palm accessions.

The results showed that there were two informative primers for the study of genetic diversity of sugar palm. The genetic diversity of sugar palm within population (79%) is higher than that across populations (21%). The highest and lowest genetic diversity were found in Bangka and Muna populations, respectively. The genetic distance between of Lampung and Muna was the farthest (0,283), while



between of Bangka and Lebak was the closest (0,033). Sugar palm from nine populations was divided into three major relationships groups. Group 1 consisted of accessions from Bangka, Lampung, Bogor, Tasikmalaya, Brebes, Gowa, Bombana and Muna. Group 2 consisted of accessions from Bangka, Lampung, Lebak, Bogor, Tasikmalaya, Brebes, and Gowa. Group 3 consisted of accessions from Bangka, Lebak, Brebes, Tasikmalaya, and Gowa. All accessions of Muna population were in one relationship group indicating that gene flow was very limited in the Muna population. In general, the grouping pattern of sugar palm accessions in this study was not determined by geographic factors from which the accessions originated.

Keywords: accession, allele frequency, genetic distance, genetic relationships, polymorphic.

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 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 2021
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.



@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 mengumunkan dan memperbanyak sebagian atau seluruh karya tulis ini dalam bentuk apapun tanpa izin IPB University.

KERAGAMAN GENETIK AREN (*Arenga pinnata* (Wurmb) Merr.) ASAL SEMBILAN DAERAH DI INDONESIA BERDASARKAN MARKA SSR

DIAN YUNITA RINAWATI

Tesis
sebagai salah satu syarat untuk memperoleh gelar
Magister Sains pada
Program Studi Pemuliaan dan Bioteknologi Tanaman

**PROGRAM STUDI PEMULIAAN DAN BIOTEKNOLOGI TANAMAN
SEKOLAH PASCASARJANA
INSTITUT PERTANIAN BOGOR
BOGOR
2021**



@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.

Tim Penguji pada Ujian Tesis:

1. Dr. Ir. Supijatno, M.Si
2. Dr. Dewi Sukma, S.P, M.Si

Judul Tesis : Keragaman Genetik Aren (*Arenga pinnata* (Wurmb) Merr.)
Asal Sembilan Daerah di Indonesia Berdasarkan Marka SSR
Nama : Dian Yunita Rinawati
NIM : A253160441

Disetujui oleh

Pembimbing 1:
Prof. Dr. Ir. Sudarsono, M.Sc.



Pembimbing 2:
Reflinur, S.P, M.Si, Ph.D.



Pembimbing 3
Dr. Ir. Diny Dinarti, M.Si.



Diketahui oleh

Ketua Program Studi:
Dr. Ir. Yudiwanti Wahyu Endro Kusumo, M.S.
NIP 196311071988112001



Dekan Sekolah Pascasarjana:
Prof. Dr. Ir. Anas Miftah Fauzi, M. Eng.
NIP 196004191985031002



Tanggal Ujian: 9 Agustus 2021

Tanggal Lulus: 13 AUG 2021



PRAKATA

Puji dan syukur penulis panjatkan kepada Allah Subhaanahu wa Ta'aala atas segala karunia-Nya sehingga penulis dapat menyelesaikan tesis yang berjudul "Keragaman Genetik Aren (*Arenga pinnata* (Wurmb) Merr.) Asal Sembilan Daerah di Indonesia Berdasarkan Marka SSR".

Penulis menyampaikan terima kasih kepada:

