

# Analisis Diversitas Genetik 14 Genotipe Kentang Berdasarkan Karakter Morfologi dan Marka SSR (Genetic Diversity Analysis of 14 Potato Genotypes Based on Morphological Characters and SSR Markers)

Kristianto Nugroho<sup>1\*</sup>, Rerenstradika T. Terryana<sup>1</sup>, Kusmana<sup>2</sup>, Puji Lestari<sup>1</sup>, dan I Made Tasma<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Balai Besar Penelitian dan Pengembangan Bioteknologi dan Sumber Daya Genetik Pertanian, Jl. Tentara Pelajar 3A, Bogor 16111 Indonesia  
Telp. (0251) 8622833; Faks. (0251) 8622833; \*E-mail: kristianto@pertanian.go.id, nugrohoxkristianto@gmail.com

<sup>2</sup>Balai Penelitian Tanaman Sayuran, Jl. Tangkuban Perahu 517, Kotak Pos 8413, Lembang, Bandung Barat 40391 Indonesia

Diajukan: 9 Desember 2018; Direvisi: 1 Oktober 2019; Diterima: 15 Oktober 2019

## ABSTRACT

Potato is one of important carbohydrate sources used as an alternative crop in Indonesia. The challenges in national potato breeding program included low productivity, less tolerance to environmental stresses, and narrow genetic diversity. The purpose of this study was to analyze genetic diversity of 14 potato genotypes based on morphological characters and SSR markers newly developed from genome sequences of Indonesian potato genotypes. Principal component analysis of morphological data was done using program XLSTAT. DNA of 14 potato genotypes were assayed using 22 SSR markers. Phylogenetic tree was constructed using program NTSYS version 2.1. The PCA showed that leaf shape, leaf color, tuber shape, tuber skin color, and tuber color contributed most to the total diversity. SSR polymorphism analysis demonstrated that as many as 196 alleles were detected in this study. The average allele number was 8.9 ranged from 5 to 13 alleles per locus. The average major allele frequencies was 22% ranged from 14 to 43%. Gene diversity ranged from 0.70 to 0.92 with the average of 0.86, meanwhile the heterozygosity observed ranged from 0 to 0.71 with the average of 0.05. Phylogenetic analysis generated two main clusters in the coefficient of similarity 0.77. The first cluster consisted of three genotypes while the second cluster consisted of eleven genotypes. The new developed SSR markers used in this study were able to differentiate potato accessions having similar morphological characters but were different genetically. The results of this study should be useful in assessing genetic materials in potato cultivar development program.

**Keywords:** Potato, genetic diversity analysis, morphological character, SSR marker.

## ABSTRAK

Kentang merupakan tanaman sumber karbohidrat yang dapat dijadikan sebagai bahan pangan alternatif. Tantangan dalam program pemuliaan kentang nasional di antaranya rendahnya produktivitas, cekaman biotik dan abiotik, dan diversitas genetik yang rendah. Tujuan penelitian ini ialah menganalisis diversitas genetik 14 genotipe kentang berdasarkan karakter morfologi dan marka SSR hasil pengembangan sekuen genom genotipe kentang Indonesia. Hasil analisis komponen utama menunjukkan bahwa karakter bentuk daun, warna daun, bentuk umbi, warna kulit umbi, dan warna daging umbi berkontribusi besar terhadap diversitas total. Sementara, hasil analisis menggunakan marka SSR menunjukkan bahwa sebanyak 196 alel berhasil dideteksi pada 14 genotipe kentang dengan 22 marka SSR. Rataan jumlah alel per marka sebesar 8,9 dengan kisaran 5–13 alel per lokus. Rataan frekuensi alel utama 22% dengan kisaran 14–43%. Nilai diversitas gen berkisar antara 0,70 dan 0,92 dengan rata-rata sebesar 0,86. Nilai heterozigositas yang diobservasi berkisar antara 0 dan 0,71 dengan rata-rata sebesar 0,05. Analisis filogenetik menunjukkan bahwa keempat belas genotipe kentang yang diuji mengelompok menjadi dua klaster utama pada koefisien kesamaan genetik 0,77. Klaster pertama terdiri atas tiga genotipe dan klaster kedua terdiri atas sebelas genotipe. Beberapa marka SSR informatif dapat diidentifikasi pada penelitian ini dan akan bermanfaat untuk analisis genetik plasma nutfah kentang ke depan. Marka SSR yang digunakan juga mampu membedakan genotipe-genotipe yang memiliki kemiripan morfologi namun berbeda secara genetik. Hasil penelitian ini akan bermanfaat pada penentuan diversitas genetik berbagai genotipe kentang untuk perakitan varietas pada program pemuliaan kentang.

**Kata kunci:** Kentang, analisis diversitas genetik, karakter morfologi, marka SSR.

## PENDAHULUAN

Kentang merupakan salah satu tanaman sumber karbohidrat yang memiliki nilai ekonomi tinggi. Kandungan zat gizi, seperti fosfor, besi, kalium, vitamin B1, dan vitamin C, yang cukup tinggi membuat kentang dapat dijadikan sebagai alternatif bahan pangan (Asgar et al. 2011). Selain sebagai sumber pangan, kentang dapat dimanfaatkan sebagai bahan baku industri keripik. Menurut Kusmana (2012), dibutuhkan umbi kentang sekitar 20–30 ton/hari untuk memenuhi kebutuhan industri keripik kentang, yang benihnya masih diimpor dari luar negeri. Selama ini, varietas Atlantik menjadi varietas unggulan yang digunakan sebagai bahan baku industri keripik kentang karena rasanya yang enak dan kualitas hasil olahannya yang tinggi. Sayangnya, para petani yang menanam varietas tersebut harus terikat kontrak dengan perusahaan penyedia benih dan diwajibkan melakukan pembayaran setelah panen (Sayaka dan Hestina 2011). Sementara itu, varietas Granola saat ini menjadi salah satu varietas yang banyak ditanam oleh para petani untuk kebutuhan rumah tangga sebagai kentang sayur. Namun, umbinya tidak cocok digunakan sebagai bahan baku keripik. Selain kedua varietas tersebut, Balai Penelitian Tanaman Sayuran (Balitsa) telah melepas varietas Repita yang memiliki daya hasil tinggi dan tahan penyakit hawar daun, namun kurang disukai petani karena umurnya panjang dan rasanya kurang enak (Kurniawan dan Suganda 2014).

Upaya peningkatan produksi kentang dalam negeri dihadapkan pada sejumlah permasalahan mulai dari alih fungsi lahan pertanian, penurunan tingkat kesuburan tanah, terjadinya pelandaian produksi, hingga cekaman biotik seperti serangan hama dan penyakit (Surmaini et al. 2011). Selain itu, perbanyakannya tanaman kentang lebih banyak dilakukan secara vegetatif menggunakan umbi yang membuat diversitas genetiknya menjadi sempit. Oleh karena itu, perlu adanya usaha perakitan varietas unggul baru kentang yang memiliki produktivitas tinggi, tahan terhadap penyakit, sesuai untuk dibudidayakan di Indonesia, serta diminati petani.

Ketersediaan sumber daya genetik (SDG) yang cukup menjadi prasyarat utama dalam perakitan varietas unggul baru (Kusmana 2012). Upaya peningkatan SDG dapat dilakukan melalui introduksi varietas dari luar, mutasi/iradiasi, persilangan, eksplorasi varietas lokal, dan rekayasa genetika (Herman 2010; Sihono et al. 2010; Sitaresmi et al. 2015). Informasi mengenai diversitas genetik dari setiap koleksi SDG yang dimiliki dapat dijadikan modal dasar bagi

para pemulia dalam merakit varietas unggul baru (Kawengian et al. 2016). Informasi mengenai diversitas genetik dan hubungan kekerabatan antar-genotipe plasma nutfah dapat diperoleh melalui kegiatan karakterisasi, baik secara morfologi maupun molekuler (Liao dan Guo 2014).

