

ANALISIS KERAGAMAN GENETIK DURIAN KURA-KURA (*Durio testudinarius* Becc.) BERDASARKAN MARKA MORFOLOGI, DNA BARCODING DAN SIMPLE SEQUENCE REPEAT

MAHAT MAGANDHI



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



@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.

PERNYATAAN MENGENAI DISERTASI DAN SUMBER INFORMASI SERTA PELIMPAHAN HAK CIPTA

Dengan ini saya menyatakan bahwa disertasi dengan judul “Analisis Keragaman Genetik Durian Kura-kura (*Durio testudinarius* Becc.) Berdasarkan Marka Morfologi, DNA *Barcoding* dan *Simple Sequence Repeat*” 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, Juli 2024

Mahat Magandhi
A263194012



RINGKASAN

MAHAT MAGANDHI. Analisis Keragaman Genetik Durian Kura-kura (*Durio testudinarius* Becc.) Berdasarkan Marka Morfologi, DNA *Barcoding* dan *Simple Sequence Repeat*. Dibimbing oleh SOBIR, DEDED DERAJAT MATRA, YUDIWANTI WAHYU ENDRO KUSUMO dan SUDARMONO.

Durian Kura-kura (*Durio testudinarius* Becc.) merupakan spesies endemik Kalimantan dari famili Malvaceae yang memiliki karakter yang unik dan berbeda dari kerabat durian pada umumnya, yaitu buah muncul pada pangkal batang utama. Karakter ini merupakan sumber genetik yang berpotensi untuk dimanfaatkan dalam perakitan varietas unggul melalui program pemuliaan tanaman. Sedikitnya informasi dan kajian tentang keragaman genetik jenis ini berdampak pada kegiatan konservasi dan pemanfaatan plasma nutfah melalui program pemuliaan tanaman tidak berjalan dengan optimal. Tujuan umum penelitian ini adalah untuk mengkarakterisasi dan menganalisis keragaman genetik Durian Kura-kura berdasarkan pendekatan morfologi dan molekuler menggunakan DNA *barcoding* dan marka *simple sequence repeat* (SSR).

Penelitian ini terdiri atas tiga topik dan empat percobaan. Topik pertama (percobaan pertama) yaitu menganalisis keragaman genetik *D. testudinarius* menggunakan pendekatan karakter morfologi. Percobaan ini menggunakan 50 aksesori dari lima populasi di Kalimantan Barat yaitu Sambas, Landak, Sanggau, Sekadau dan Ketapang. Sebanyak 15 parameter morfologi vegetatif digunakan dalam parameter pada percobaan ini. Dari total parameter uji, sebanyak sembilan parameter menunjukkan keragaman di antara aksesori uji. Karakter tersebut yaitu panjang dan lebar helai daun, rasio panjang-lebar helai daun, permukaan batang, bentuk helaian daun, bentuk ujung dan pangkal daun, tepi helaian daun dan kekilauan permukaan bawah daun. Berdasarkan analisis kluster dengan metode Ward, aksesori-aksesori uji memperlihatkan pengumpul berdasarkan populasi asal masing-masing dan mengelompok menjadi dua grup utama, yaitu grup yang terdiri dari populasi Sekadau, Landak dan Sanggau, dan grup yang terdiri dari populasi Sambas dan Ketapang. Pengelompokan ini mengindikasikan adanya kemiripan di antara populasi uji.

Topik kedua (percobaan kedua) yaitu menganalisis keragaman genetik *D. testudinarius* menggunakan DNA *barcoding*. Sebanyak satu sampel dari masing-masing populasi dilakukan pengurutan DNA berdasarkan marka DNA *barcoding* dari tiga gen kloroplas yaitu *rbcL*, *matK* dan *trnL-trnF intergenic spacer* serta satu wilayah inti *internal transcribed spacer* (ITS). Hasil analisis variasi nukleotida menunjukkan adanya variasi yang rendah dari lima aksesori uji pada tiga gen kloroplas, namun menunjukkan variasi yang tinggi pada wilayah inti ITS. Hal ini membuktikan bahwa genom kloroplas memiliki laju evolusi yang rendah dibandingkan dengan genom inti. Laju evolusi genom kloroplas dan inti berbeda secara signifikan karena beberapa faktor dalam dan luar, termasuk cara pewarisan, laju mutasi, dan tekanan evolusi yang dihadapi. Analisis filogenetik menunjukkan pengelompokan kelima aksesori di satu grup yang sama baik berdasarkan gen kloroplas maupun wilayah inti ITS. Secara umum kelima aksesori memperlihatkan hubungan kekerabatan yang dekat dengan *D. beccarianus*, terlihat dari jarak genetik antar keduanya pada pohon filogenetik.

