

KOMPARATIF GENOMIK cpDNA DAN KERAGAMAN AREN INDONESIA BERDASARKAN MARKA MOLEKULER BERBASIS GENOM KLOROPLAS

RIZQIA NURUL ALFIYANITA



**PROGRAM STUDI PEMULIAAN DAN BIOTEKNOLOGI TANAMAN
FAKULTAS PERTANIAN
INSTITUT PERTANIAN BOGOR
BOGOR
2025**



- 

PERNYATAAN MENGENAI TESIS DAN SUMBER INFORMASI SERTA PELIMPAHAN HAK CIPTA

Dengan ini saya menyatakan bahwa tesis dengan judul “Komparatif Genomik cpDNA Dan Keragaman Aren Indonesia berdasarkan Marka Molekuler berbasis Genom Kloroplas” 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, November 2025

Rizqia Nurul Alfiyanita
A2503231002



RINGKASAN

RIZQIA NURUL ALFIYANITA. Komparatif Genomik cpDNA Dan Keragaman Aren Indonesia berdasarkan Marka Molekuler berbasis Genom Kloroplas. Dibimbing oleh SUDARSONO, DEWI SUKMA, dan MEGAYANI SRI RAHAYU.

Arenga pinnata merupakan tanaman palma yang bernilai ekonomi dan memiliki distribusi luas di Indonesia. Distribusi aren yang luas mengindikasikan adanya keragaman genetik yang tinggi dalam populasinya. Potensi keragaman genetik tinggi ini masih belum tervalidasi karena minimnya penelitian tentang keragaman genetik aren, padahal keragaman ini penting untuk program konservasi dan pemuliaan, khususnya dalam pengembangan varietas unggul. Pendekatan yang menjanjikan dalam studi genetik, salah satunya menggunakan marka molekuler berbasis genom kloroplas (cpDNA). cpDNA memiliki karakteristik pewarisan maternal, memiliki tingkat konservasi gen tinggi, dan relatif stabil terhadap rekombinasi. Variasi yang ada di cpDNA, seperti *Single Nucleotide Polymorphism* (SNP), dapat dimanfaatkan untuk merancang marka molekuler yang spesifik, efisien, dan aplikatif untuk identifikasi keragaman antarvarietas. Marka yang dikembangkan berbasis SNP disebut marka *Single Nucleotide Amplified Polymorphism* (SNAP).

Penelitian ini bertujuan untuk menganalisis variasi struktur dan fungsi cpDNA pada tiga genotipe aren, merancang marka SNAP dari cpDNA, dan mengevaluasi keragaman genetik aren Indonesia berdasarkan marka SNAP yang telah dikembangkan. Tiga cpDNA aren dibandingkan untuk mengidentifikasi perbedaan struktur, kandungan gen, distribusi *simple sequence repeat*, serta variasi pada wilayah *large single copy*, *small single copy*, dan *inverted repeat*. SNP yang terdeteksi digunakan untuk merancang primer dan diuji pada 60 aksesori aren yang berasal dari berbagai wilayah di Indonesia.

Metodologi penelitian mencakup karakterisasi cpDNA dari tiga genotipe aren, kemudian dilakukan analisis komparatif. Analisis komparatif dilakukan dengan menganalisis keragaman struktur, kandungan gen, kandungan GC, analisis penggunaan kodon, analisis daerah perbatasan IR, dan analisis filogenetik. Analisis lebih lanjut dilakukan dengan mengidentifikasi keragaman SNP dan InDel di dalam genom, kemudian dilakukan pengembangan marka SNAP dan dievaluasi pada 60 aksesori aren Indonesia. Validasi keragaman aren dianalisis menggunakan jejaring haplotipe dan studi filogenetik.

Hasil analisis komparatif cpDNA tiga genotipe aren menunjukkan struktur kuadripartit khas tumbuhan darat, dengan panjang total berkisar 159.598–159.807 bp dan terdiri atas 113 gen, termasuk 79 gen penyandi protein, 30 tRNA, dan 4 rRNA. Kandungan AT tinggi mendominasi semua wilayah, dengan preferensi kodon terhadap ujung A/T. Gen *ycf1* teridentifikasi sebagai hotspot mutasi dengan jumlah SNP tertinggi. Mikrosatelit tersebar luas, terutama di wilayah LSC, dan didominasi oleh motif mononukleotida A/T. Variasi batas IR menunjukkan adanya ekspansi dan kontraksi minor yang memengaruhi posisi gen *rps19*, *ndhF*, dan *ycf1*. Pohon filogenetik berbasis cpDNA menunjukkan ketiga genotipe membentuk satu klade monofiletik dengan dukungan bootstrap 100%, berkerabat dekat dengan spesies *Arenga* lainnya.

