

**ANALISIS KEANEKARAGAMAN GENETIK TIGA POPULASI MATOA
(*Pometia pinnata* Forst & Forst) BERDASARKAN PENANDA RAPD
(*Random Amplified Polymorphic DNA*)**

Genetic Diversity Analysis of Three Matoa Populations (*Pometia pinnata* Forst & Forst) Based on RAPD Markers (Random Amplified Polymorphic DNA)

Dwi Wulan^{1)*}, Dewi Indriyani Roslim²⁾, Adiwirman³⁾

¹⁾Megister Ilmu Pertanian Fakultas Pertanian Universitas Riau

²⁾FMIPA Universitas Riau

Kampus Bina Widya Km 12,5 Simpang Baru Pekan Baru 29293

Corresponding author e-mail: dwiwulan898@gmail.com

[Diterima: Juli 2024; Disetujui: Agustus 2024]

ABSTRACT

Matoa is a plant belonging to the Sapindaceae family, commonly found in tropical regions such as Indonesia. It produces fruit that is renowned for its unique flavor, which is a delightful blend reminiscent of longan, rambutan, and durian, giving it significant economic value. The skin of the matoa fruit comes in various colors, including yellow, green, red, and purple. This study aims to evaluate the genetic diversity among three matoa populations using RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) markers. The populations analyzed include three from Kab. Kampar and two from Pekanbaru City, utilizing four RAPD primers in the process. The research involved multiple steps: collecting leaf samples, isolating total DNA, conducting total DNA electrophoresis, amplifying DNA with RAPD markers, electrophoresing the PCR products, scoring the RAPD bands, and analyzing the data. The findings revealed that the four RAPD primers generated a total of 65 DNA bands, with sizes ranging from 250 bp to 3100 bp. The genetic diversity values among the matoa genotypes varied between 8.748% and 16.186%. Clustering analysis based on the four RAPD primers indicated that the tested matoa samples were not distinctly grouped according to the color of their fruit peels or their geographical locations.

Keywords: Genetic diversity, Matoa, *Pometia pinnata* Forst & Forst, RAPD.

ABSTRAK

Matoa merupakan salah satu tanaman yang berasal dari famili Sapindaceae yang tersebar di daerah tropis, seperti Indonesia. Matoa menghasilkan buah yang enak untuk dikonsumsi dengan cita rasa yang khas dari perpaduan rasa, buah lengkeng, rambutan dan buah durian serta bernilai ekonomi. Kulit buah matoa bervariasi, seperti kuning, hijau, merah dan ungu. Penelitian ini bertujuan untuk menentukan keanekaragaman genetik tiga populasi matoa berdasarkan penanda RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*). Tiga populasi matoa yang berasal dari Kab. Kampar dan dua dari Kota Pekanbaru dianalisis dengan empat primer RAPD. Penelitian ini terdiri dari beberapa tahapan yaitu pengambilan sampel daun, isolasi DNA total, elektroforesis DNA total, amplifikasi DNA dengan penanda RAPD, elektroforesis produk PCR, skoring pita RAPD, dan analisis data. Hasil penelitian ini menunjukkan bahwa empat primer RAPD menghasilkan total jumlah pita DNA sebanyak 65. Ukuran pita yang dihasilkan berkisar dari 250 bp sampai 3100 pb. Nilai jarak atau keanekaragaman genetik antar genotipe matoa dalam studi ini berkisar 8,748% - 16,186%. Hasil analisis pengelompokan menggunakan 4 primer RAPD menunjukkan bahwa sampel matoa yang diuji tidak mengelompok secara terpisah berdasarkan warna kulit buah dan lokasi tumbuhnya.

Kata kunci: Keanekaragaman genetik, Matoa, *Pometia pinnata* Forst & Forst, RAPD.

PENDAHULUAN

Indonesia merupakan negara yang memiliki keanekaragaman hayati yang sangat besar (Rahimah et al., 2013). Salah satu keanekaragaman hayati tersebut adalah tanaman Matoa (*Pometia pinnata* Forst & Forst). Matoa merupakan salah satu tanaman yang berasal dari famili Sapindaceae yang tersebar di daerah tropis, seperti Indonesia. Matoa merupakan buah yang enak untuk dikonsumsi dengan cita rasa yang khas dari perpaduan rasa, buah lengkung, rambutan dan buah durian (Nuryadi et al., 2019).

Matoa tersebar luas pada sebaran alamnya di Indonesia. Khususnya di Papua, pohon matoa tumbuh dan tersebar hampir di setiap daerah. Tumbuhan matoa merupakan salah satu tumbuhan endemik Papua antara lain: dataran Seko (Jayapura), Wondoswaar-pulau Woeswar, Anjai Kebar, Wermare, Armina-Bintuni, Ransiki, Pami-Nuni (Manokwari), Sambusa-Nambire, dan pulau Yapen (Karyaatmajaya dan Suripatty, 1997). Matoa banyak ditemukan di sepanjang wilayah kepulauan Andaman, Srilanka, China bagian selatan, Vietnam, Malaysia, Filipina, Papua Nugini dan sebagian wilayah kepulauan pasifik selatan (Tehuayo et al., 2023).

Warna kulit matoa saat masak dijadikan dasar dalam membedakan populasi matoa, yaitu matoa kulit merah, kuning, dan hijau. Tekstur aril buah dapat dibedakan sebagai matoa kelapa dengan ciri daging buah yang kenyal dan lepas dan buah berdiameter 2,2-2,9 cm. Matoa papeda bertekstur aril sedikit lembek dan lengket, berdiameter buah lebih kecil 1,4-2,0 cm.