Topik ketiga (percobaan tiga dan empat) yaitu mengembangkan marka SSR spesifik dan menggunakannya dalam analisis keragaman genetik populasi *D. testudinarius*. Percobaan ketiga menggunakan data pengurutan genom utuh (*whole genome sequencing*/WGS) dari genom *D. testudinarius* hasil teknologi *next generation sequencing* (NGS). Penggalan data SSR menggunakan program MISA dan desain primer memanfaatkan perangkat lunak Primer3 berbasis internet. Sebanyak 20 pasang primer berhasil didesain dan teramplifikasi dengan baik pada sampel DNA genom *D. testudinarius*. Kedua puluh pasang primer baru ini juga diuji dan dapat teramplifikasi pada 19 sampel DNA genom spesies lainnya dari anggota ordo Malvales. Hal ini menunjukkan kedua puluh pasang primer yang baru ini memiliki tingkat transferabilitas yang luas, terutama pada anggota Malvaceae.

Percobaan keempat menggunakan marka SSR spesifik yang telah didesain pada percobaan ketiga untuk menganalisis keragaman genetik pada lima populasi *D. testudinarius*. Pengamatan alel dari semua lokus menggunakan metode *capillary electrophoresis* dan data dianalisis menggunakan perangkat lunak GenAlEx 6.5. Hasil analisis pada percobaan keempat menunjukkan sebanyak 19 dari total 20 primer yang diuji memperlihatkan bentuk polimorfis. Secara umum, kedua puluh lokus menghasilkan 84 alel di 20 aksesori uji, dengan rata-rata 4,2 alel per lokus. Di antara primer yang diuji, sebanyak sembilan primer yaitu P1, P2, P4, P7, P8, P13, P14, P16, dan P17 digolongkan sebagai marka yang sangat informatif ($PIC > 0,5$), sebanyak empat primer yaitu P3, P10, P11 dan P15 ($0,25 > PIC > 0,5$) merupakan marka yang cukup informatif, dan tujuh primer lainnya yaitu P5, P6, P9, P12, P18, P19, dan P20 dikategorikan marka yang kurang informatif ($PIC < 0,25$). Nilai heterozigositas amatan dan nilai heterozigositas harapan dari rata-rata semua populasi masing-masing adalah 0,263 dan 0,268. Berdasarkan jumlah alel dan nilai heterozigositas, populasi Sekadau memiliki keragaman genetik yang tertinggi dibandingkan dengan keempat populasi lainnya dengan jumlah alel sebanyak 2,8 alel per lokus dan nilai heterozigositas amatan (H_o) dan heterozigositas harapan (H_e) rata-rata sebesar masing-masing 0,363 dan 0,453. Namun demikian, populasi Sekadau memperlihatkan rata-rata alel yang teramati dominan dalam bentuk homozigot ($H_o < H_e$). Nilai *polymorphic information content* (PIC) berkisar antara 0,049 hingga 0,869 dengan rata-rata 0,454. Berdasarkan analisis ragam molekuler menunjukkan porsi keragaman di dalam dan antar populasi *D. testudinarius* relatif seimbang, masing-masing sebesar 54 dan 46%. Analisis klaster menggunakan marka SSR menghasilkan dendrogram yang menunjukkan bahwa populasi Landak, Sekadau, dan Sanggau mengelompok pada grup yang sama, sedangkan populasi Sambas dan Ketapang cenderung membentuk kelompok yang berbeda.

Kata kunci: Polimorfik, spesies endemik, sumber daya genetik, variasi nukleotida



SUMMARY

MAHAT MAGANDHI. Genetic Diversity Analysis of Durian Kura-kura (*Durio testudinarius* Becc.) Based on Morphology, DNA Barcoding, and Simple Sequence Repeat Markers. Supervised by SOBIR, DEDEN DERAJAT MATRA, YUDIWANTI WAHYU ENDRO KUSUMO and SUDARMONO.