Kegiatan karakterisasi tanaman dapat bermanfaat untuk mengetahui seberapa besar tingkat diversitas koleksi plasma nutfah yang dimiliki serta mencegah terjadinya duplikasi (Hakim 2008). Penelitian mengenai karakterisasi tanaman kentang telah dilakukan sebelumnya antara lain oleh Handayani et al. (2011), namun sebatas pada karakter morfologi saja. Menurut Kuswandi et al. (2014), karakterisasi morfologi memiliki kelebihan karena mudah diaplikasikan dan biayanya relatif murah, akan tetapi memiliki kelemahan, yaitu sangat dipengaruhi oleh lingkungan sehingga tingkat keakuratannya lebih rendah (Bermawie et al. 2012); waktu yang dibutuhkan hingga tanaman berumur dewasa cukup lama (Sunaryo 2015); seringkali tidak mampu mendiskriminasi aksesi-aksesi dengan nama berbeda tapi sama secara genetik (Jonah et al. 2011). Sebaliknya, karakterisasi molekuler dengan menggunakan marka molekuler mampu mengakomodasi kelemahan-kelemahan karakterisasi secara morfologi dan kedua metode karakterisasi (morfologi dan marka molekuler) dapat saling melengkapi (Nurkanto dan Agusta 2015).

SSR merupakan salah satu marka molekuler yang saat ini banyak diaplikasikan dalam kegiatan karakterisasi plasma nutfah tanaman selama lebih dari satu dekade terakhir (Reflinur et al. 2016). Marka SSR berupa urutan DNA berulang secara tandem dengan pengulangan 1–5 pasang basa (Yulianti dan Reflinur 2015). Kelebihan marka SSR yaitu bersifat kodominan dan memiliki tingkat polimorfisme tinggi sehingga banyak diaplikasikan pada studi analisis diversitas genetik, genetika populasi, dan analisis sidik jari (Dosssett et al. 2012).

Saat ini, penelitian diversitas genetik tanaman kentang dengan memanfaatkan marka molekuler belum banyak dilakukan di Indonesia. Sebelumnya, Runtunuwu et al. (2011) dan Kawengian et al. (2016) telah memanfaatkan marka *Random Amplified Polymorphic DNA* (RAPD) dalam menganalisis diversitas genetik kentang, akan tetapi materi genetik dan marka molekuler yang digunakan jumlahnya masih terbatas. Sementara itu, Nugroho et al. (2015) telah menggunakan marka SSR yang berasal dari beberapa referensi untuk menganalisis diversitas genetik berbagai aksesi plasma nutfah kentang di Indonesia. Hasilnya menunjukkan bahwa aksesi SDG kentang

mengelompok menjadi dua klaster utama. Selain itu, pada penelitian tersebut juga berhasil diperoleh sembilan marka informatif yang potensial untuk digunakan pada studi diversitas genetik kentang.

Penelitian ini merupakan kelanjutan dari penelitian tersebut dengan menggunakan 14 genotipe plasma nutfah kentang dan analisis menggunakan marka SSR yang baru dirancang dari data urutan genom genotipe kentang nasional Indonesia hasil Konsorsium Genom BB Biogen (Rijzaani et al. 2016). Informasi mengenai diversitas genetika plasma nutfah kentang pada penelitian ini diharapkan dapat bermanfaat dalam mendukung program pemuliaan tanaman kentang di Indonesia. Selain itu, marka SSR kentang yang dirancang berdasarkan urutan genom genotipe kentang nasional yang digunakan pada penelitian ini diharapkan menghasilkan marka SSR informatif yang dapat dimanfaatkan pada karakterisasi molekuler tanaman kentang ke depan. Tujuan penelitian ini ialah menganalisis diversitas genetik 14 genotipe kentang berdasarkan karakter morfologi dan marka SSR hasil pengembangan sekuen genom genotipe kentang Indonesia.

## BAHAN DAN METODE

### Waktu dan Tempat

Penelitian ini dilaksanakan pada bulan November hingga Desember 2016 di Laboratorium Biologi Molekuler, Balai Besar Penelitian dan Pengembangan Bioteknologi dan Sumber Daya Genetik Pertanian, Bogor.

### Materi Genetik

Sebanyak 14 genotipe kentang koleksi Balitsa digunakan pada penelitian ini yang terdiri atas 11 varie-

tas unggul kentang Indonesia dan 3 genotipe introduksi yang berasal dari International Potato Center (CIP), Peru. Latar belakang genetik dan deskripsi morfologi genotipe kentang yang dianalisis pada penelitian ini disajikan pada Tabel 1. Tanaman kentang tersebut ditanam di Kebun Percobaan Balitsa, Lembang, Bandung Barat, Jawa Barat.

### Isolasi DNA Genomik

DNA genomik diisolasi menggunakan metode Doyle dan Doyle (1990) yang dimodifikasi. Sebanyak 0,5 gram potongan daun kentang digerus menggunakan *blue pestle* steril pada tabung Eppendorf 2 ml yang telah ditambahkan 800  $\mu$ l bufer ekstraksi (Tris-HCl 100 mM pH 8,0, NaCl 1,4 M, EDTA 20 mM pH 8,0, *cetyltrimethylammonium bromide* (CTAB) 2% (w/v). Modifikasi dilakukan dengan penambahan *Polyvinylpyrrolidone* (PVP) 2% (w/v), natrium disulfid 0,38% (w/v), dan merkaptoetanol 2% (v/v) ke dalam bufer ekstraksi. Pelet DNA yang terbentuk kemudian dikeringkan dengan *Speedvac™ Concentrator* (Thermo Scientific, AS), lalu dilarutkan dengan larutan TE (Tris 10 mM pH 8,0 dan EDTA 1 mM) yang ditambah RNase A (10 mg/ml). Selanjutnya, larutan stok DNA diinkubasi pada 37°C selama 1 jam dan disimpan pada -20°C hingga siap digunakan.

### PCR, Elektroforesis, dan Deteksi Pola Pita Marka SSR

Sebanyak 24 marka SSR baru dirancang dan primer dibuat berdasarkan variasi pada penjajaran urutan enam genotipe koleksi kentang nasional, yaitu Amudera, CIP392081, Margahayu, Merbabu, PP29, dan Repita. Karakteristik marka SSR yang digunakan pada penelitian ini disajikan pada Tabel 2. Urutan genom keenam genotipe kentang dari konstruksi

**Tabel 1.** Genotipe kentang yang digunakan pada penelitian ini beserta karakter morfologi dan skor untuk setiap karakter yang diamati dan digunakan pada analisis komponen utama (PCA)\* (Nugroho et al. 2015).

No.	Genotipe kentang yang dianalisis	Latar belakang genetik/ <i>pedigree</i>	Bentuk daun	Warna daun	Warna batang	Bentuk umbi	Warna kulit umbi	Warna daging umbi
1.	Atlantik	Introduksi dari Amerika Serikat	Oval (1)	Hijau (1)	Hijau (1)	Oval (1)	Putih (1)	Putih (1)
2.	Granola	Introduksi dari Jerman	Oval (1)	Hijau (1)	Hijau (1)	Oval (1)	Kuning keputihan (2)	Kuning (2)
3.	Granola Kembang	Seleksi tipe simpang Granola	Oval (1)	Hijau (1)	Hijau (1)	Oval (1)	Kuning keputihan (2)	Kuning (2)
4.	Repita	CIP 382121.25 × 575049	Oval (1)	Hijau (1)	Hijau (1)	Oval (1)	Krem (3)	Putih agak krem (3)
5.	Medians	Atlantik × CIP 393284.39	Oval (1)	Hijau (1)	Hijau (1)	Oval (1)	Kuning (4)	Putih (1)
6.	Margahayu	Hertha × FLS-17	Jorong (2)	Hijau (1)	Hijau (1)	Oval (1)	Krem (3)	Kuning (2)
7.	Merbabu17	IP 81001-1 × MF-1	Oval (1)	Hijau tua (2)	Hijau (1)	Oblong (2)	Kuning berbintik (5)	Kuning (2)
8.	GM05	Granola × Michigan Pink	Jorong (3)	Hijau (1)	Hijau (1)	Oval (1)	Kuning (4)	Kuning terang (4)
9.	Tenggo	Introduksi dari Peru	Oval (1)	Hijau (1)	Hijau (1)	Bulat (3)	Kuning pucat (6)	Krem (5)
10.	Maglia	Atlantik × CIP 391058.175	Oval (1)	Hijau (1)	Hijau (1)	Oval (1)	Kuning (4)	Putih (1)
11.	Amablie	Atlantik × CIP 393280.64	Oval (1)	Hijau (1)	Hijau garis ungu (2)	Oval (1)	Kuning (4)	Putih (1)
12.	CIP 397078.7	Introduksi dari Peru	Oval (1)	Hijau (1)	Hijau (1)	Oval (1)	Kuning (4)	Kuning (2)
13.	CIP 394613.139	Introduksi dari Peru	Oval (1)	Hijau tua (2)	Hijau (1)	Bulat (3)	Merah (7)	Kuning (2)
14.	CIP 392781.1	Introduksi dari Peru	Oval (1)	Hijau (1)	Hijau (1)	Oval (1)	Kuning (4)	Kuning terang (4)

\*Angka dalam kurung pada enam kolom terakhir menunjukkan nilai 'skor' setiap karakter morfologi yang diamati pada penelitian ini.