Batang tanaman matoa biasa dimanfaatkan untuk bidang industri kayu bagian daun, buah, serta bijinya dikonsumsi sebagai makanan serta obat tradisional (Hajar et al., 2021). Tanaman matoa penyebarannya telah meluas di berbagai daerah di Indonesia, salah satunya yaitu di provinsi Riau. Riau memiliki populasi matoa kulit kuning, merah, dan hijau. Meskipun jenis tersebut dapat dibedakan secara morfologis, namun tidak ada informasi apakah populasi tersebut berbeda secara genetik atau tidak. Untuk menjawab pertanyaan ini, perlu menganalisis variasi genetik matoa menggunakan penanda random amplified polymorphic DNA (RAPD).

Analisis RAPD merupakan metode untuk mengidentifikasi polimorfisme DNA pada genom organisme. Analisis RAPD menyediakan metode yang efektif dalam menyajikan informasi genetik dalam bentuk pola pita. Metode ini sangat efektif dan efisien untuk proses evaluasi variabilitas dengan ketepatan yang baik. Sebagian besar pita DNA informatif pada RAPD biasanya berukuran 300-3000 bp (Purnomo dan Rejeki, 2018). Penanda RAPD adalah penanda pilihan, karena kesederhanaan, sistem yang cepat, murah dan efektif untuk mempelajari hubungan genetik antar tanaman. Penanda RAPD juga dapat digunakan dalam studi keragaman genetik spesies atau populasi alami dan studi identifikasi genotipe. Penilaian variasi genetik berbasis RAPD didasarkan pada metode PCR melalui amplifikasi DNA genom dengan urutan nukleotida yang bervariasi. Penanda RAPD dapat mendeteksi polimorfisme DNA tingkat tinggi seperti manusia, hewan serta tumbuhan dan dapat menghasilkan penanda genetik yang baik. Prosedur RAPD lebih murah, lebih cepat, membutuhkan sampel DNA yang sedikit (0,5-5 ng), tidak membutuhkan radioisotop dan tidak memerlukan keahlian yang rumit dalam pelaksanaannya dibandingkan dengan metode lain (Ashraf et al., 2014).

Penggunaan teknik RAPD ini telah banyak digunakan untuk analisis keanekaragaman genetik pada tanaman. Beberapa penelitian tersebut antara lain tentang keragaman genetik pasak bumi (Rosmaina et al., 2015), polimorfisme cabai rawit dan cabai gendot (Purnomo dan rejeki, 2018), serta analisis kekerabatan plasma nutfah tanaman stroberi (Sitawati et al., 2019).

Penelitian ini bertujuan untuk menentukan keanekaragaman genetik tiga populasi matoa berdasarkan penanda RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*).

BAHAN DAN METODE

Penelitian ini dilaksanakan di Laboratorium Genetika dan Biologi Molekuler, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Riau. Sampel Matoa diambil dari Kabupaten Kampar (Kec. Tapung Hilir), Kota Pekanbaru (Rumbai dan BBI Pekanbaru), Provinsi Riau.

Alat-alat yang digunakan pada penelitian ini antara lain gunting, timbangan

analitik digital (Accuris INSTRUMENTS), pestel dan mortar, mesin sentrifus (Benchmark), alat elektroforesis (Mupid eXu), waterbath, hot plate, mesin PCR (Hercuvan), kamera digital, freezer, UV transiluminator (VILBER LOURMAT), pipet mikro (VWR) ukuran 10 µl, 200 µl dan 1000 µl, tip mikro (Axygen) ukuran 10 µl, 200 µl, dan 1000 µl, tabung 1,5 ml dan tabung PCR 0,2 ml (Axygen).

Sampel yang digunakan pada penelitian ini ialah tiga populasi matoa. Masing-masing populasi diwakili oleh 5 individu. Bahan-bahan lain yang diperlukan dalam penelitian ini adalah: kit isolasi DNA (Genomic DNA Mini

Kit Plant (GeneAid) yang berisi GPX1 buffer, GP2 buffer, GP3 buffer, Elution buffer, W1 buffer, dan Wash buffer), akuabidestilata (ddH₂O), etanol absolut, nitrogen cair, akuades, 1 X TBE (Tris; boric acid; EDTA), gel agarosa, buffer TE pH 8, 3 µg/ml etidium bromida, loading dye serta 1 kb DNA ladder (Thermo Scientific). Amplifikasi RAPD menggunakan 5 unit/ µl DreamTaq DNA polymerase (Thermo Scientific), 2 mM dNTPs, 10 µM primer forward, 10 µM primer reverse, dan ddH₂O. Nama dan sekeuns primer yang digunakan merujuk pada penelitian Zulfahmi et al., (2023) disajikan pada Tabel 1.

Tabel 1. Nama dan Sekuens Primer yang digunakan

Nomor	Nama Primer	Sekuens
1.	OPD-08	5'-GTGTGCCCCA-3'
2.	D-08	5'-GTGTGCCCCA-3'
3.	X-01	5'-CTCACCGTCC-3'
4.	OPJ-20	5'-AAGCGGCCTC-3'

Penelitian ini terdiri dari beberapa tahapan, yaitu: a) pengambilan sampel, b) isolasi DNA, c) deteksi kualitas DNA, d) seleksi primer, dan e) analisis data.