1. Prof. Dr. Ir. Sudarsono, M.Sc, Reflinur, S.P, M.Si, Ph.D, dan Dr. Ir. Diny Dinarti, M.Si selaku Komisi Pembimbing yang telah memberikan bimbingan, saran, dan motivasi kepada penulis mulai dari prapenelitian sampai dengan terselesaikannya tesis ini,
2. Dr. Ir. Yudiwanti Wahyu Endro Kusumo, M.S, selaku Ketua Program Studi Pemuliaan dan Bioteknologi Tanaman yang telah mengawal dan membantu penulis dalam melewati seluruh tahapan studi,
3. Seluruh staf pengajar pada Program Studi Pemuliaan dan Bioteknologi Tanaman atas ilmu yang telah diberikan kepada penulis,
4. Dr. Ir. Supijatno, M.Si selaku penguji luar komisi pembimbing atas saran untuk perbaikan tesis ini,
5. Bapak dan ibu tercinta, serta keluarga besar penulis atas doa dan motivasi yang diberikan kepada penulis untuk menyelesaikan tesis,
6. Badan Penelitian dan Pengembangan Pertanian (Balitbangtan) atas kesempatan dan dukungan beasiswa yang diberikan kepada penulis untuk menempuh studi di IPB,
7. Balai Besar Penelitian dan Pengembangan Bioteknologi dan Sumber Daya Genetik Pertanian (BB Biogen) yang telah memberi dukungan bahan dan fasilitas laboratorium selama pelaksanaan penelitian,
8. Balai Besar Pengkajian dan Pengembangan Teknologi Pertanian (BBP2TP) atas kesempatan dan dukungan yang diberikan kepada penulis untuk menyelesaikan studi Pascasarjana,
9. Kepala Balai Pengkajian Teknologi Pertanian (BPTP) Kepulauan Bangka Belitung atas dukungan dan motivasi kepada penulis untuk menyelesaikan tesis,
10. Seluruh staf layanan akademik pascasarjana, staf layanan akademik Departemen Agronomi dan Hortikultura, Staf Kepegawaian Balitbangtan, BBP2TP, dan BPTP Kepulauan Bangka Belitung yang telah membantu pengurusan administrasi untuk kelancaran studi penulis,
11. Rekan-rekan penulis pada Program Studi Pemuliaan dan Bioteknologi Tanaman serta pada Subbagian Kepegawaian BBP2TP atas dukungan motivasi untuk penulis dalam menyelesaikan tesis,
12. Rekan-rekan penulis di Laboratorium Biologi Molekuler BB Biogen dan Laboratorium Biologi Molekuler Program Studi Pemuliaan dan Bioteknologi Tanaman atas kerjasama dan bantuan teknis selama pelaksanaan penelitian,

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

Bogor, Agustus 2021

Dian Yunita Rinawati

DAFTAR ISI

DAFTAR TABEL	xii
DAFTAR GAMBAR	xii
I PENDAHULUAN	1
1.1 Latar Belakang	1
1.2 Rumusan Masalah	2
1.3 Tujuan	2
1.4 Manfaat	2
II TINJAUAN PUSTAKA	4
2.1 Tanaman Aren	4
2.2 Pemanfaatan Tanaman Aren	4
2.3 Keragaman Genetik Palma	5
2.4 Marka Genetik	6
2.5 <i>Simple Sequences Repeats</i> (SSR)	8
III METODE	10
3.1 Waktu dan Tempat Penelitian	10
3.2 Bahan Genetik Tanaman	10
3.3 Prosedur Kerja	10
3.3.1 Isolasi DNA genom	10
3.3.2 Seleksi primer dan genotyping	12
3.3.3 Analisis data	14
IV HASIL DAN PEMBAHASAN	15
4.1 Polimorfisme dan Frekuensi Alel	15
4.2 Keragaman Genetik Populasi	16
4.3 Jarak Genetik Populasi dan Kekerabatan Akses	18
V SIMPULAN DAN SARAN	21
5.1 Simpulan	21
5.2 Saran	21
DAFTAR PUSTAKA	22
RIWAYAT HIDUP	26

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	Primer SSR terpilih untuk <i>genotyping</i> aren	15
2	Polimorfisme, frekuensi alel, dan heterozigositas pada sembilan lokus SSR	16
3	Keragaman genetik populasi aren asal sembilan daerah	16
4	Keragaman genetik dalam populasi dan antar populasi aren asal sembilan daerah	18
5	Jarak genetik antar populasi aren asal sembilan daerah	19

DAFTAR GAMBAR

1	Diagram alir penelitian	3
2	Lokasi daerah asal aksesori aren yang digunakan dalam penelitian	10
3	Profil pita DNA beberapa aksesori aren hasil amplifikasi oleh primer AD647 dan AD655	17
4	Profil pita DNA beberapa aksesori aren hasil amplifikasi oleh primer AD299 dan AD499	17
5	Pohon filogenetik aren dari sembilan daerah berdasarkan metode <i>Tree Construction-Neighbour Joining</i>	20