**Tabel 2.** Karakteristik marka SSR yang digunakan pada penelitian ini.

Marka SSR	Sekuen primer (5' → 3')	T <sub>m</sub> (°C)	Posisi marka SSR pada kromosom kentang
StSSRBio1.1	F: CAGTGGGAGCAATAATAATCA R: TGAGCTAGACTTGGTCTCAAA	50,1 53,2	1
StSSRBio1.2	F: GTGAAAACATAAGCCAAAAAC R: ACAGAGTTCCATGAAAAATGA	48,6 49,9	1
StSSRBio2.1	F: AACTTTGGATCTACCTCGTTC R: ACAAAGAATGACATTGACGT	52,1 50,4	2
StSSRBio2.2	F: TCATGTGCAGTTTGATATGTG R: TCGGTACCAGGAATAGTCATA	52,1 51,0	2
StSSRBio3.1	F: GTGATCTTGATGTTGCCTAAC R: TCCTGGAGTTGCTCTATTATG	51,5 51,4	3
StSSRBio3.2	F: TGATACAAAAGTGTAGCATTCA R: TGTTTCCAGAAACCCTAGATT	50,0 51,3	3
StSSRBio4.1	F: CAGTTATGAAAAATCTGGTCAA R: ACCAAGTTGACATGCAATAGA	48,9 52,1	4
StSSRBio4.2	F: TTATCTTCATTTAGCCACGAA R: CAATTGCTCTCATAAGTCCTG	49,4 51,0	4
StSSRBio5.1	F: AATTGAGTGACCATTGAGAAA R: GACTAATCAATTTCCATCTCG	49,9 48,7	5
StSSRBio5.2	F: CTTGTGATTATTCGATTTGGA R: CAGTAACCACCATAAAAGATTG	48,3 49,4	5
StSSRBio6.1	F: CAAGGAAGAGTGAGACTGAAG R: AGTTAAAGCTGATGATCAAA	52,5 47,0	6
StSSRBio6.2	F: TACTAGATGGCAAACCGTAG R: CGCATATGCATAATCTCATTT	51,9 48,8	6
StSSRBio7.1	F: CAACATTTTATCTTTGCCAAC R: TTTGGTTTTATGAAGATGGAG	48,5 48,3	7
StSSRBio8.1	F: GAGCATGGTGTACCTGTGTAT R: TAAAAAGGACCAGAACATCA	54,4 49,6	8
StSSRBio8.2	F: AAATTGATGACAGTGGAGATG R: TAGAACTCAATCAACCTTGGA	50,5 51,0	8
StSSRBio9.1	F: TTTGACATAATCACACAACA R: ATTGTAGCATTGAGGGTCTTT	50,1 51,9	9
StSSRBio9.2	F: CAAGTTTAGGGATGTTTTTGA R: AGAAGGAGCACCTCACTTTAT	48,7 53,3	9
StSSRBio10.1	F: TTTGATGGCTAATTTGGTAG R: TGGCAACTAACGTCTTAAATC	48,6 50,6	10
StSSRBio10.2	F: GAAAACCGTTGTTTTAGACTG R: GCACCTATTCAAAAAGCAATA	49,9 49,1	10
StSSRBio10.3	F: CTGTCGCTTTGCTAATTATTG R: ATGTGAATTAGTTGGTCGATT	49,9 49,7	10
StSSRBio11.1	F: TTCAGAACCGTAACTTCAAA R: AATAAAGCTGCTTGTGTATGC	50,0 51,5	11
StSSRBio11.2	F: ACGACAATAGGAGCATTG R: GCAAATCTGTGAGTTTCCTA	50,3 50,6	11
StSSRBio12.1	F: TTTTGTAAAAGAACGTCACC R: CCTGTACATCAATTCTGCACT	49,4 52,6	12
StSSRBio12.2	F: TAGATTTTGAGCAGGAAATTG R: CCATATAGCGACACTGATTA	48,6 51,5	12

pustaka genom, klusterisasi, dan sekuensing pada *HiSeq™2000 Sequencing System* (Illumina, AS) telah dilaporkan sebelumnya (Yuliana 2014). Dari urutan genom keenam genotipe kentang, dipilihlah fragmen dengan motif SSR bervariasi dari dinukleotida hingga heksanukleotida. Urutan dengan motif SSR berkualitas baik selanjutnya dipilih dan digunakan untuk mendesain marka SSR menggunakan program BatchPrimer 3. Urutan marka desain baru yang digunakan pada penelitian ini telah diunggah pada laman Pusat Genom Pertanian Indonesia (Balitbangtan 2017).

Amplifikasi PCR marka SSR dilakukan dengan total reaksi 10 µl yang terdiri atas 10 ng DNA *template* sebanyak 2 µl, *Kapa2G Fast ReadyMix PCR Mix* (Kapa Biosystems, AS) sebanyak 5 µl, primer *forward* dan *reverse* (10 µM) masing-masing sebanyak 0,5 µl, dan ddH<sub>2</sub>O steril. Reaksi PCR dilakukan dalam mesin PCR *T1 Thermocycler* (Biometra, Jerman) dengan profil PCR sebagai berikut: denaturasi awal dilakukan pada 95°C selama 5 menit, diikuti oleh sebanyak 35 siklus proses denaturasi pada 94°C selama 30 detik, tahap penempelan primer (*annealing*) pada 55°C selama 1 menit, dan tahap perpanjangan basa (*elongation*)

pada 72°C selama 1 menit. Reaksi PCR diakhiri dengan tahap akhir perpanjangan basa (*final extension*) pada 60°C selama 15 menit. Hasil PCR kemudian dielektroforesis dengan gel agarosa 4% pada tangki berisi bufer *Tris-acetate EDTA* (TAE) 1×, dengan tegangan 90 volt selama 3,5 jam. Hasil elektroforesis selanjutnya diwarnai dengan *SYBR® Gold Nucleic Acid Gel Stain* (Invitrogen, AS) dan divisualisasi dengan *UV Transilluminator* (UVP, UK).

### Analisis Data

Analisis komponen utama (PCA) untuk data morfologi dilakukan dengan menggunakan perangkat lunak XLSTAT (Addinsoft 2012). Data morfologi yang dianalisis meliputi bentuk daun, warna daun, warna batang, bentuk umbi, warna kulit umbi, dan warna daging umbi. Data morfologi hasil observasi tersebut masih berupa data kualitatif dan perlu dikuantifikasi terlebih dahulu dalam bentuk angka berdasarkan nilai skor tertentu seperti terlihat pada Tabel 1. Menurut Waluyo et al. (2011), analisis komponen utama dilakukan untuk melihat seberapa besar diversitas morfologi memberikan pengaruh terhadap diversitas genetik dari keempat belas genotipe kentang yang digunakan pada penelitian ini.

Analisis molekuler menggunakan marka SSR dilakukan dengan melakukan skoring terhadap hasil elektroforesis pola pita marka SSR pada gel agarosa 4% sebagai data biner. Pita hasil amplifikasi yang tervisualisasi pada gel dianggap sebagai satu alel. Pita-pita yang memiliki laju pergerakan yang sama dianggap sebagai lokus yang sama. Setiap pita yang muncul pada genotipe tertentu diberi skor 1, pita yang tidak muncul diberi skor 0, dan sampel yang tidak menghasilkan ampikon diberi skor 9 dan dianggap sebagai data hilang. Untuk mempermudah penentuan posisi pita marka SSR, pelaksanaan skoring pita DNA dibantu dengan perangkat lunak GelAnalyzer (Lazar 2010). Data hasil skoring kemudian dianalisis dengan program *Unweighted Pair-Group Method with Arithmetic-Sequential Agglomerative Hierarchical and Nested* (UPGMA-SAHN) pada perangkat lunak NTSYS versi 2.1 (Rohlf 2000). Nilai kesamaan genetik antarindividu dihitung berdasarkan koefisien *Simple Matching* (SM) menggunakan subprogram SIMQUAL. Hasil analisis kemudian disajikan dalam bentuk dendrogram dan matriks kesamaan genetik. Selanjutnya, data hasil skoring juga dianalisis dengan menggunakan perangkat lunak PowerMarker 3.25 (Liu dan Muse 2005) untuk mengetahui nilai frekuensi alel utama, diversitas genetik, *Polymorphic Information Content* (PIC), dan heterozigositas yang dihasilkan oleh setiap marka SSR yang digunakan.