Pengambilan Sampel

Sampel yang digunakan adalah daun muda yang masih segar dari tiga lokasi yang berbeda. Jumlah individu yang diambil dari

setiap lokasi adalah lima individu (Tabel 2). Daun yang akan digunakan dimasukkan ke plastik ziplock yang berisi silica gel sesuai dengan kode sampel. Sampel disimpan di Laboratorium Genetika dan Biologi Molekuler, Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam, Universitas Riau.

Gambar 1. Grafik tinggi tanaman terung ungu terhadap pemberian pupuk organik cair azolla dan pupuk TSP

No.	Lokasi	Kode	Jumlah Inividu
1.	Kab. Kampar	K (Merah)	5
2.	BBI Pekanbaru	P (Hijau)	5
3.	Rumbai	R (Kuning, Ungu)	5

Isolasi DNA Total

Isolasi DNA total dari tumbuhan matoa dilakukan dengan menggunakan Genomic DNA Mini Kit Plant (Geneaid). Sampel daun dipotong-potong sebanyak 0,1 gram kemudian dimasukkan ke mortar, lalu ditambahkan nitrogen cair secukupnya sambil digerus menggunakan pestel hingga berbentuk serbuk halus. Larutan buffer GPX1 sebanyak 400 µl dimasukkan ke dalam tabung yang telah berisi sampel. Sampel kemudian diinkubasi di dalam waterbath pada suhu 60°C selama 10 menit serta setiap 3 menit, tabung dibolak-balik secara perlahan tujuannya agar larutan buffer GPX1 dan serbuk daun dapat homogen secara merata dan sel dapat lisis dengan sempurna.

Larutan buffer GP2 sebanyak 100 µl ditambahkan ke dalam tabung serta dihomogenkan dengan cara di pipeting

menggunakan pipet berulang-ulang, selanjutnya tabung diinkubasi di dalam es selama 3 menit. Larutan dari dalam tabung dipindahkan ke dalam filter column yang telah dirakit ke collection tube dan disentrifus dengan kecepatan 1.000 x g selama 1 menit. Filter column dibuang serta bagian supernatan dipindahkan ke dalam tabung 1,5 ml. Larutan buffer GP3 sebanyak 1,5 volume kemudian ditambahkan ke dalam tabung dan divorteks selama 5 detik.

Larutan yang telah divorteks sebanyak 700 µl dipindahkan ke dalam GD column dan collection tube. Larutan disentrifus selama 2 menit dengan kecepatan 16.000 x g. Larutan di dalam collection tube dibuang dan GD column ditempatkan kembali pada collection tube. Larutan yang tersisa dipindahkan ke GD column dan disentrifus dengan kecepatan

16.000 x g selama 2 menit. Larutan supernatan yang ada di dalam collection tube dibuang dan GD column ditempatkan kembali pada collection tube.

Larutan buffer W1 sebanyak 400 µl ditambahkan ke dalam GD column dan disentrifus dengan kecepatan 16.000 x g selama 30 detik. Larutan supernatan dibuang serta ke dalam GD column ditambahkan larutan wash buffer sebanyak 600 µl. Larutan disentrifus dengan kecepatan 16.000 x g selama 30 detik. Larutan supernatan dibuang dan GD column dirakit kembali pada collection tube. Larutan disentrifus kembali dengan kecepatan 16.000 x g selama tiga menit sehingga matrix column kering.

Tabung GD column dipindahkan ke tabung 1,5 ml steril. Larutan elution buffer sebanyak 30 µl yang sebelumnya telah dipanaskan di dalam waterbath dengan suhu 60°C ditambahkan ke dalam tabung serta diinkubasi pada suhu ruang selama 5 menit. Larutan disentrifus dengan kecepatan 16.000 x g selama 1 menit. Larutan yang terbentuk disimpan sebagai DNA total elusi 1. GD column dipindahkan ke tabung 1,5 ml dan larutan elution buffer sebanyak 30 µl ditambahkan ke dalam tabung. Larutan yang sudah terbentuk disimpan sebagai DNA total elusi 2. DNA total elusi 1 dan DNA total elusi 2 disimpan pada suhu 4°C di dalam freezer.

Elektroforesis DNA Total

Kualitas dan konsentrasi DNA total dideteksi dengan cara elektroforesis menggunakan gel agarosa dengan konsentrasi 2% (w/v) di dalam 1x TBE sebanyak 100 ml. Agarosa ditimbang sebanyak 1 gram, lalu dilarutkan dengan larutan buffer 1x TBE. Campuran ini kemudian dipanaskan menggunakan hot plate hingga larutan membening, kemudian tambahkan 3 µl etidium bromide. Tuang larutan tersebut dalam cetakan gel dan biarkan sampel gel memadat. Sampel (1 µl loading dye+ 2 µl DNA total) dimasukkan ke dalam sumur yang ada pada gel. Elektroforesis dilakukan dengan menggunakan buffer 1x TBE pada tegangan 50 V selama 45 menit, selanjutnya dilakukan pengamatan gel menggunakan UV transilluminator.