Durian Kura-kura (*Durio testudinarius* Becc.) is an endemic Kalimantan species from the Malvaceae family with a unique character that is different from its durian relatives in general, namely that the fruit appears at the base of the main stem. Plant breeding programs can potentially utilize this character as a genetic resource to develop superior varieties. The lack of information and studies about this type of genetic diversity has an impact on conservation activities and the use of germplasm in plant breeding programs, which are not running optimally. The general aim of this research is to characterize and analyze the genetic diversity of Durian Kura-kura based on morphological and molecular approaches using DNA barcoding and simple sequence repeat (SSR) markers.

This research consists of three topics and four experiments. The first topic (the first experiment) was analyzing the genetic diversity of *D. testudinarius* using a morphological character approach. This experiment used 50 accessions from five populations in West Kalimantan, namely Sambas, Landak, Sanggau, Sekadau, and Ketapang. This experiment employed a total of 15 vegetative morphology parameters. Out of the total test parameters, nine showed variation among the test accessions. These characters include leaf length and width, leaf length-to-width ratio, trunk surface, leaf blade shape, leaf apex and base shape, leaf blade margin, and leaf lower surface glossiness. Based on cluster analysis using the Ward method, the test accessions showed that they clustered based on their respective populations and were grouped into two main groups, namely the group consisting of the Sekadau, Landak, and Sanggau populations and the group consisting of the Sambas and Ketapang populations. This grouping indicates that there are similarities between the test populations.

The second topic (the second experiment) was analyzing the genetic diversity of *D. testudinarius* using DNA barcoding. A sample from each population was used for DNA sequencing using markers from three chloroplast genes (*rbcL*, *matK*, and *trnL-trnF* intergenic spacers) and one nuclear region of the internal transcribed spacer (ITS). The nucleotide variation analysis results showed that there was low variation in the five test accessions in the three chloroplast genes, but high variation in the ITS region. This proves that the chloroplast genome has a low evolutionary rate compared to the nuclear genome. The rates of evolution of chloroplast and nuclear genomes differ significantly due to several internal and external factors, including mode of inheritance, mutation rate, and evolutionary pressures. Phylogenetic analysis revealed that the five accessions were grouped together based on chloroplast genes and the ITS region. In general, the five accessions show a close relationship with *D. beccarianus*, as seen from the genetic distance between the two on the phylogenetic tree.

The third topic (experiments three and four) involved developing specific SSR markers and using them in the genetic diversity analysis of the *D. testudinarius* population. The third experiment used whole genome sequencing (WGS) data from



the *D. testudinarius* genome produced by next-generation sequencing (NGS) technology. SSR data mining was performed using the MISA program, and primer design was done using the internet-based Primer3 software. A total of 20 pairs of primers were successfully designed and amplified well in *D. testudinarius* genomic DNA samples. These twenty pairs of new primers were also tested and could be amplified in 19 genomic DNA samples from other species in the Malvales order. This shows that these twenty new pairs of primers have a wide level of transferability, especially to members of the Malvaceae.

The fourth experiment analyzed genetic diversity in five populations of *D. testudinarius* using specific SSR markers designed in the third experiment. The capillary electrophoresis method was used to observe alleles from all loci, and GenAEx 6.5 software was used for data analysis. The analysis results for the fourth experiment showed that 19 of the total 20 primers tested had polymorphic forms. In general, the twenty loci produced 84 alleles in the 20 test accessions, with an average of 4.2 alleles per locus. Polymorphic information content (PIC) values ranged from 0.049 to 0.869, with an average of 0.454. Among the primers tested, nine primers, namely P1, P2, P4, P7, P8, P13, P14, P16, and P17, were classified as highly informative markers ($PIC > 0.5$); four primers, namely P3, P10, P11, and P15 ($0.25 > PIC > 0.5$), are quite informative markers; and the other seven primers, namely P5, P6, P9, P12, P18, P19, and P20, are categorized as less informative markers ($PIC < 0.25$). The observed and expected heterozygosity values of the average of all populations are 0.263 and 0.268, respectively. Based on the number of alleles and heterozygosity values, the Sekadau population has the highest genetic diversity compared to the other four populations, with a total of 2.8 alleles per locus and an average observed heterozygosity (H_o) and expected heterozygosity (H_e) value of 0.363 each and 0.453, respectively. However, the Sekadau population had an average of alleles that were observed to be dominant in homozygous form ($H_o < H_e$). According to molecular variance analysis, the diversity within and between *D. testudinarius* populations is relatively balanced, at 54 and 46%, respectively. Cluster analysis using SSR markers produced a dendrogram showing that the Landak, Sekadau, and Sanggau populations clustered in the same group, while the Sambas and Ketapang populations tended to form different groups.