Ditemukan total 64 SNP yang tersebar di seluruh wilayah genom, sebagian besar berada pada daerah intergenik dan beberapa pada gen pengkode protein. Sebanyak enam pasang primer SNAP berhasil dirancang, dengan sebagian menunjukkan polimorfisme yang konsisten pada aksesori yang diuji. Data hasil amplifikasi dikonversi menjadi format biner untuk dianalisis lebih lanjut. Analisis jejaring haplotipe mengungkap keberadaan 15 haplotipe berbeda yang selanjutnya dikelompokkan menjadi tiga klaster utama pada analisis filogenetik. HAP-15, yang berada pada klaster I, merupakan haplotipe yang paling dominan, diikuti oleh HAP-1 dalam Klaster II. Klaster III menunjukkan keberadaan aksesori yang paling sedikit namun memiliki posisi evolusioner penting karena berdekatan dengan titik median.

Penelitian ini menghasilkan temuan baru berupa karakteristik awal variasi cpDNA aren Indonesia, pengembangan marka SNAP berbasis cpDNA, serta pemetaan keragaman genetik aren Indonesia menggunakan marka tersebut. Temuan ini berimplikasi langsung pada strategi konservasi dan pemuliaan, karena marka yang dihasilkan dapat digunakan untuk identifikasi varietas, pemantauan keanekaragaman genetik, dan perencanaan persilangan yang terarah. Hasil penelitian ini memberikan landasan ilmiah yang kuat untuk pengelolaan plasma nutfah aren secara berkelanjutan serta pengembangan varietas unggul di masa depan.

Kata kunci: *Arenga pinnata*, cpDNA, filogenetik, haplotipe, keragaman genetik, komparatif genomik, marka SNAP, SNP.

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

RIZQIA NURUL ALFIYANITA. Comparative Genomic of cpDNA and Diversity of Indonesian Sugar Palm using Molecular Marker based on Chloroplast Genome. Supervised by SUDARSONO, DEWI SUKMA, and MEGAYANI SRI RAHAYU.

Arenga pinnata represents an economically significant palm with broad geographic distribution across Indonesia. Its extensive distribution suggests the presence of substantial genetic diversity within natural populations. Nevertheless, the assumption of high genetic variability has not been sufficiently validated, owing to the scarcity of studies on the genetic diversity of sugar palm, despite its critical role in conservation initiatives and breeding programs, especially for the improvement of elite cultivars. A promising strategy for genetic research involves the application of molecular markers derived from the chloroplast genome (cpDNA), which is maternally inherited, highly conserved, and relatively stable against recombination. Variations within cpDNA, including Single Nucleotide Polymorphisms (SNPs), can be explored to develop precise, efficient, and practical molecular markers for assessing intervarietal diversity.

The objective of this research is to investigate structural and functional variations of cpDNA across three sugar palm varieties, to design SNP-based markers from cpDNA, and to assess the genetic diversity of Indonesian sugar palm using the developed markers. Comparative analysis of three sugar palm cpDNAs was performed to detect differences in genome structure, gene composition, distribution of simple sequence repeats, and variation in the large single copy, small single copy, and inverted repeat regions. The identified SNPs served as the basis for primer design, which was subsequently tested on 60 sugar palm accessions representing diverse regions of Indonesia.

The methodological framework encompassed cpDNA characterization of the three sugar palm varieties, followed by comprehensive comparative analyses. These comparative analyses comprised evaluations of structural variation, gene content, GC composition, codon usage bias, IR boundary dynamics, and phylogenetic relationships. Additional analyses included the identification of SNP and InDel diversity across the genome, subsequent development of SNAP markers, and their evaluation across 60 Indonesian sugar palm accessions. The validation of genetic diversity in sugar palm was achieved through haplotype network reconstruction and phylogenetic analyses.