Polymerase Chain Reaction (PCR)

Proses amplifikasi menggunakan DNA matoa dengan volume DNA yang diambil yaitu 2/µl. Tahapan proses PCR meliputi: pra-PCR (95 °C selama 3 menit), selanjutnya 35 siklus yang terdiri dari 3 tahapan yaitu denaturasi (95 °C selama 45 detik), annealing (37 °C selama 45 detik), dan elongasi (72 °C selama 90 detik). Pasca-PCR (72°C selama 10 menit) (Roslim et al., 2021). Komponen PCR dengan dreamTaq DNA polymerase (Thermo scientific) yang digunakan merujuk pada penelitian Herman et al., (2018) disajikan pada Tabel 3.

Tabel 3. Komponen PCR dengan DreamTaq DNA *Polymerase (Thermo Scientific)*.

Komponen	Konsentrasi Akhir	Volume (µl)
10 X buffer PCR	1 X	2,0
2 mM dNTPs	0,2 mM	2,0
10 µM primer	0,4 µM	0,8
5U/µl <i>Taq DNA polymerase</i>	2 unit	0,4
DNA total	-	2,0
ddH ₂ O	-	12,8
Total		20,0

Elektroforesis produk PCR menggunakan komposisi 2% gel agarosa dan larutan etidium bromida (EtBr) sebanyak 1,5 µl (sebagai pewarna pita DNA) dalam larutan 1x TBE (pH 8). Cetakan gel dimasukkan ke dalam bak elektroforesis. Larutan 1 kb DNA ladder sebanyak 2 µl + larutan loading dye sebanyak 2 µl yang digunakan sebagai standar dimasukkan ke dalam sumur pertama. Larutan produk PCR sebanyak 10 µl + larutan loading dye sebanyak 4 µl dimasukkan ke dalam sumur gel secara perlahan-lahan. Elektroforesis dilakukan pada tegangan listrik 50 volt selama 60 menit. Hasil elektroforesis divisualisasikan di atas sinar UV

dengan menggunakan UV transilluminator dan dilakukan pencitraan menggunakan kamera digital Olympus berfilter UV.

Analisis Data

Data yang diperoleh dari pemotretan gel hasil analisis RAPD berupa pita-pita diskrit dengan ukuran tertentu dari tiap-tiap sampel. Analisis data didasarkan pada ada atau tidaknya pita. Profil pita DNA kemudian diterjemahkan ke dalam data biner dengan ketentuan nilai 0 untuk yang tidak ada pita dan nilai 1 untuk adanya pita DNA pada satu posisi yang sama dari individu-individu yang dibandingkan (Herliyana et al., 2011) seperti terlihat pada

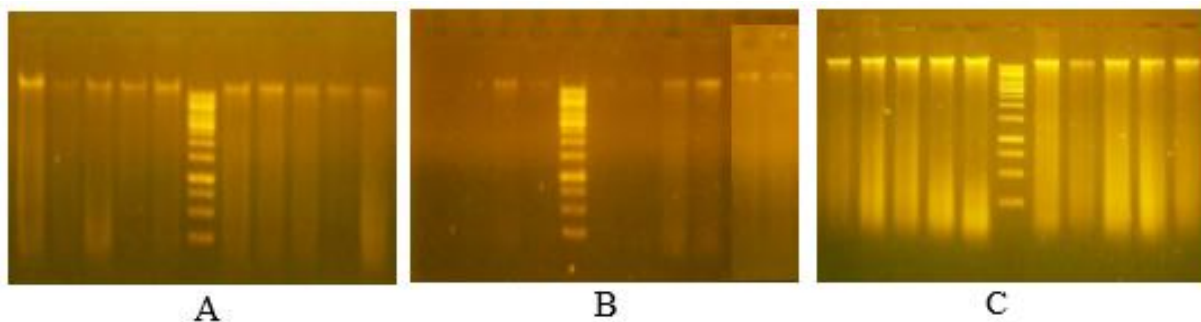
Gambar 1. Parameter yang dihitung adalah nilai koefisien disimilarity. Analisis kluster (pengelompokan) dan pembuatan dendrogram dilakukan dengan metode Unweighted Pair Group Method Aritmatic (UPGMA) menggunakan program Multivariate Statistical Package (MVSP) versi 3.22.

HASIL DAN PEMBAHASAN

Molekul DNA Total

Isolasi DNA total merupakan langkah awal dari beberapa teknologi analisis DNA yang dilakukan pada penelitian ini. Hasil Isolasi DNA dengan metode Genomic DNA Mini Kit Plant (Geneaid) seperti pada Gambar 1. Pada

DNA total sampel A dan B, pita DNA total yang terlihat tipis atau tidak begitu jelas, sedangkan pada sampel C terlihat tebal atau jelas. Pita DNA yang tipis terjadi akibat konsentrasi DNA yang sedikit, sementara itu pita DNA yang tebal terjadi akibat konsentrasi DNA yang banyak. Pada sampel C banyak dijumpai smear. Smear terjadi akibat adanya gerak berlebihan seperti pada saat pemipetan, pada saat dibolak-balik dalam tabung, adanya sisa-sisa etanol pada saat proses pengeringan pelet DNA dan kontaminasi zat-zat dari dinding sel pada saat proses ekstraksi DNA sebagai DNA terdegradasi (Komalasari 2009).



Gambar 1. Profil DNA Total Matoa A. BBI Pekanbaru, B. Kampar, C. Rumbai.