Keywords: Endemic species, genetic resources, nuclotide variation, 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 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 KERAGAMAN GENETIK DURIAN KURA-KURA
(*Durio testudinarius* Becc.) BERDASARKAN MARKA
MORFOLOGI, DNA *BARCODING* DAN *SIMPLE SEQUENCE
REPEAT***

MAHAT MAGANDHI

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**



@Hak cipta milik IPB University

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.

Penguji Luar Komisi Pembimbing pada Ujian Tertutup Disertasi:

1. Dr. Willy Bayuardi Suwarno, S.P., M.Si.
2. Dr. Arya Widura Ritonga, S.P., M.Si.

Promotor Luar Komisi Pembimbing pada Sidang Promosi Terbuka Disertasi:

1. Dr. Arya Widura Ritonga, S.P., M.Si.
2. Yayan Wahyu Candra Kusuma, Ph.D.



Judul Disertasi : Analisis Keragaman Genetik Durian Kura-kura (*Durio testudinarius* Becc.) Berdasarkan Marka Morfologi, DNA *Barcoding* dan *Simple Sequence Repeat*

Nama : Mahat Magandhi
NIM : A263194012

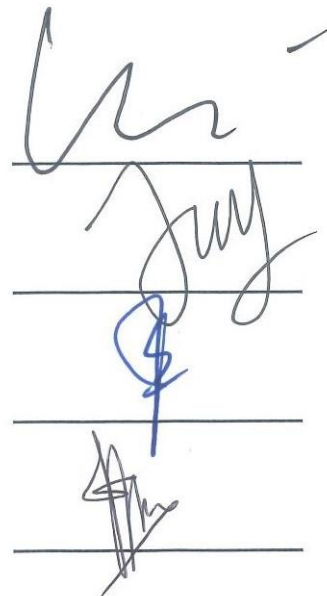
Disetujui oleh

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

Pembimbing 2:
Dr. Deden Derajat Matra, S.P., M.Agr.

Pembimbing 3:
Dr. Ir. Yudiwanti Wahyu Endro Kusumo, M.S.

Pembimbing 4:
Dr. Ir. Sudarmono, M.Sc.



Diketahui oleh

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

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



Tanggal Ujian: 4 Juli 2024

Tanggal Lulus:

31 JUL 2024



@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.

PRAKATA

Puji dan syukur penulis panjatkan kepada Allah *subhanaahu wa ta'ala* atas segala karunia-Nya sehingga karya ilmiah ini dapat diselesaikan. Tema yang dipilih dalam penelitian yang dilaksanakan sejak bulan Februari 2020 sampai bulan Desember 2023 ini ialah keragaman genetik Durian Kura-kura dengan judul “Analisis Keragaman Genetik Durian Kura-kura (*Durio testudinarius* Becc.) Berdasarkan Marka Morfologi, DNA *Barcoding* dan *Simple Sequence Repeat*”.

Penulis dapat melalui tahapan studi doktoral hingga titik ini tak lepas dari dukungan, semangat dan doa-doa terbaik dari berbagai pihak. Oleh karena itu, penulis ingin menyampaikan ucapan terimakasih yang sebesar-besarnya kepada:

1. Prof. Dr. Ir. Sobir, M.Si., Dr. Deden Derajat Matra, S.P., M.Agr., Dr. Ir. Yudiwanti Wahyu E. K., M.S., dan Dr. Ir. Sudarmono, M.Sc. selaku komisi pembimbing yang telah membimbing, memberi saran dan arahan dalam penyusunan disertasi ini.
2. Dr. Willy Bayuardi Suwarno S.P., M.Si. pada sidang tertutup, Yayan Wahyu Candra Kusuma, Ph.D pada sidang promosi terbuka, serta Dr. Arya Widura Ritonga, S.P., M.Si. yang telah berkenan menjadi penguji luar komisi pada sidang tertutup dan sidang promosi terbuka.
3. Muhammad Imam Surya, Ph.D. selaku Plt. Kepala Pusat Riset Botani Terapan, BRIN yang telah memberikan dukungan dan perizinannya kepada penulis dalam melanjutkan studi doktoral ini.
4. Bappeda Kabupaten Sambas c.q. UPTD Kebun Raya Sambas, Dinas Lingkungan Hidup dan Kehutanan Kalimantan Barat, dan Taman Nasional Gunung Palung yang telah memberikan izin dalam pengamatan dan pengambilan sampel.
5. Bang Iwan, Hadni, dan Vian yang telah banyak membantu dalam pengambilan sampel di Kebun Raya Sambas dan mencari lokasi habitat hingga jauh ke Sekadau. Pak Endro, bang Ujang dan bang Andre yang telah menemani pengamatan di kawasan TN Gunung Palung.
6. Keluarga besar di Lampung, Depok dan Bandung, paman, bibi, kakak, adik, sepupu dan keluarga lainnya, terimakasih atas dukungan dan do'anya. Istriku Ireta Linska Dewi dan anakku Yahya Ayyasy Syuhada, yang sudah memberikan dukungan dan do'a yang terbaik dan menjadi inspirasi untuk tetap bersemangat dalam menyelesaikan studi ini. Dan terkhusus untuk Mama dan Papa (almarhum), terimakasih yang tak terhingga atas do'a terbaiknya, sudah mengantarkan ananda mencapai di titik ini. Disertasi ini ananda persembahkan untuk Mama dan Papa (almarhum).
7. Semua pihak yang telah membantu baik langsung maupun tidak langsung selama usulan, perencanaan, pelaksanaan, hingga disertasi ini dapat diselesaikan.

Semoga karya ilmiah ini dapat memberikan manfaat bagi pihak yang membutuhkan dan bagi kemajuan ilmu pengetahuan.

Bogor, Juli 2024

Mahat Magandhi
A263194012



DAFTAR ISI

DAFTAR TABEL	xiv
DAFTAR GAMBAR	xiv
DAFTAR LAMPIRAN	xv
PENDAHULUAN	1
1.1 Latar Belakang	1
1.2 Rumusan Masalah	2
1.3 Tujuan	3
1.4 Manfaat	3
1.5 Ruang Lingkup	3
1.6 Kebaruan (<i>Novelty</i>)	3
1.7 Hipotesis	4
II TINJAUAN PUSTAKA	6
2.1 Keragaman Spesies Durian (<i>Durio spp.</i>) di Kalimantan	6
2.2 Klasifikasi dan Morfologi Durian Kura-kura	6
2.3 DNA <i>Barcoding</i>	7
2.4 Marka Molekuler	8
2.5 Marka SSR untuk Spesies Durian	9
III ANALISIS KERAGAMAN GENETIK DURIAN KURA-KURA (<i>Durio testudinarius</i> Becc.) BERDASARKAN MARKA MORFOLOGI	10
3.1 Abstrak	10
3.2 Pendahuluan	10
3.3 Metode Penelitian	11
3.4 Hasil dan Pembahasan	13
3.5 Simpulan	17
IV ANALISIS DNA <i>BARCODING</i> DURIAN KURA-KURA (<i>Durio testudinarius</i> Becc.) ASAL KALIMANTAN BARAT	18
4.1 Abstrak	18
4.2 Pendahuluan	19
4.3 Metode Penelitian	20
4.4 Hasil dan Pembahasan	22
4.5 Simpulan	29
V PENGEMBANGAN MARKA SSR SPESIFIK DURIAN KURA-KURA (<i>Durio testudinarius</i> Becc.)	30
5.1 Abstrak	30
5.2 Pendahuluan	31
5.3 Metode Penelitian	31
5.4 Hasil dan Pembahasan	33
5.5 Simpulan	41
VI ANALISIS KERAGAMAN GENETIK POPULASI DURIAN KURA-KURA (<i>Durio testudinarius</i> Becc.) MENGGUNAKAN MARKA SSR	42
6.1 Abstrak	42
6.2 Pendahuluan	43



