

**LAPORAN PENELITIAN
PENELITIAN DASAR KEILMUAN (PDK)**



**ANALISIS KERAGAMAN GENETIK TANAMAN TERONG (*Solanum melongena* L.)
DAN SPESIES SEJENISNYA DENGAN MENGGUNAKAN PENANDA RAPD**

Oleh :

Susilo, S.Pd., M.Si (NIDN. 0326028502/ Ketua)

Dra. Maryanti Setyaningsih, M.Si (NIDN. 0022126501/ Anggota)

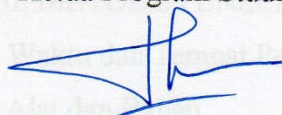
**PROGRAM STUDI PENDIDIKAN BIOLOGI
FAKULTAS KEGURUAN DAN ILMU PENDIDIKAN
UNIVERSITAS MUHAMMADIYAH PROF. DR. HAMKA**

2017

HALAMAN PENGESAHAN
PENELITIAN DASAR KEILMUAN (PDK)

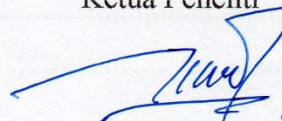
Judul Penelitian	: Analisis Keragaman Genetik Tanaman Terong (<i>Solanum melongena</i> L.) dan Spesies Sejenisnya Dengan Menggunakan Penanda RAPD
Ketua Peneliti	
a. Nama Lengkap	: Susilo, S.Pd., M.Si.
b. NPD/NIDN	: 0326028502
c. Jabatan Fungsional	: Asisten Ahli/IIIb
d. Fakultas/Program Studi	: KIP/Biologi
e. Nomor HP	: 0817220185
f. e-mail	: susilo@uhamka.ac.id
Anggota Peneliti I	
a. Nama Lengkap	: Dra. Maryanti Setyaningsih, M.Si
b. NPD/NIDN	: 0022126501
c. Fakultas/Program Studi	: KIP/Biologi
Lama Penelitian	: 1 Tahun
Luaran Penelitian	1. Prossiding Seminar Nasional
Biaya Penelitian	Rp. 10.500.000;

Mengetahui
Ketua Program Studi



(Dr. Susanti Murwitaningsih, M.Pd)
NIDN. 0026086006

Jakarta, 16 Juli 2017
Ketua Peneliti



(Susilo, S.Pd., M.Si)
NIDN. 0326028502

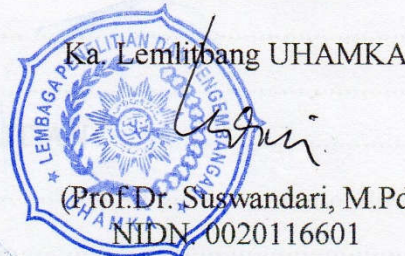
Menyetujui

Dekan FKIP UHAMKA



(Dr. Desvian Bandarsyah, M.Pd)
NIDN. 0317126903

Ka. Lemlitbang UHAMKA



(Prof. Dr. Suswandari, M.Pd)
NIDN. 0020116601



UNIVERSITAS MUHAMMADIYAH PROF. DR. HAMKA
LEMBAGA PENELITIAN DAN PENGEMBANGAN

Jln. Tanah Merdeka, Pasar Rebo, Jakarta Timur
Telp. 021-8416624, 87781809; Fax. 87781809

**SURAT PERJANJIAN KONTRAK KERJA PENELITIAN
LEMBAGA PENELITIAN DAN PENGEMBANGAN
UNIVERSITAS MUHAMMADIYAH PROF. DR. HAMKA**

Nomor : 191 / F.03.07 / 2017
Tanggal : 24 Februari 2017

Bismillahirrahmanirrahim,

Pada hari ini, Jum'at, tanggal dua puluh empat, bulan Februari, tahun dua ribu tujuh belas, yang bertanda tangan di bawah ini Prof. Dr. Hj. Suswandari, M.Pd, Ketua Lembaga Penelitian dan Pengembangan Universitas Muhammadiyah Prof. DR. HAMKA, selanjutnya disebut sebagai **PIHAK PERTAMA; SUSILO S.Pd., M.Si.**, selanjutnya disebut sebagai **PIHAK KEDUA**.

PIHAK PERTAMA dan **PIHAK KEDUA** sepakat untuk mengadakan Perjanjian Kontrak Kerja Penelitian yang didanai oleh Universitas Muhammadiyah Prof. DR. HAMKA.

Pasal 1

PIHAK KEDUA akan melaksanakan kegiatan penelitian dengan judul : **Analisis Keragaman Genetik Tanaman Terong (*Solanum melongena* L.) dan Spesies Sejenisnya Dengan Menggunakan Penanda RAPD**

Pasal 2

Kegiatan tersebut dalam Pasal 1 akan dilaksanakan oleh **PIHAK KEDUA** mulai tanggal 24 Februari 2017 dan selesai pada tanggal 30 November 2017.

Pasal 3

PIHAK PERTAMA menyediakan dana sebesar Rp. 10.500.000,- (Tiga Belas Juta Lima Ratus Ribu) kepada **PIHAK KEDUA** untuk melaksanakan kegiatan tersebut dalam Pasal 1. Sumber biaya yang dimaksud berasal dari Penelitian Universitas Muhammadiyah Prof. DR. HAMKA melalui Lembaga Penelitian dan Pengembangan.

Pasal 4

Pembayaran dana tersebut dalam Pasal 3 akan dilakukan dalam 2 (dua) termin sebagai berikut:
(1) Termin I : sebesar Rp. 6.825.000,- (Delapan Juta Lima Ratus Ribu Rupiah) setelah **PIHAK KEDUA** menyerahkan proposal yang telah direview dan diperbaiki sesuai saran reviewer pada kegiatan tersebut pada Pasal 1.