Hasil isolasi DNA yang dilakukan menggunakan Genomic DNA mini kit Plant (GeneAid). Penggunaan kit bertujuan untuk mempersingkat waktu dalam pengerjaan karena lebih mudah, praktis dan memurnikan DNA total (Khumairoh et al., 2016). Isolasi DNA menggunakan Genomic DNA mini kit Plant (GeneAid) telah banyak dilakukan salah satunya pada tumbuhan kenari (Octavia et al., 2021), tanaman cabai (Sari et al., 2014), dan tanaman daluga (Julianti et al., 2015).

Profil Pita DNA RAPD

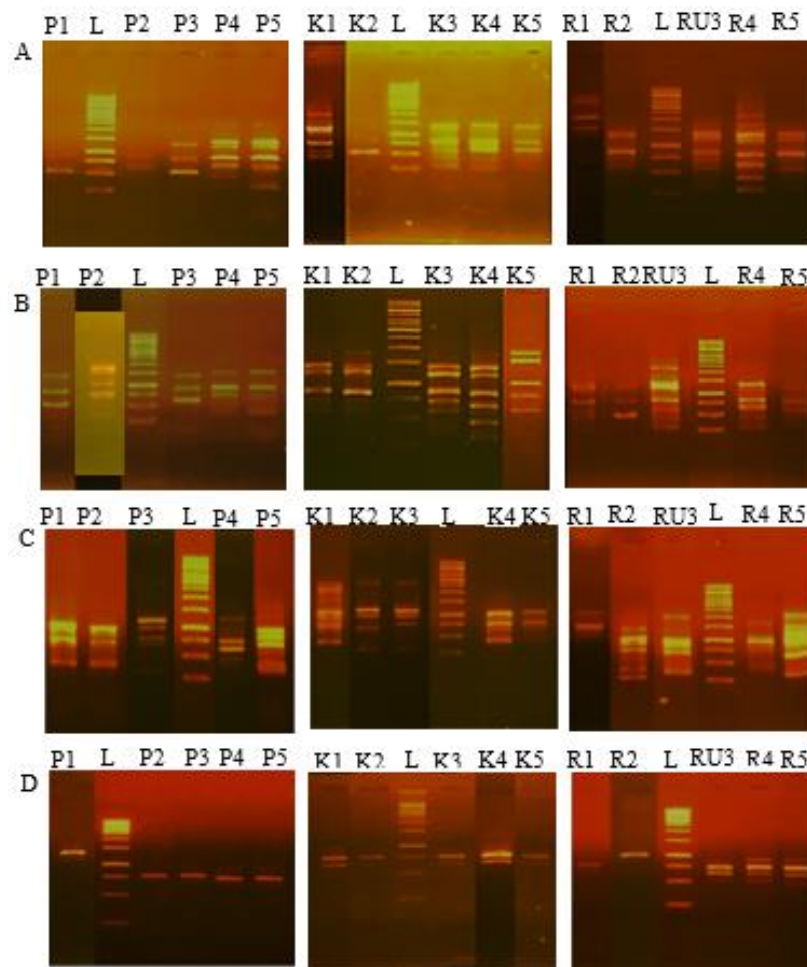
Profil pita DNA RAPD tanaman matoa menggunakan 4 primer RAPD dapat dilihat pada Gambar 2. Rekapitulasi jenis primer,

panjang pita, jumlah pita dan persentase polimorfik ditunjukkan pada Tabel 4.

Pada penelitian ini, hasil amplifikasi DNA matoa menggunakan 4 primer sangat bervariasi. Panjang pita yang dihasilkan berkisar dari 250 pb sampai dengan 3000 bp (Tabel 4.). Jumlah pita yang dihasilkan dari setiap primer berbeda-beda, berkisar antara 8-23 pita tergantung pada jenis primer yang digunakan. Pita terbanyak yang dihasilkan dalam penelitian ini adalah primer D0-8 yaitu 23 pita dengan kisaran panjang pita 300-3100 pb, sedangkan jumlah pita paling sedikit adalah primer X-01 yaitu 8 pita dengan panjang pita 350-1400 pb.

Tabel 4. Rata-rata jumlah buah per tanaman dengan perlakuan pupuk oraganik cair azolla dan TSP (buah)

Primer	Panjang Pita (pb)	Jumlah pita	Jumlah Pita Polomorfik	Persentase Pita Polimorfik (%)
D-08	300 - 3100	23	23	100
OPD-08	300 - 2400	17	17	100
OPJ-20	250 - 2250	17	17	100
X-01	350 - 1400	8	8	100
Total		65		



Gambar 2. Profil Pita RAPD pada Tiga Populasi Matoa. (A) Primer D-08, (B) Primer OPD-08, (C) Primer OPJ-20, (D) primer X-01, (L) 1 kb DNA Leader, (K) Kampar, (P) BBI Pekanbaru, (R) Rumbai, (RU) Sampel Rumbai Ungu.

Jumlah pita polimorfik yang dihasilkan oleh semua primer sebesar 100%. Tingkat polimorfisme tergolong tinggi jika persentase lokus polimorfisme yang dihasilkan lebih besar dari 50% (Ho dan Ngo 2017). Menurut Sulistyawati dan Widyatmoko, (2017) menyatakan bahwa jumlah fragmen/pita polimorfik yang tinggi merupakan kunci dalam menentukan tingkat keanekaragaman genetik yang tinggi, dimana jika semakin tinggi persentase lokus polimorfik, semakin tinggi pula tingkat heterozigositas dan heterogenitasnya. Poerba dan Martanti (2008) menyatakan bahwa pemilihan jenis primer pada metode RAPD sangat mempengaruhi terhadap pita yang dihasilkan karena setiap primer memiliki situs penempelan yang berbeda baik dalam ukuran, jumlah pasang basa dan jumlah DNA.