## HASIL DAN PEMBAHASAN

### Keragaan Karakter Morfologi 14 Genotipe Kentang dan Analisis Komponen Utama

Sebanyak 14 genotipe kentang pada penelitian ini memiliki karakter morfologi kualitatif yang cukup beragam (Tabel 1). Berdasarkan bentuk daun, proporsi genotipe yang bertipe daun oval lebih banyak dibanding dengan tipe daun jorong. Sementara itu, seluruh genotipe yang digunakan memiliki daun berwarna hijau dengan intensitas yang bervariasi. Seperti halnya warna daun, variasi warna batang juga sangat kecil. Lain halnya dengan karakter bentuk umbi, warna kulit umbi, dan warna daging umbi yang memiliki variasi yang tinggi dan cukup beragam. Genotipe introduksi CIP 394613.139 dari Peru bahkan memiliki kulit umbi berwarna merah, yang jarang ditemukan pada genotipe-genotipe kentang yang dibudidayakan di Indonesia.

Hasil analisis hubungan antara 14 genotipe kentang berdasarkan karakter morfologi melalui analisis komponen utama disajikan dalam bentuk pengelompokan pada empat kuadran (Gambar 1). Tiap genotipe cenderung menyebar dalam empat kuadran. Genotipe Granola dan Granola Kembang pada kuadran I dan genotipe Maglia dan Medians pada kuadran III memiliki karakter morfologi yang sama persis sehingga keberadaannya saling tumpang tindih (*overlap*). Sementara, genotipe Tenggo pada kuadran II dan CIP 394613.139 pada kuadran IV terpisah jauh dari genotipe-genotipe lainnya yang berada pada satu kuadran. Sebagai contoh, Tenggo memiliki warna daging umbi krem yang tidak dimiliki genotipe lainnya, sementara genotipe CIP 394613.139 memiliki warna kulit umbi merah yang berbeda dengan warna kulit umbi genotipe lainnya (Tabel 1).

Hasil analisis komponen utama pada karakter morfologi menunjukkan bahwa PC1 memiliki *eigenvalue* sebesar 2,68 dan berkontribusi terhadap 44,61% diversitas total, sedangkan PC2 memiliki *eigenvalue* sebesar 1,72 dan berkontribusi terhadap 28,62% diversitas total di antara 14 genotipe kentang yang digunakan pada penelitian ini. Pada PC1, terdapat lima karakter yang memberikan pengaruh positif terhadap diversitas genetik, yaitu bentuk daun (0,34), warna daun (0,40), bentuk umbi (0,57), warna kulit umbi (0,51), dan warna daging umbi (0,32), sedangkan pada PC2 hanya terdapat dua karakter yang memberi kontribusi, yaitu bentuk daun (0,54) dan warna daging umbi (0,55) (Tabel 3, Gambar 2). Menurut Ameriana et al. dalam Gaswanto dan Kusmana (2008), terdapat delapan karakter yang menentukan tingkat preferensi konsumen terhadap

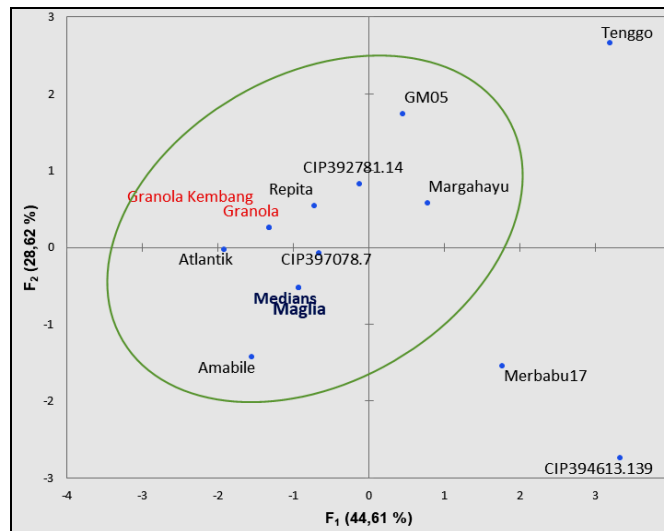
kentang, yaitu tekstur, rasa, bentuk umbi, ukuran umbi, kedalaman mata, jumlah mata, warna kulit, dan warna daging umbi. Arslanoglu et al. (2011) berpendapat bahwa tingginya diversitas genetik yang diakibatkan oleh karakter yang berkontribusi secara

positif tersebut dapat dimanfaatkan ke depannya dalam rangka seleksi tetua persilangan untuk menghasilkan varietas unggul baru dengan karakter morfo-agronomi sesuai yang diinginkan.

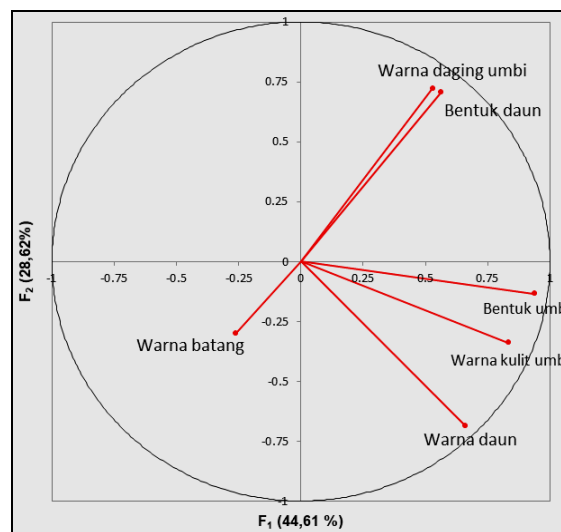
**Tabel 3.** Hasil analisis komponen utama 14 genotipe kentang.

Variabel	PC1	PC2
Bentuk daun	0,34	0,54
Warna daun	0,40	-0,52
Warna batang	-0,16	-0,23
Bentuk umbi	0,57	-0,10
Warna kulit umbi	0,51	-0,25
Warna daging umbi	0,32	0,55
<i>Eigenvalue</i>	2,68	1,72
Proporsi	44,61	28,62
Kumulatif	44,61	73,23

Observasi (sumbu F<sub>1</sub> dan F<sub>2</sub>: 73,23%).



**Gambar 1.** Pengelompokan 14 genotipe kentang berdasarkan karakter morfologi.



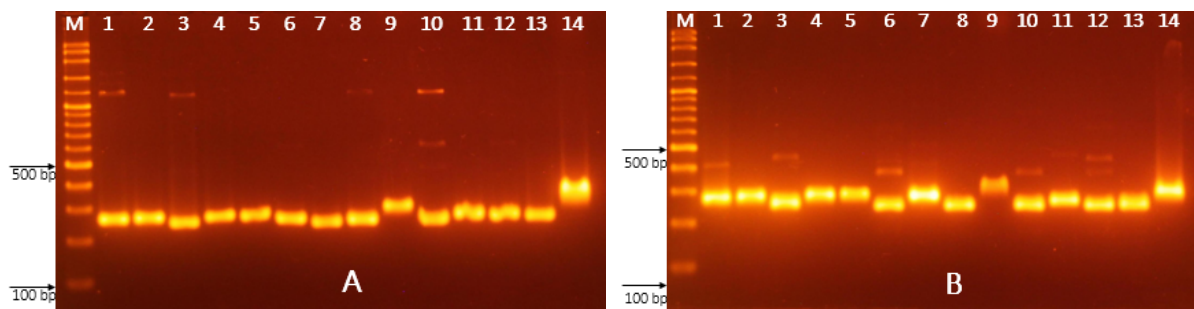
**Gambar 2.** Pola sebaran diversitas karakter morfologi hasil analisis komponen utama 14 genotipe kentang.

### Polimorfisme Marka SSR

Dari total 24 marka SSR yang digunakan pada penelitian ini, sebanyak dua marka, yaitu StSSRBio1.2 dan StSSRBio9.1, menunjukkan pola pita monomorfik sehingga tidak digunakan pada analisis selanjutnya. Sebanyak 22 marka SSR mampu menghasilkan pola pita polimorfik yang dapat diskor dan dianalisis lebih lanjut. Contoh pola pita dua marka SSR dianalisis pada 14 genotipe kentang hasil elektroforesis pada gel agarosa 4% disajikan pada Gambar 3. Sementara, ringkasan statistik analisis polimorfisme marka SSR yang diuji disajikan pada Tabel 4. Jumlah marka polimorfik yang dihasilkan pada penelitian ini jauh lebih banyak dibanding dengan hasil penelitian sebe-

lumnya (Nugroho et al. 2015) yang hanya memperoleh 12 marka polimorfik dari 19 marka yang digunakan. Persentase marka polimorfik yang diperoleh pada penelitian ini sebesar 91,6%, meningkat dari penelitian sebelumnya yang hanya sebesar 63,2%.