The comparative cpDNA analysis of the three sugar palm varieties confirmed the quadripartite structure characteristic of terrestrial plants, with a genome length ranging from 159,598 to 159,807 bp and containing 113 genes, including 79 protein-coding genes, 30 tRNAs, and 4 rRNAs. Elevated AT content was predominant across all regions, with codon usage biased toward A/T terminals. The *ycf1* gene was identified as a mutational hotspot, harboring the greatest number of SNPs. Microsatellites were extensively distributed, particularly within the LSC region, and were predominantly composed of A/T mononucleotide motifs. Variability in the IR boundaries revealed minor expansions and contractions that influenced the positions of the *rps19*, *ndhF*, and *ycf1* genes. Phylogenetic analysis based on cpDNA demonstrated that the three varieties constitute a strongly

supported monophyletic clade (100% bootstrap), closely allied with other *Arenga* species.

A total of 64 SNPs were distributed across genomic regions, predominantly in intergenic regions and partially within protein-coding genes. Six single nucleotide amplified polymorphism (SNAP) primer pairs were successfully developed, with several exhibiting consistent polymorphic patterns across the analyzed accessions. The resulting amplification data were transformed into binary matrices for downstream analyses. Haplotype network reconstruction identified 15 distinct haplotypes, which were subsequently clustered into three major groups in the phylogenetic analysis. HAP-15, belonging to Cluster I, emerged as the most dominant haplotype, followed by HAP-1 within Cluster II. In contrast, Cluster III contained the smallest number of accessions but occupied a critical evolutionary position due to its closeness to the median node.

This study produced novel insights, including the initial characterization of cpDNA variation in Indonesian sugar palm, the development of cpDNA-based SNAP markers, and the genetic diversity mapping of Indonesian sugar palm using these markers. The outcomes have direct implications for both conservation and breeding strategies, as the generated markers enable varietal identification, genetic diversity assessment, and the design of targeted cross-breeding schemes. Consequently, the findings establish a robust scientific basis for the sustainable management of sugar palm germplasm and the future development of improved cultivars.

Keywords: *Arenga pinnata*, cpDNA, comparative genomics, genetic diversity, haplotypes, phylogenetics, SNP, SNAP markers.



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 2025¹
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.

KOMPARATIF GENOMIK cpDNA DAN KERAGAMAN AREN INDONESIA BERDASARKAN MARKA MOLEKULER BERBASIS GENOM KLOROPLAS

RIZQIA NURUL ALFIYANITA

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

**PROGRAM STUDI PEMULIAAN DAN BIOTEKNOLOGI TANAMAN
FAKULTAS PERTANIAN
INSTITUT PERTANIAN BOGOR
BOGOR
2025**



@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. Diny Dinarti, M.Si.
- 2 Dr. Ir. Yudiwanti Wahyu E.K., M.S.



Judul Tesis : Komparatif Genomik cpDNA dan Keragaman Aren Indonesia
berdasarkan Marka Molekuler berbasis Genom Kloroplas

Nama : Rizqia Nurul Alfiyanita
NIM : A2503231002

@Hak cipta milik IPB University

Disetujui oleh

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

Pembimbing 2:
Prof. Dr. Dewi Sukma, S.P., M.Si.

Pembimbing 3:
Dr. Ir. Megayani Sri Rahayu, M.S.

Diketahui oleh

Ketua Program Studi:
Prof. Dr. Dewi Sukma, S.P., M.Si.
NIP 197004041997022001

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

Tanggal Ujian: 19 September 2025

Tanggal Lulus: 07 NOV 2025



- 

PRAKATA

Puji dan syukur penulis panjatkan kepada Allah subhanaahu wa ta'ala atas segala karunia-Nya sehingga tesis dengan judul “Komparatif Genomik cpDNA dan Keragaman Aren Indonesia berdasarkan Marka Molekuler berbasis Genom Kloroplas” yang dilaksanakan sejak bulan September 2024 sampai bulan Juli 2025 dapat diselesaikan dengan baik. Penulis mengucapkan terima kasih dan penghargaan kepada:

1. Prof. Dr. Ir. Sudarsono, M.Sc., Prof. Dr. Dewi Sukma, S.P., M.Si., dan Dr. Ir. Megayani Sri Rahayu, M.S. selaku komisi pembimbing yang telah memberikan arahan, bimbingan, motivasi, serta waktu dan pemikiran selama proses perkuliahan, penyusunan proposal, publikasi, hingga penyelesaian tesis ini.
2. Lembaga Pengelola Dana Pendidikan atas bantuan dana selama menempuh pendidikan magister.
3. Dosen moderator seminar proposal dan seminar hasil Prof. Dr. Ir. Satriyas Ilyas, M.S., serta dosen penguji ujian tesis Dr. Ir. Diny Dinarti, M.Si., dan Dr. Ir. Yudiwanti Wahyu E.K., M.S., yang telah memberikan saran dan masukan dalam perbaikan tesis.
4. Dosen dan Tenaga Kependidikan Sekolah Pascasarjana Program Studi Pemuliaan dan Bioteknologi Tanaman atas segala ilmu yang diberikan kepada penulis.
5. Bapak Redi Aditama yang telah memberikan arahan dan bimbingan dalam proses analisis data hasil percobaan.
6. Bapak Moh. Imron, Ibu Sulastri, adik Faradillah Sania Kusuma Putri dan adik Nuzulia Salsabillah Putri Imro'ati, serta seluruh keluarga besar yang senantiasa memberikan doa, dukungan, dan kasih sayang yang tiada henti.
7. Staff laboratorium PMB 1, Ibu Susilowati dan Bapak Agus beserta rekan-rekan laboratorium PMB 1: Kak Gita, Sachio, Satriyo, Kak Umi, dan Ali atas segala bantuan dan dukungan selama proses penelitian.
8. Sahabat-sahabat yang telah banyak memberikan waktu, dukungan, dan motivasi dalam penyelesaian tesis ini: Kak Indah, Kak Fajar, Firman, Reza, Zuhro, dan Zendi.
9. Sahabat-sahabat seperjuangan selama menempuh pendidikan S2 serta keluarga besar Pascasarjana PBT Ganjil 2023.

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

Bogor, November 2025

Rizqia Nurul Alfiyanita



@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.

DAFTAR ISI

DAFTAR TABEL	xiv
DAFTAR GAMBAR	xiv
DAFTAR LAMPIRAN	xv
I 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 Hipotesis	3
II TINJAUAN PUSTAKA	5
2.1 Aren	5
2.2 Pemanfaatan Tanaman Aren	5
2.3 Genom Kloroplas	6
2.4 Komparatif Genomik	7
2.5 Marka Molekuler	8
2.6 SNP dan Marka SNAP	8
2.7 Marka InDel	9
III ANALISIS KOMPARATIF STRUKTUR GENOM KLOROPLAS TANAMAN AREN INDONESIA	10
3.1 Abstrak	10
3.2 Pendahuluan	11
3.3 Bahan dan Metode	12
3.4 Hasil dan Pembahasan	13
3.5 Simpulan	23
IV EVALUASI KERAGAMAN GENETIK AREN INDONESIA BERDASARKAN MARKA SNAP BERBASIS GENOM KLOROPLAS	25
4.1 Abstrak	25
4.2 Pendahuluan	26
4.3 Bahan dan Metode	27
4.4 Hasil dan Pembahasan	30
4.5 Kesimpulan	38
V PEMBAHASAN UMUM	39
VI SIMPULAN DAN SARAN	41
6.1 Simpulan	41
6.2 Saran	41
DAFTAR PUSTAKA	42
LAMPIRAN	50
RIWAYAT HIDUP	65

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	Karakteristik cpDNA tiga genotipe aren	14
2	Jumlah gen dalam cpDNA aren	15
3	Fungsi gen dalam cpDNA aren NC_045907	16
4	Pengelompokan gen dengan jumlah produk dan jumlah copy tiga genotipe aren	17
5	Persebaran SNP dalam cpDNA tiga genotipe aren	31
6	Daftar primer SNAP yang dikembangkan dari cpDNA tiga genotipe aren	32