Matriks Jarak Genetik Tanaman Matoa

Pada penelitian ini jarak genetik matoa berkisar antara 8,748% – 16,186%. Jarak

genetik terkecil, yaitu antara matoa Pekanbaru (P5) dengan matoa Pekanbaru (P4) yaitu sebesar 8,748%, sedangkan tertinggi yaitu pada matoa Pekanbaru (P2) dengan matoa Kampar (K4) sebesar 16,186% (Tabel 5) hal ini menunjukkan bahwa populasi matoa Kampar dan Pekanbaru memiliki jarak genetik yang dekat.

Pada penelitian ini tingkat keanekaragaman genetik matoa yang diuji berkisar 8,748%-16,180%. Menurut Arifin dan Mulliadi (2010), jarak genetik merupakan parameter yang digunakan untuk melihat keanekaragaman genetik spesies yang diteliti. Fatmarischa et al, (2014) menyatakan bahwa jarak genetik menggambarkan tingkat perbedaan atau keanekaragaman genetik dalam suatu populasi atau spesies yang diukur melalui kuantitas numeric. Tenda et al, (2009) menyatakan bahwa persilangan tetua yang memiliki jarak genetik yang dekat akan mengakibatkan variabilitas yang sempit.

Tabel 5. Nilai Jarak Genetik Tanaman Matoa Menggunakan Koefisien Ketidakmiripan.

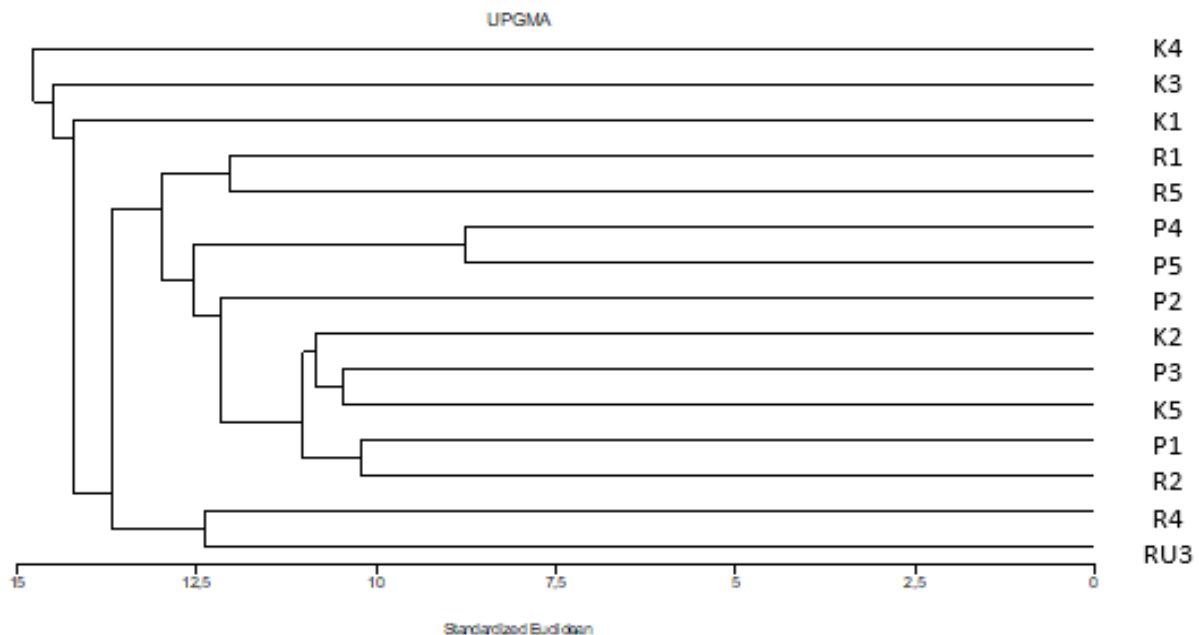
S	P1	P2	P3	P4	P5	K1	K2	K3	K4	K5	R1	R2	RU3	R4	R5
P1	0,000														
P2	10,538	0,000													
P3	10,856	12,435	0,000												
P4	11,286	12,481	12,213	0,000											
P5	12,111	13,231	12,931	8,748	0,000										
K1	13,526	14,862	13,654	14,273	13,886	0,000									
K2	10,573	12,869	10,510	12,934	12,659	12,510	0,000								
K3	13,373	15,254	12,879	15,073	15,660	15,218	13,094	0,000							
K4	14,177	16,186	14,824	13,992	14,511	15,138	14,801	15,600	0,000						
K5	10,294	12,341	10,462	11,716	12,796	13,188	11,166	13,340	12,815	0,000					
R1	11,957	14,039	13,391	13,433	13,833	15,129	12,760	14,904	15,123	12,940	0,000				
R2	10,209	12,583	11,155	12,743	13,456	14,632	11,842	14,125	14,358	11,372	12,134	0,000			
RU3	12,373	14,653	13,570	14,033	15,097	15,356	12,914	16,025	15,054	12,266	14,309	13,563	0,000		
R4	13,019	14,944	13,433	14,472	14,712	15,215	13,431	15,159	15,099	12,960	14,316	13,876	12,379	0,000	
R5	11,954	14,026	12,714	13,829	14,156	14,315	12,011	14,525	15,100	12,213	12,038	12,507	13,255	12,327	0,000

Keterangan: (K) Kampar, (P) BBI Pekanbaru, (R) Rumbai, (RU) Sampel Rumbai Ungu, (S) Sampel.