Analisis polimorfisme menunjukkan bahwa sebanyak 196 alel marka SSR berhasil dideteksi pada 14 genotipe kentang dengan menggunakan 22 marka SSR. Rataan jumlah alel per lokus SSR sebesar 8,9 dengan kisaran 5–13 alel per lokus. Rataan jumlah alel yang diobservasi pada 14 genotipe kentang pada penelitian ini lebih tinggi dibanding dengan hasil penelitian Rosa et al. (2010) yang menggunakan 24 marka dengan rata-rata 5,3 alel; Carputo et al. (2013) yang menggunakan 12 marka dengan rata-rata 5 alel;



**Gambar 3.** Contoh pola pita yang divisualisasikan pada elektroforesis gel agarosa 4% dengan menggunakan marka StSSRBio10.2 dan StSSRBio10.3. (A) Pola pita dengan marka StSSRBio10.2. (B) Pola pita dengan marka StSSRBio10.3. M = DNA ladder 100 bp, 1 = Tenggo, 2 = Amabile, 3 = Merbabu17, 4 = Granola, 5 = GM05, 6 = Medians, 7 = Atlantik, 8 = Granola kembang, 9 = Maglia, 10 = CIP394613.139, 11 = CIP392781.1, 12 = CIP397078.7, 13 = Repita, 14 = Margahayu.

**Tabel 4.** Jumlah alel, frekuensi alel utama, diversitas gen, heterozigositas, dan tingkat polimorfisme yang dihasilkan dari 14 genotipe kentang pada penelitian ini.

Marka	Jumlah alel	Kisaran ukuran alel (bp)	Frekuensi alel utama	Polymorphism Information Content (PIC)	Diversitas gen	Heterozigositas
StSSRBio1.1	5	248-305	0,43	0,66	0,70	0
StSSRBio2.1	14	259-345	0,18	0,88	0,89	0,71
StSSRBio2.2	6	260-284	0,36	0,76	0,79	0
StSSRBio3.1	8	213-247	0,21	0,83	0,85	0
StSSRBio3.2	9	263-313	0,15	0,86	0,88	0
StSSRBio4.1	8	147-194	0,23	0,83	0,85	0
StSSRBio4.2	8	203-240	0,25	0,83	0,85	0
StSSRBio5.1	9	242-298	0,23	0,85	0,86	0
StSSRBio5.2	11	257-351	0,17	0,89	0,9	0
StSSRBio6.1	8	229-293	0,21	0,83	0,85	0
StSSRBio6.2	10	243-318	0,14	0,88	0,89	0
StSSRBio7.1	7	255-307	0,21	0,82	0,84	0
StSSRBio8.1	13	179-264	0,14	0,91	0,92	0
StSSRBio8.2	9	229-276	0,21	0,85	0,87	0
StSSRBio9.2	10	273-347	0,14	0,88	0,89	0
StSSRBio10.1	10	219-291	0,14	0,89	0,90	0
StSSRBio10.2	11	253-391	0,21	0,85	0,87	0
StSSRBio10.3	9	255-328	0,14	0,89	0,90	0,29
StSSRBio11.1	7	257-290	0,25	0,81	0,83	0
StSSRBio11.2	9	240-294	0,23	0,85	0,86	0
StSSRBio12.1	7	255-305	0,25	0,81	0,83	0
StSSRBio12.2	8	257-322	0,23	0,82	0,84	0
Jumlah	196					
Rataan	8,9		0,22	0,84	0,86	0,05

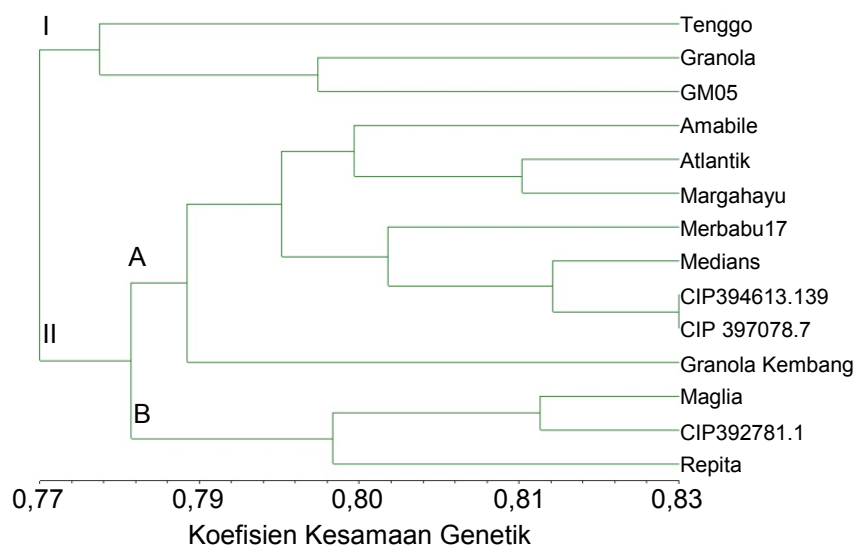
Nugroho et al. (2015) yang menggunakan 12 marka dengan rata-rata 5 alel. Namun, rata-rata tersebut lebih rendah dibanding dengan hasil penelitian Liao dan Guo (2014) yang sebesar 12,7 alel per lokus menggunakan 24 marka dan 85 aksesori. Selain banyaknya marka yang digunakan, banyaknya sampel, diversitas sampel, dan tingkat resolusi gel yang digunakan sangat berpengaruh terhadap jumlah alel yang diperoleh (Tasliyah et al. 2016). Penggunaan gel agarosa yang memiliki ukuran pori lebih besar akan memberikan hasil yang berbeda dengan gel poliakrilamid yang ukuran porinya lebih kecil. Semakin banyak jumlah alel yang dideteksi menurut Santoso et al. (2006) akan bermanfaat bila alel tersebut berkaitan dengan gen-gen yang berhubungan dengan karakter unggul tertentu dan hanya dimiliki oleh aksesori plasma nutfah tertentu saja.

Rataan frekuensi alel utama yang diperoleh sebesar 22% dengan nilai terendah sebesar 14% pada marka StSSRBio6.2, StSSRBio8.1, StSSRBio9.2, dan StSSRBio10.1 serta nilai tertinggi sebesar 43% pada marka StSSRBio1.1. Nilai diversitas gen atau heterozigositas yang diharapkan ( $H_e$ ), yang menurut Kandemir et al. (2010) menunjukkan seberapa besar diversitas genetik dalam suatu populasi, berkisar antara 0,70 (StSSRBio1.1) dan 0,92 (StSSRBio8.1) dengan rata-rata sebesar 0,86. Sementara, nilai heterozigositas yang diobservasi ( $H_o$ ) berkisar antara 0 dan 0,71 dengan rata-rata sebesar 0,05. Heterozigositas yang diobservasi hanya dapat terdeteksi pada dua lokus saja, yaitu lokus StSSRBio2.1 dan StSSRBio10.3, sementara kedua puluh lokus lainnya memiliki nilai heterozigositas 0 dan tidak mampu

membedakan alel heterozigot pada aksesori kentang yang digunakan.

Rendahnya tingkat heterozigositas pada genotipe tanaman kentang diduga akibat perbanyakannya tanaman kentang yang lebih banyak dilakukan secara vegetatif (Pangemanan et al. 2013) serta diversitas varietas yang ditanam sempit akibat rendahnya minat petani untuk membudidayakan varietas baru (Kusmana dan Basuki 2004). Bila kondisi ini terus dibiarkan, dikhawatirkan diversitas genetik tanaman kentang di Indonesia akan semakin menurun yang akan menyebabkan terjadinya stagnasi pada program pemuliaan kentang (Pangemanan et al. 2013). Menurut Yusron (2005), populasi yang memiliki diversitas genetik tinggi akan mempunyai peluang hidup yang lebih baik, sebaliknya populasi dengan tingkat diversitas genetik rendah memiliki kemampuan yang lebih kecil dalam merespons perubahan lingkungan. Salah satu alternatif dalam meningkatkan diversitas genetik varietas kentang yang ada di Indonesia yaitu melalui introduksi varietas dari luar, sebagai sumber gen-gen yang berperan penting dalam perakitan varietas unggul baru (Hakim 2008).