DAFTAR GAMBAR

1	Diagram alir penelitian	4
2	Peta cpDNA aren NC_045907	14
3	Frekuensi penggunaan kodon pada cpDNA tiga genotipe aren	18
4	Nilai RSCU pada cpDNA tiga genotipe aren	18
5	Komposisi nukleotida pada LSC, SSC, dan IR dari cpDNA tiga genotipe aren	19
6	Persentase nukleotida pada LSC, SSC, dan IR dari cpDNA tiga genotipe aren	20
7	Perbandingan posisi batas LSC, SSC, dan IR pada cpDNA tiga genotipe aren	20
8	Perbandingan SSR pada cpDNA tiga genotipe aren. (a) Jumlah SSR berdasarkan motif. (b) Proporsi motif SSR. (c) Distribusi SSR pada wilayah LSC, SSC, dan IR. (d) Frekuensi SSR mononukleotida	21
9	Plot Circos berdasarkan hasil <i>alignment</i> cpDNA tiga genotipe aren. Titik dalam ring menunjukkan letak variasi dalam cpDNA. Ring “a-e” menunjukkan variasi yang secara berurutan meliputi distribusi substitusi, SNP, insersi, delesi, dan mikrosatelit (SSR). Ring “f” merupakan <i>coding sequence</i> dan ring “g” adalah posisi gen dalam genom. Lingkaran terluar menunjukkan struktur kuadripartit yang terdiri atas daerah LSC, SSC, dan IR.	22
10	Pohon filogenetik menggunakan data sekuens cpDNA	24
11	Peta lokasi pengambilan sampel aren di Indonesia. A. Tanah Datar, B. Bengkulu, C. Lahat, D. Banten, E. Bogor, F. Bandung Barat, G. Tasikmalaya, H. Pangandaran, I. Gunung Kidul, J. Gresik, K. Malang, L. Probolinggo, M. Lombok Utara, N. Kutai Timur, O. Bau-Bau.	28
12	Persentase SNP dan InDel pada cpDNA tiga genotipe aren	30
13	Visualisasi hasil amplifikasi alel menggunakan primer SNAP 18492. Produk PCR dielektroforesis menggunakan gel agarose 1% dalam buffer natrium borat, dengan pewarnaan menggunakan 0,5 µL GelRed TM. Proses elektroforesis dijalankan pada tegangan konstan 100 V selama 30 menit. Kolom 1-3 menunjukkan aksesori aren asal Probolinggo; 4-6: aksesori Bogor; 7-9: aksesori Gunung Kidul; 10-12:	

aksesi Bengkulu. R: Alel referensi; A: Alel alternatif; M: marker DNA 50 bp.

- 14 Representasi data biner hasil skoring alel marka SNAP berdasarkan pola amplikon yang dihasilkan dari PCR menggunakan pasangan primer Reference dan Reverse serta primer Alternate dan Reverse untuk masing-masing lokus marka SNAP. 34
- 15 Konstruksi jejaring haplotipe dari 60 aksesii aren berdasarkan marka SNAP yang menghasilkan 15 haplotipe (HAP-1 hingga HAP-15). Garis hitam horizontal menunjukkan perbedaan SNP antar haplotipe dan titik merah menunjukkan *median vectors*. 35
- 16 Distribusi geografis haplotipe di 15 lokasi di Indonesia, yaitu: A. Tanah Datar, B. Bengkulu, C. Lahat, D. Banten, E. Bogor, F. Bandung Barat, G. Tasikmalaya, H. Pangandaran, I. Gunung Kidul, J. Gresik, K. Malang, L. Probolinggo, M. Lombok Utara, N. Kutai Timur, O. Bau-Bau. Warna pada lingkaran menunjukkan kelompok haplotipe, sedangkan diameter lingkaran merepresentasikan jumlah aksesii di setiap lokasi. 36
- 17 Analisis filogenetik 15 haplotipe menggunakan metode Weighted Neighbor-Joining dengan replikasi bootstrap 1000. Cabang dan tulisan berwarna menunjukkan kelompok haplotipe dengan jumlah aksesii lebih dari 1 38

DAFTAR LAMPIRAN

- 1 Peta cpDNA pada aren Akel Toumuung 51
- 2 Peta cpDNA pada aren Genjah Kutai Timur 52
- 3 Panjang exon-intron dari gen yang teridentifikasi pada cpDNA tiga genotipe aren 53
- 4 Fungsi gen pada cpDNA aren Akel Toumuung 54
- 5 Fungsi gen pada cpDNA aren Genjah Kutai Timur 55
- 6 Jumlah kodon 56
- 7 Nilai RSCU 58
- 8 Jumlah dan persentase basa 60
- 9 Titik SNP berdasarkan hasil *Multiple Alignment* 61
- 10 Validasi enam primer SNAP menggunakan Geneious Prime 62
- 11 Skoring uji validasi primer SNAP 63



- 