Dendrogram Kesamaan Genetik Tanaman Matoa

Hasil analisis pengelompokan menggunakan 4 primer RAPD menunjukkan bahwa sampel matoa yang diuji tidak mengelompok secara terpisah berdasarkan

warna kulit buah dan juga lokasi tumbuhnya (Kota Pekanbaru dan Kab. Kampar) (Gambar 3.). K1, K2, K3, K4, K5 (Kampar, Merah), P1, P2, P3, P4, P5 (BBI Pekanbaru, Hijau), R1, R2, R4, R5 (Rumbai, Kuning) dan RU3 (Rumbai, Ungu)



Keterangan: (K) Kampar, (P) BBI Pekanbaru, (R) Rumbai, (RU) Sampel Rumbai Ungu

Gambar 3. Dendrogram Tiga Populasi Matoa

Menurut Lucic et al, (2011), bahwa keanekaragaman antar individu yang ditunjukkan oleh dendrogram berkorelasi

dengan jarak genetik individu. Jarak genetik yang dekat menunjukkan keanekaragaman yang rendah dan jarak genetik yang jauh

menunjukkan keanekaragaman yang tinggi. Gusmiaty et al, (2016) menyatakan bahwa jarak genetik menunjukkan adanya variasi antar individu dalam populasi yang dapat disebabkan karena adanya percampuran genetik dari satu pohon induk dengan pohon induk di sekitarnya sebagai akibat dari perkawinan silang.

Keanekaragaman genetik dapat dipengaruhi oleh beberapa factor seperti persilangan, mutasi, dan lingkungan. Perkawinan sekerabat (*Inbreeding*) akan menurunkan nilai keanekaragaman genetik (Nugroho et al., 2017). Sebaliknya, perkawinan bukan sekerabat akan meningkatkan keanekaragaman genetik (Fatchiyah et al., 2011). Pengetahuan mengenai jarak genetik dan keanekaragaman genetik dalam pemuliaan tanaman sangat penting dan memiliki dampak signifikan pada perbaikan tanaman (Gusmiaty et al., 2016). Semakin jauh jarak genetik antar tetua maka peluang untuk menghasilkan kultivar baru dengan variabilitas genetik luas akan menjadi semakin besar (Miswanti et al., 2014).

Dari hasil penelitian pengembangan tanaman matoa tidak disarankan melalui teknik persilangan karena secara genetik berdasarkan penanda RAPD matoa yang tumbuh di lokasi yang berbeda memiliki jarak genetik yang dekat. Pengembangan tanaman matoa dapat dilakukan salah satunya dengan perbanyakan tanaman secara generatif dan vegetatif dengan stek batang atau cangkok.

KESIMPULAN DAN SARAN

Kesimpulan

Total Pita RAPD tanaman matoa menggunakan empat primer yaitu 65 pita. Primer D-08 menghasilkan jumlah pita terpanjang yaitu 300-31000pb. Analisis RAPD pada matoa dapat dilakukan dengan empat primer yaitu OPD-08, D-08, X-01, dan OPJ-20.

Saran

Mengacu pada hasil penelitian ini perlu tindak lanjut berupa penyusunan strategi konservasi matoa untuk memperbaiki teknik budidaya tanaman matoa di lapangan. Penelitian lebih lanjut sebaiknya dilakukan dengan populasi matoa di provinsi Riau yang lebih beragam.

DAFTAR PUSTAKA

- Arifin, J., dan Mulliadi, D. 2010. Pendugaan Keseimbangan Populasi Heterozigositas Menggunakan Pola Protein Albumin Darah pada Populasi Domba Ekor Tipis (*Javanese thin tailed*) di Daerah Indramayu. *Jurnal Ilmu Ternak*, 10(2): 65-72.
- Ashraf, K., Ahmad, A., Chaudhary, A., Mujeeb M., Ahmad, S., Amir., Mallick, N. 2014. Genetic Diversity Analysis of *Zingiber Officinale* Roscoe by RAPD Collected from Subcontinent of India. *Saudi Journal of Biology Science*, 21(2): 159-165.
- Fatmarischa, N., Sutopo, dan Johari, S. 2014. Jarak Genetik dan Faktor Peubah Pembeda Entok Jantan dan Betina Melalui Pendekatan Analisis Morfometri. *Jurnal Peternakan Indonesia*, 16(1): 33-39.
- Fatchiyah, A., Widyarti, L. E., dan Rahayu, S. 2011. *Biologi Molekular Prinsip Dasar Analisis*. Erlangga. Malang.
- Gusmiaty, Muh, R., Asrianny., dan Larekeng, S. H., 2016. Polimorfisme Penanda RAPD untuk Analisis Keragaman Genetik *Pinus merkusii* di Hutan Pendidikan Unhas. *Jurnal Natur Indonesia*, 16(2): 47-53.
- Hajar, S., Widya, R., Erlisa, M. P., Sylvan, S. R., dan Hasyrul, H. 2021. Potensi Ekstrak Buah Matoa (*Pometia Pinnata*) Sebagai Sumber Antioksidan: Literatur Review. *Jurnal Farmasi Sains dan Praktis*, 7(1): 59-66.
- Herman, Martupa, N., dan Roslim, D. I. 2018. Optimasi Suhu Annealing Untuk Empat Primer Rapd Pada Kacang Hijau (*Vigna radiata* L.). *Jurnal Dinamika Pertanian*. 34(1): 41-46.
- Herliyana, E., Armono, T. D., Lingga, dan Minarsih H. 2011. Analisis keragaman genetik *Ganoderma* spp. yang berasosiasi dengan tanaman kakao dan tanaman pelindungnya menggunakan *Random Amplified Polymorphic DNA* (RAPD). *Menara Perkebunan*, 79(1): 6-14.
- Ho, V. T., dan Ngo, Q. N. 2017. Short Communication: Using RAPD technique to evaluate genetic diversity of longan (*Dimocarpus longan*)