Nilai PIC yang menunjukkan tingkat polimorfisme marka, berkisar antara 0,66 (StSSRBio1.1) dan 0,91 (StSSRBio8.1) dengan rata-rata sebesar 0,84. Menurut kriteria Hildebrand et al. (1994), marka yang sangat informatif memiliki nilai PIC  $>0,7$ . Berdasarkan kriteria tersebut, sebanyak 21 marka dari total 22 marka SSR yang dianalisis pada penelitian ini bersifat sangat informatif dan bermanfaat untuk membedakan aksesori plasma nutfah kentang ke depannya dalam rangka mendukung program pemuliaan ta-



**Gambar 4.** Dendrogram 14 genotipe kentang hasil analisis menggunakan 22 marka SSR. Dendrogram dikonstruksi dengan menggunakan program UPGMA-SAHN.



naman kentang di Indonesia. Hanya terdapat satu marka yang bersifat kurang informatif pada penelitian ini yaitu marka StSSRBio1.1 dengan nilai PIC 0,66 (Tabel 4).

### Analisis Filogenetik

Hasil analisis filogenetik menunjukkan bahwa 14 genotipe kentang yang digunakan pada penelitian ini memisah menjadi dua klaster utama pada koefisien kesamaan 0,77 (Gambar 4). Klaster pertama terdiri atas tiga genotipe, yaitu Tenggo, Granola, dan GM05, sedangkan klaster kedua terdiri atas sebelas genotipe. Klaster kedua terbagi menjadi dua subklaster, yaitu subklaster IIA yang merupakan subklaster dengan kepadatan tertinggi sebanyak delapan genotipe (Amabile, Atlantik, Margahayu, Merbabu17, Medians, CIP394613.139, CIP397078.7 dan Granola Kembang) dan subklaster IIB sebanyak tiga genotipe (Maglia, CIP392781.1, dan Repita).

Pada dendrogram terlihat bahwa genotipe Granola mengelompok pada klaster yang sama dengan GM05 dengan nilai kesamaan genetik 80% (Gambar 4, Tabel 5). Kedua genotipe tersebut memiliki hubungan kekerabatan yang dekat karena genotipe GM05 merupakan hasil persilangan antara genotipe Granola dan Michigan Pink (Tabel 1). Hasil serupa diperoleh sebelumnya pada penelitian Nugroho et al. (2015), kedua genotipe tersebut berada pada klaster yang sama.

Pada klaster kedua, genotipe Amabile, Medians, dan Maglia mengelompok bersama tetua betinanya yaitu Atlantik. Menurut matriks kesamaan genetik, di antara ketiga genotipe tersebut Amabile merupakan genotipe yang memiliki nilai kesamaan genetik paling besar dengan Atlantik sebesar 80%, disusul Medians sebesar 79%. Sementara, genotipe Maglia memiliki nilai kesamaan genetik dengan Atlantik paling kecil sebesar 77% dan genotipe tersebut berada pada subklaster yang terpisah dari Atlantik. Atlantik berada pada subklaster IIA, sedangkan Maglia berada pada subklaster IIB (Gambar 4). Pada klaster ini, genotipe Margahayu juga memiliki kesamaan genetik yang tinggi dengan Atlantik sebesar 81% (Tabel 5). Genotipe tersebut telah dilepas sebagai varietas pada tahun 2008 dengan keunggulan berupa potensi hasil tinggi 18–23 t/ha, umur panen 90–100 hari serta rasa umbinya yang cocok dijadikan olahan keripik (Asgar dan Rahayu 2014). Ke depannya, genotipe Margahayu memiliki potensi untuk dikembangkan sebagai bahan baku industri keripik sehingga mengurangi ketergantungan petani terhadap penggunaan genotipe Atlantik yang penyediaan benihnya masih dikuasai oleh perusahaan besar.

Sementara itu, genotipe Medians dan Maglia yang posisinya tumpang tindih pada analisis komponen utama (Gambar 1) karena identik secara morfologi, ternyata secara molekuler berada pada klaster yang sama namun pada subklaster yang terpisah. Genotipe Medians berada pada subklaster IIA, sedangkan genotipe Maglia berada pada subklaster IIB. Kesamaan genetik di antara keduanya juga hanya sebesar 78%. Hal ini menunjukkan bahwa dua genotipe yang memiliki karakter morfologi yang sama belum tentu memiliki kesamaan genetik yang tinggi. Itulah sebabnya, menurut Ghislain et al. (2004) marka SSR dapat menjadi *tool* yang efektif dalam pembuatan sidik jari tanaman dalam rangka perlindungan suatu varietas. Hal senada diungkapkan oleh Moeljopawiro (2010) yang menyatakan bahwa marka SSR dapat dimanfaatkan untuk uji Baru Unik Seragam dan Stabil (BUSS) dalam perlindungan varietas tanaman.

Marka SSR yang digunakan pada penelitian ini juga mampu mendiskriminasi dua genotipe dengan nama serupa, yaitu Granola dan Granola Kembang. Kedua genotipe tersebut memiliki karakter morfologi yang sama (Tabel 1) dan saling tumpang tindih pada kuadran I (Gambar 1), namun analisis molekuler menunjukkan keduanya berada pada klaster yang terpisah dengan nilai kesamaan genetik sebesar 77% (Gambar 4, Tabel 5). Hasil yang sama diperlihatkan oleh Nugroho et al. (2015) pada penelitian sebelumnya, genotipe Granola dan Granola Kembang berada pada klaster yang terpisah. Genotipe Granola Kembang berasal dari daerah Pasuruan, Jawa Timur dan merupakan tipe simpang (*off-type*) dari genotipe Granola. Tipe simpang dapat muncul akibat masih terdapatnya tanaman sisa musim sebelumnya yang dapat menjadi sumber kontaminasi dan menyebabkan terjadinya penyerbukan yang tak dikehendaki (Nugraha et al. 2009). Pada kegiatan produksi benih, tipe simpang umumnya dihilangkan pada saat kegiatan *roguing* agar kemurnian genetik benih yang diproduksi tetap tinggi.

Ketiga genotipe introduksi asal CIP Peru yang digunakan pada penelitian ini mengelompok seluruhnya pada klaster kedua. Genotipe CIP394613.139 dan CIP397078.7 berada pada subklaster yang sama yaitu subklaster IIA, sedangkan genotipe CIP392781.1 berada pada subklaster IIB. Genotipe CIP394613.139 dan CIP397078.7 bahkan memiliki nilai kesamaan genetik paling besar yaitu 83% (Tabel 5). Kedua genotipe tersebut tidak potensial untuk dijadikan sebagai tetua persilangan karena kesamaan genetiknya yang tinggi yang dapat menyebabkan terjadinya depresi silang dalam (*inbreeding depression*). Menurut Pandin

Tabel 5. Matriks kesamaan genetik 14 genotipe kentang hasil analisis menggunakan 22 marka SSR.

Sampel	Tenggo	Amabile	Merbabu17	Granola	GM05	Medians	Atlantik	Granola Kembang	Maglia	CIP 394613.139	CIP 392781.1	CIP 397078.7	Repita	Margahayu
Tenggo	1,00													
Amabile	0,78	1,00												
Merbabu17	0,80	0,78	1,00											
Granola	0,77	0,78	0,79	1,00										
GM05	0,79	0,79	0,77	0,80	1,00									
Medians	0,78	0,77	0,81	0,78	0,77	1,00								
Atlantik	0,79	0,80	0,80	0,76	0,78	0,79	1,00							
Granola Kembang	0,77	0,77	0,80	0,77	0,78	0,81	0,78	1,00						
Maglia	0,76	0,77	0,78	0,78	0,76	0,78	0,77	0,78	1,00					
CIP394613.139	0,77	0,78	0,80	0,77	0,77	0,82	0,81	0,80	0,77	1,00				
CIP392781.1	0,78	0,78	0,77	0,76	0,79	0,79	0,79	0,80	0,82	0,78	1,00			
CIP397078.7	0,77	0,80	0,81	0,77	0,77	0,81	0,79	0,77	0,76	0,83	0,77	1,00		
Repita	0,78	0,76	0,79	0,77	0,77	0,80	0,77	0,78	0,79	0,81	0,81	0,80	1,00	
Margahayu	0,77	0,80	0,79	0,77	0,78	0,79	0,81	0,78	0,80	0,82	0,80	0,81	0,80	1,00

(2009), depresi silang-dalam merupakan gejala penurunan tingkat kekekanan (*vigor*) suatu tanaman akibat persilangan antarindividu berkerabat dekat yang meningkatkan peluang homozigositas. Selain menyebabkan penurunan *vigor*, depresi silang-dalam juga dapat menimbulkan efek negatif lain, seperti tanaman berukuran pendek, mudah rebah, dan peka terhadap serangan hama dan penyakit (Rahmawati et al. 2014).