6.3	Metode Penelitian	43
6.4	Hasil dan Pembahasan	45
6.5	Simpulan	51

VII PEMBAHASAN UMUM	52
---------------------	----

V SIMPULAN DAN SARAN	55
5.1 Simpulan	55
5.2 Saran	55

DAFTAR PUSTAKA	56
----------------	----

LAMPIRAN	64
----------	----

RIWAYAT HIDUP	74
---------------	----



DAFTAR TABEL

1	Informasi sampel penelitian di lima populasi	12
2	Karakter morfologi <i>D. testudinarius</i> pada lima populasi di Kalimantan Barat	15
3	Informasi primer yang digunakan pada analisis DNA <i>barcoding</i>	21
4	Komposisi nukleotida empat marka DNA <i>barcoding</i> pada lima aksesori <i>D. testudinarius</i>	23
5	Variasi nukleotida dari tiga marka gen kloroplas pada lima aksesori <i>D. testudinarius</i>	23
6	Variasi nukleotida dari wilayah inti DNA <i>internal transcribed spacer</i> (ITS) pada lima aksesori <i>D. testudinarius</i>	24
7	Hasil pencarian mikrosatelit menggunakan program MISA	34
8	Urutan SSR terpilih <i>D. testudinarius</i> yang disimpan di repositori DDBJ	36
9	Informasi 20 kandidat pasangan primer SSR	37
10	Jumlah dan ukuran alel 20 primer yang diuji pada sampel 1 dan 2 DNA genom <i>D. testudinarius</i>	39
11	Transferabilitas marka SSR pada Ordo Malvales	40
12	Informasi pengelompokan 20 pasang primer pada PCR <i>multiplex</i> yang digunakan pada percobaan analisis keragaman populasi <i>D. testudinarius</i>	44
13	Ukuran dan frekuensi alel dari 20 lokus yang dianalisis pada 20 aksesori <i>D. testudinarius</i>	46
14	Keragaman genetik 20 lokus SSR pada lima populasi <i>D. testudinarius</i>	48

DAFTAR GAMBAR

1	Diagram alir penelitian analisis keragaman genetik Durian Kura-kura (<i>D. testudinarius</i> Becc.) berdasarkan marka morfologi dan molekuler	5
2	Penampakan Durian Kura-kura (<i>D. testudinarius</i> Becc.)	7
3	Peta lokasi pengambilan sampel dan pengamatan morfologi di Kalimantan Barat	12
4	Analisis komponen utama lima populasi <i>D. testudinarius</i> berdasarkan karakter morfologi	16
5	Dendrogram analisis kluster 50 aksesori <i>D. testudinarius</i> berdasarkan karakter morfologi menggunakan metode pengelompokan Ward	17
6	Pohon filogenetik menggunakan metode Maximum Likelihood dengan bootstrap 1.000 ulangan berdasarkan gen <i>rbcL</i> (A) dan <i>matK</i> (B)	26
7	Pohon filogenetik menggunakan metode Maximum Likelihood dengan bootstrap 1.000 ulangan berdasarkan wilayah <i>trnL-trnF intergenic spacer</i> (A) dan inti ITS (B)	27
8	Proporsi enam tipe pengulangan mikrosatelit	34
9	Distribusi tipe mikrosatelit mayor	35
10	Visualisasi amplikon pada 1,5% gel agarosa berpewarna <i>GelRed</i> menggunakan perangkat Axygen® Gel Documentation System	38

11	Visualisasi amplikon pada uji transferabilitas marka pada 3% gel agarosa berperwarna GelRed menggunakan perangkat Axygen® Gel Documentation System	41
12	Persentase keragaman molekuler kelima populasi berdasarkan 20 lokus marka SSR	49
13	Analisis koordinat utama (PCoA) aksesori <i>D. testudinarius</i> menggunakan 20 lokus SSR	50
14	Dendrogram untuk analisis klaster 20 aksesori <i>D. testudinarius</i> menggunakan metode Ward <i>clustering</i> berdasarkan marka SSR	50
15	Dendrogram untuk analisis klaster 20 aksesori <i>D. testudinarius</i> menggunakan metode pengelompokan Ward berdasarkan gabungan karakter morfologi dan marka SSR	54
16	Peta wilayah Kalimantan Barat dengan gambaran pengelompokan populasi berdasarkan gabungan karakter morfologi dan marka SSR	54

DAFTAR LAMPIRAN

1	Karakterisasi morfologi durian berdasarkan deskriptor durian	65
2	Variasi bentuk dan ukuran daun beberapa sampel <i>D. testudinarius</i> pada lima populasi uji	68
3	Analisis ragam enam karakter kuantitatif 50 aksesori <i>D. testudinarius</i> pada lima populasi uji	70
4	<i>Output</i> analisis komponen utama (PCA) 12 karakter morfologi 50 aksesori <i>D. testudinarius</i> pada lima populasi uji	71
5	Spesimen dan nomor aksesori dari urutan DNA <i>barcoding</i> sampel yang disimpan pada Bank Gen NCBI	72
6	Set data DNA <i>barcoding</i> yang diakses dari Bank Gen NCBI yang digunakan dalam penelitian analisis filogenetik	73



@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.