- population in Vietnam. *Biodiversitas*, 18: 1632-1637.
- Julianti, E., Pirania, A., Lengkong, E. F., dan Kolondam, B. J. 2015. DNA Barcoding Tanaman Daluga (*Cyrtosperma* spp) dari Kepulauan Sangihe Berdasarkan Gen *matK*. *Jurnal Bioslogos*, 5(2): 46-54.
- Karyaatmajaya, B., dan Suripatty, B. A. 1997. Matoa. (*Pometia* spp) di Irian Jaya Informasi Teknis. *Buletin Matoa: Visi dan Misi BPK Manokwari*. Manokwari.
- Khumairoh S, Roslim DI dan Herman. 2016. Teknik Isolasi DNA Total Tumbuhan Tuntun Angin (*Elaecarpus floribundud*) dari Provinsi Riau. *Jurnal Riau Biologi*, 1(2): 118-123.
- Komalasari, K. 2009. Pengaruh Perbandingan Volume Darah Dan Lisis Buffer Serta Kecepatan Sentrifugasi Terhadap Kualitas Produk DNA pada Sapi Frensian Holstein (FH). Skripsi. Institut Pertanian Bogor. Bogor.
- Lucic, Isajev, Rakonjan, Mataruga, Babic, Ristic dan Drinic. 2011. Application of Various
- Miswarti, Tati, N., dan Anas. 2014. Karakterisasi dan kekerabatan 42 aksesi Tanaman Jawawut (*Setaria italica* L. Beauv). *Pangan*, 23(2): 166-177.
- Nugroho, Kristianto, Slamet, dan Puji, L. 2017. Keragaman genetik 24 Varietas Padi Sawah dan Padi Gogo (*Oryza sativa* L) Indonesia berdasarkan Marka SSR. *Scripta Biologica*, 4(1).
- Nuryadi, A. M., Doly, P.S., Supardi, M., dan Shinta, W. A. 2019. Pemanfaatan Buah Matoa Sebagai Cita Rasa Es Krim Yang Baru. *Jurnal Penelitian Teknologi Industri*, 11(2): 55-62.
- Octavia, D., Mukaromah, A. S., Martiansyah, I., Mimin, Ma'mun, S., dan Rukmana, H. 2021. Isolasi DNA Tumbuhan Hasil Eksplorasi di Nusakambangan dengan Metode Kit di Laboratorium Treub, Kebun Raya Bogor. *Prosiding Biologi Achieving the Sustainable Development Goals with Biodiversity in Confronting Climate Change*. ISBN: 987-602-72245-6-8.
- Poerba, Y. S., dan Martanti, D. 2008. Keragaman Genetik Berdasarkan Marka Random Amplified Polymorphic DNA pada *Amorphophallus muelleri* Blume di Jawa. *Jurnal Biodiversitas*, 9(4): 245-252.
- Purnomo, E., dan Rejeki, S. F. 2018. Polimorfisme Cabai Rawit Dan Cabai Gendot Dengan Penanda RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) Menggunakan Primer OPA-8. *Berkala Bioteknologi*, 1(1): 1-5.
- Rahimah, Endah S., dan Afghani, J. 2013. Karakterisasi Senyawa Flavonoid Hasil Isolat Dari Fraksi Etil Asetat Daun Matoa (*Pometia Pinnata* J.R .Forst &G.Forst). *JKK*, 2(2): 84-89.
- Sari, S. K., Listyorini, D., Mazieda, M. N., dan Sulasmi, E. S. 2014. Optimasi teknik isolasi dan purifikasi DNA pada daun cabai rawit (*Capsicum frutescens* cv. Cakra Hijau) menggunakan Genomic DNA Mini Kit (Plant) GENE AID. *Proceeding Biology Education Conference: Biology, Science, Enviromental, and Learning*, 11(1): 65-70.
- Sulistiyawati, P., dan Widyatmoko, AYPB. 2017. Keragaman genetik populasi kayu merah (*Pterocarpus indicus* Willd) menggunakan penanda RAPD. *Jurnal Pemuliaan Tanaman Hutan*, 11(1): 67-76.
- Tenda, E., Tulalo, M., dan Miftahorrhachaman. 2009. Hubungan Kekerabatan Genetik Antar Sembilan Aksesi Kelapa Asal Provinsi Sulawesi Utara. *Jurnal Litri*, 15(3): 139-146.
- Tehuayo, M. N., Hidayatussakinah., dan Nurur A. U. 2023. Identifikasi Struktur Morfologi Tumbuhan Matoa (*Pometia pinnata*) di Lingkungan Kampus Universitas Pendidikan Muhammadiyah (Unimuda) Sorong. *Biolearning Journal*, 10(1): 25-29.