Sementara itu, heterosis, bentuk kebalikan dari depresi silang-dalam, merupakan kondisi saat progeni yang dihasilkan memiliki *vigor* lebih tinggi dibanding dengan kedua tetuanya (Daryanto et al. 2010). Heterosis dapat terjadi melalui perkawinan dua tetua dengan jarak genetik jauh dan variasi genetik yang tinggi (Hidayati et al. 2016). Pada penelitian ini terdapat enam pasang genotipe dengan kesamaan genetik paling kecil sebesar 76%, yaitu Tenggo dan Maglia, GM05 dan Maglia, Amabile dan Repita, Granola dan Atlantik, Granola dan CIP392781.1, dan Maglia dan CIP397078.7. Pasangan genotipe tersebut potensial untuk dijadikan sebagai tetua persilangan karena jarak genetik yang cukup jauh sehingga peluang terjadinya depresi silang-dalam lebih kecil.

## KESIMPULAN

Analisis komponen utama menunjukkan bahwa karakter bentuk daun, warna daun, bentuk umbi, warna kulit umbi, dan warna daging umbi berkontribusi besar terhadap diversitas total. Sebanyak 22 marka dari 24 marka SSR yang digunakan pada penelitian polimorfik (91,6% polimorfisme) dan mampu membedakan genotipe-genotipe yang memiliki kemiripan morfologi namun berbeda secara genetik. Sebanyak 21 marka memiliki nilai PIC >0,7 dan bersifat sangat informatif untuk menganalisis diversitas genetik tanaman kentang di Indonesia ke depan.

Keempat belas genotipe kentang yang dianalisis mengelompok menjadi dua kluster utama pada koefisien kesamaan genetik 0,77. Terdapat enam pasang genotipe yang potensial untuk dijadikan tetua persilangan karena jarak genetik yang cukup jauh, yaitu Tenggo dan Maglia, GM05 dan Maglia, Amabile dan Repita, Granola dan Atlantik, Granola dan CIP392781.1, dan Maglia dan CIP397078.7. Marka SSR dan informasi diversitas genetik genotipe kentang hasil penelitian ini akan bermanfaat untuk mendukung program pemuliaan kentang nasional ke depan.

## UCAPAN TERIMA KASIH

Penelitian ini didanai melalui APBN Balai Besar Penelitian dan Pengembangan Bioteknologi dan Sumber Daya Genetik Pertanian, Balitbangtan, Kementan (DIPA No. 1798.012.011). Penulis menyampaikan terima kasih kepada Tim Genom BB Biogen yang telah membantu kegiatan penelitian ini. Penulis juga menyampaikan terima kasih kepada Prof. Dewa Sadra Swastika atas masukannya dalam proses penulisan naskah ini.

## KONTRIBUTOR PENULISAN

KN: kontributor utama, analisis molekuler, dan pengolahan data. RTT: kontributor utama, analisis molekuler, dan pengolahan data. KUS: kontributor anggota, pengamatan morfologi. PL: kontributor anggota, penanggung jawab ROPP. IMT: kontributor anggota, penanggung jawab RPTP.

## DAFTAR PUSTAKA

Addinsoft (2011) *XLSTAT-Statistics package for Excel*. [Online] Available from: <http://www.xlstat.com> [Accessed 10 October 2017].

- Arslanoglu, F., Aytac, S. & Oner, E.K. (2011) Morphological characterization of the local potato (*Solanum tuberosum* L.) genotypes collected from the Eastern Black Sea Region of Turkey. *African Journal of Biotechnology*, 10 (6), 922–932.
- Asgar, A. & Rahayu, S.T. (2014) Pengaruh suhu penyimpanan dan waktu pengkondisian untuk mempertahankan kualitas kentang kultivar Margahayu. *Berita Biologi*, 13 (3), 283–293.
- Asgar, A., Rahayu, S.T., Kusmana, M. & Sofiari, E. (2011) Uji kualitas umbi beberapa klon kentang untuk keripik. *Jurnal Hortikultura*, 21 (1), 51–59.
- Balitbangtan (2017) *Pusat Genom Pertanian Indonesia* [Online] Tersedia pada: [www.genom.litbang.pertanian.go.id](http://www.genom.litbang.pertanian.go.id) [Diakses 20 Oktober 2017].
- Bermawie, N., Purwiyanti, S., Melati & Meilawati, N.L.W. (2012) Karakter morfologi, hasil, dan mutu enam genotip lengkuas pada tiga agroekologi. *Buletin Penelitian Tanaman Rempah dan Obat*, 23 (2), 125–135.
- Carputo, D., Alioto, D., Aversano, R., Garramone, R., Miraglia, V., Villano, C. & Frusciante, L. (2013) Genetic diversity among potato species as revealed by phenotypic resistances and SSR markers. *Plant Genetic Resources: Characterization and Utilization*, 11 (2), 131–139.
- Daryanto, A., Sujiprihati, S. & Syukur, M. (2010) Heterosis dan daya gabung karakter agronomi cabai (*Capsicum annuum* L.) hasil persilangan *half diallel*. *Jurnal Agronomi Indonesia*, 38 (2), 113–121.
- Dossett, M., Bassil, N.V., Lewers, K.S. & Finn, C.E. (2012) Genetic diversity in wild and cultivated black raspberry (*Rubus occidentalis* L.) evaluated by Simple Sequence Repeat markers. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 59, 1849–1865.
- Doyle, J.J. & Doyle, J.L. (1990) Isolation of plant DNA from fresh tissue. *Focus*, 12, 13–15.
- Gaswanto, R. & Kusmana. (2008) Karakterisasi dan seleksi 139 galur kentang. *Buletin Plasma Nutfah*, 14 (1), 1–7.
- Ghislain, M., Spooner, D.M., Rodriguez, F., Villamon, F., Nunez, J., Vasquez, C., Waugh, R. & Bonierbale, M. (2004) Selection of highly informative and user-friendly microsatellites (SSRs) for genotyping of cultivated potato. *Theoretical and Applied Genetics*, 108, 881–890.
- Hakim, L. (2008) Konservasi dan pemanfaatan sumber daya genetik kacang hijau. *Jurnal Litbang Pertanian*, 27 (1), 16–23.
- Handayani, T., Sofiari, E. & Kusmana. (2011) Karakterisasi morfologi klon kentang di dataran medium. *Buletin Plasma Nutfah*, 17 (2), 116–121.
- Herman, M. (2010) Aplikasi teknik rekayasa genetik dalam perbaikan sumber daya genetik tanaman untuk ketahanan cekaman biotik. *Buletin Plasma Nutfah*, 16 (1), 72–84.
- Hidayati, N.Z., Saptadi, D. & Soetopo, L. (2016) Analisis hubungan kekerabatan 20 spesies anggrek *Dendrobium* berdasarkan karakter morfologi. *Jurnal Produksi Tanaman*, 4 (4), 291–297.
- Hildebrand, C.E., David, C., Torney, C. & Wagner, P. (1994) Informativeness of polymorphic DNA markers. In: Cooper, N.G. (ed.) *The Human Genome Project: Deciphering the blueprint of heredity*. [e-book] Mill Valley, CA, USA, University Science Books, pp. 100–102. Available from: <https://fas.org/sgp/othergov/doi/lanl/pubs/00326695.pdf> [Accessed 20 November 2017].
- Jonah, P.M., Bello, L.L., Lucky, O., Midau, A. & Moruppa, S.M. (2011) Review: The importance of molecular markers in plant breeding programmes. *Global Journal of Science Frontier Research*, 11 (5), 5–12.
- Kandemir, N., Yilmaz, G., Karan, Y.B. & Borazan, D. (2010) Development of a simple sequence repeat (SSR) marker set to fingerprint local and modern potato varieties grown in Central Anatolian Plateau in Turkey. *African Journal of Biotechnology*, 9 (34), 5516–5522.
- Kawengian, Y.B., Lengkong, E. & Mandang, J. (2016) Keragaman genetik beberapa varietas kentang (*Solanum tuberosum* L.) berdasarkan penanda *random amplified polymorphic DNA* (RAPD). *Bioslogos*, 6 (2), 60–67.
- Kurniawan, H. & Suganda, T. (2014) Uji kualitas ubi beberapa klon kentang hasil persilangan untuk bahan baku keripik. *Jurnal Agro*, 1 (1), 33–43.
- Kusmana (2012) Uji adaptasi klon kentang hasil persilangan varietas Atlantik sebagai bahan baku keripik kentang di dataran tinggi Pangalengan. *Jurnal Hortikultura*, 22 (4), 342–348.
- Kusmana & Basuki, R.S. (2004) Produksi dan mutu umbi klon kentang dan kesesuaiannya sebagai bahan baku kentang goreng dan keripik kentang. *Jurnal Hortikultura*, 14 (4), 246–252.
- Kuswandi, Sobir & Suwarno, W.B. (2014) Keragaman genetik plasma nutfah rambutan di Indonesia berdasarkan karakter morfologi. *Jurnal Hortikultura*, 24 (4), 289–298.
- Lazar, I. (2010) *GelAnalyzer 2010 user's manual*. [Online] Available from: [http://www.gelanalyzer.com/downloads/users\\_manual\\_2010.pdf](http://www.gelanalyzer.com/downloads/users_manual_2010.pdf) [Accessed 20 Oktober 2017].
- Liao, H. & Guo, H. (2014) Using SSR to evaluate the genetic diversity of potato cultivars from Yunnan province (SW China). *Acta Biologica Cracoviensia Series Botanica*, 56 (1), 16–27.
- Liu, K. & Muse, S.V. (2005) *PowerMarker: An integrated analysis environment for genetic marker analysis*. Raleigh, NC, USA, Bioinformatics Research Center, North Carolina State University.
- Moeljopawiro, S. (2010) Marka mikrosatelit sebagai alternatif uji BUSS dalam perlindungan varietas tanaman padi. *Buletin Plasma Nutfah*, 16 (1), 1–7.

- Nugraha, U.S., Wahyuni, S., Samaullah, M.Y. & Ruskandar, A. (2009) *Sistem perbenihan padi*. [Online] Tersedia pada: [http://www.litbang.pertanian.go.id/special/padi/bbpadi\\_2009\\_itp\\_04.pdf](http://www.litbang.pertanian.go.id/special/padi/bbpadi_2009_itp_04.pdf) [Diakses 20 Oktober 2017].
- Nugroho, K., Reflinur, Lestari, P., Rosdianti, I., Terryana, R.T., Kusmana & Tasma, I.M. (2015) Keragaman genetika empat belas aksesori kentang (*Solanum tuberosum* L.) berdasarkan marka SSR dan STS. *Jurnal AgroBiogen*, 11 (2), 41–48.
- Nurkanto, A. & Agusta, A. (2015) Identifikasi molekular dan karakterisasi morfo-fisiologi *Actinomyces* penghasil senyawa antimikroba. *Jurnal Biologi Indonesia*, 11 (2), 195–203.
- Pandin, D. (2009) Depresi silang-dalam kelapa dalam Mapanget berdasarkan penanda mikrosatelit (SSR). *Buletin Palma*, 37, 127–137.
- Pangemanan, V., Runtuuwu, D.S. & Pongoh, J. (2013) Variabilitas genetik dan heritabilitas karakter morfologis beberapa genotipe kentang. *Eugenia*, 19 (2), 146–152.
- Rahmawati, D., Yudistira, T. & Mukhlis, S. (2014) Uji *inbreeding depression* terhadap karakter fenotipe tanaman jagung manis (*Zea mays* var. *saccharata* Sturt) hasil *selfing* dan *open pollinated*. *Jurnal Ilmiah Inovasi*, 14 (2), 144–155.
- Reflinur, Lestari, P. & Lee, S.H. (2016) The potential use of SSR markers to support the morphological identification of Indonesian mungbean varieties. *Indonesian Journal of Agricultural Science*, 17 (2), 65–74.
- Rijaani, H., Lestari, P., Tasma, I.M. & Priyatno, T.P. (2016) Pusat genom komoditas pertanian Indonesia. *Warta Balitbangtan*, 38 (4), 15–16.
- Rohlf, F.J. (2000) *NTSYS-pc: Numerical taxonomy and multivariate analysis system, version 2.1*. Exeter Software Setauket, New York, USA.
- Rosa, P.M., de Campos, T., de Sousa, A.C.B., Sforça, D.A., Torres, G.A.M. & de Souza, A.P. (2010) Potato cultivar identification using molecular markers. *Pesquisa Agropecuaria Brasileira*, 45 (1), 110–113.
- Runtuuwu, D.S., Rogi, J.E.X. & Palendeng, J.H. (2011) Identifikasi varietas kentang "Superjohn" berdasarkan penanda RAPD (*random amplified polymorphic DNA*). *Eugenia*, 17 (1), 1–8.
- Santoso, T.J., Utami, D.W. & Septiningsih, E.M. (2006) Analisis sidik jari DNA plasma nutfah kedelai menggunakan markah SSR. *Jurnal AgroBiogen*, 2 (1), 1–7.
- Sayaka, B. & Hestina, J. (2011) Kendala adopsi benih bersertifikat untuk usahatani kentang. *Forum Penelitian Agro Ekonomi*, 29 (1), 27–41.
- Sihono, Wijaya, M.I. & Human, S. (2010) Perbaikan kualitas sorgum manis melalui teknik mutasi untuk bioetanol. *Prosiding Pekan Serealia Nasional*, 438–445.
- Sitairesmi, T., Wening, R.H., Rakhmi, A.T., Yunani, N. & Susanto, U. (2015) Pemanfaatan plasma nutfah padi varietas lokal dalam perakitan varietas unggul. *Iptek Tanaman Pangan*, 8 (1), 22–30.
- Sunaryo, W. (2015) Review: Aplikasi *DNA barcoding* untuk analisis keragaman genetik lai-durian (*Durio zibethinus* × *kutejensis*) asal Kalimantan Timur. *Prosiding Seminar Nasional Masyarakat Biodiversitas Indonesia*, 1273–1277.
- Surmaini, E., Runtuuwu, E. & Las, I. (2011) Upaya sektor pertanian dalam menghadapi perubahan iklim. *Jurnal Litbang Pertanian*, 30 (1), 1–7.
- Tasliah, Karsinah & Prasetyono, J. (2016) Keragaman sebelas klon mangga komersial Indonesia. *Jurnal Hortikultura*, 26 (1), 31–40.
- Waluyo, B., Rahmannisa, S.L. & Karuniawan, A. (2011) *Diversitas morfologi dan fenologi serta ancaman kepunahan terhadap varietas lokal ubi jalar asal Cilembu*. [Online] Seminar Nasional Keaneka-an Hayati dan Layanan Ekosistem. Bandung, 20 September. Tersedia pada: [https://www.researchgate.net/profile/Budi\\_Waluyo3/publication/248399961\\_Diversitas\\_morfologi\\_dan\\_fenologi\\_serta\\_ancaman\\_kepunahan\\_terhadap\\_varietas\\_lokal\\_ubi\\_jalar\\_asal\\_Cilembu/links/593e27b10f7e9b3317c5510f/Diversitas-morfologi-dan-fenologi-serta-ancaman-kepunahan-terhadap-varietas-lokal-ubi-jalar-asal-Cilembu.pdf](https://www.researchgate.net/profile/Budi_Waluyo3/publication/248399961_Diversitas_morfologi_dan_fenologi_serta_ancaman_kepunahan_terhadap_varietas_lokal_ubi_jalar_asal_Cilembu/links/593e27b10f7e9b3317c5510f/Diversitas-morfologi-dan-fenologi-serta-ancaman-kepunahan-terhadap-varietas-lokal-ubi-jalar-asal-Cilembu.pdf) [Diakses 20 Oktober 2017].
- Yuliana (2014) *Konstruksi dan analisis kualitas pustaka genom kentang (Solanum tuberosum L.) untuk sekuensing genom total*. Skripsi. Institut Pertanian Bogor.
- Yuliasti & Reflinur (2015) Evaluation of mungbean mutant lines to drought stress and their genetic relationships using SSR markers. *Atom Indonesia*, 41 (3), 161–167.
- Yusron, E. (2005) Pemanfaatan keragaman genetik dalam pengelolaan sumberdaya hayati laut. *Oseana*, 30 (2), 29–34.
-