(2) Termin II: sebesar Rp. 3.675.000,- (Lima Juta Rupiah) setelah **PIHAK KEDUA** menyerahkan laporan akhir berikut luaran yang telah dijanjikan dalam kegiatan penelitian tersebut dalam Pasal 1.

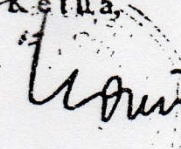
Pasal 5

- (1) PIHAK KEDUA wajib melaksanakan kegiatan tersebut dalam Pasal 1 dalam waktu yang ditentukan dalam Pasal 2.
- (2) PIHAK PERTAMA akan melakukan monitoring dan evaluasi pelaksanaan kegiatan tersebut sebagaimana yang disebutkan dalam Pasal 1.
- (3) PIHAK PERTAMA akan mendenda PIHAK KEDUA setiap hari keterlambatan penyerahan laporan hasil kegiatan sebesar 0,5% (setengah persen) maksimal 20% (dua puluh persen) dari jumlah dana tersebut dalam Pasal 3.
- (4) Dana Penelitian dikenakan Pajak Pertambahan Nilai (PPN) pada poin honor peneliti sebesar 10% (sepuluh persen).
- (5) Besarnya Honor peneliti dapat dilihat pada Proposal.

Jakarta, 24 Februari 2017

PIHAK PERTAMA
Lembaga Penelitian dan Pengembangan
Universitas Muhammadiyah Prof. DR. HAMKA

Ketua,



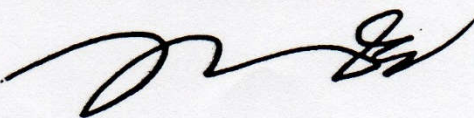
Prof. Dr. Hj. Suswandari, M.Pd

PIHAK KEDUA
Peneliti,



SUSILO S.Pd., M.Si.

Mengetahui
Wakil Rektor II UHAMKA



Dr. H. Muchdie, MS.

DAFTAR ISI

	Halaman
HALAMAN SAMBUNG	i
HALAMAN PENGESAHAN	ii
DAFTAR ISI	v
IDENTITAS USULAN PENELITIAN	vii
RINGKASAN	viii
BAB I. PENDAHULUAN	1
A. Latar Belakang	1
B. Perumusan Masalah	2
C. Tujuan	2
D. Urgensi	2
BAB II. KAJIAN PUSTAKA	4
A. Tanaman Terong (<i>Solanum melongena</i>)	4
B. Manfaat Tanaman Terong	5
C. Keragaman Genetik	7
D. Roadmap Penelitian	10
BAB III. METODE PENELITIAN	11
A. Waktu dan Tempat Penelitian	11
B. Alat dan Bahan	11
C. Cara Kerja	12
D. Alur Penelitian	13
E. Analisis Data	13
BAB IV. HASIL DAN PEMBAHASAN PENELITIAN	14
A. Hasil Penelitian	14
B. Pembahasan	14
DAFTAR PUSTAKA	15
LAMPIRAN	16
Lampiran 1. Justifikasi anggaran penelitian	16
Lampiran 2. Susunan organisasi dan pembagian tugas tim peneliti	17

Lampiran 3. Biodata Ketua dan Anggota Peneliti	18
Lampiran 4. Surat Pernyataan Ketua Peneliti	24

IDENTITAS USULAN PENELITIAN

1. Judul Penelitian : Analisis Keragaman Genetik Tanaman Terong (*Solanum melongena* L.) dan Spesies Sejenisnya Dengan Menggunakan Penanda RAPD

2. Tim Peneliti

No	Nama	Jabatan	Bidang	Alokasi Waktu (jam/minggu)
1	Susilo, S.Pd., M.Si.	Ketua	Bioteknologi	10
2	Dra. Maryanti Setyaningsih, M.Si	Anggota	Botani	10
3	Heru Hermansyah	Laboran	Biologi Umum	8
4	Dinda Kurnia	Mahasiswa	-	8

3. Objek Penelitian (jenis material yang akan diteliti dan segi penelitian):

Pada penelitian ini yang menjadi objek penelitian adalah berbagai spesies tanaman terong (*Solanum melongena* L.) dan spesies lainnya dari genus *Solanum* yang memiliki kemiripan secara morfologi. Pengumpulan data diperoleh dengan mencari spesies yang sering dimanfaatkan manusia dan melalui survey ke lapangan dan masyarakat. Material yang akan diteliti pada penelitian ini adalah kandungan pola pita DNA masing-masing spesies yang ditemukan dengan menggunakan teknik RAPD. Peneliti menggunakan teknik tersebut karena teknik RAPD memiliki beberapa kelebihan selain biaya yang relatif lebih murah dibandingkan dengan teknik molekular yang lain.

4. Masa Pelaksanaan

Mulai : bulan: Januari, tahun: 2017

Berakhir : bulan: Desember, tahun: 2017

5. Usulan Biaya yang diajukan ke Lemlitbang UHAMKA

- Tahun ke-1 : Rp 10.500.000;

6. Lokasi Penelitian (lab/studio/lapangan) terdiri dari dua tempat yaitu laboratorium dan lapangan. Kegiatan dilapangan meliputi pengumpulan sampel tanaman terong dan kegiatan dilaboratorium meliputi pengujian molekular yang dilakukan di BB Biogen Bogor.

7. Instansi lain yang terlibat (jika ada, dan uraikan apa kontribusinya) tidak ada.

8. Temuan yang ditargetkan (penjelasan gejala atau kaidah, metode, teori, atau antisipasi yang dikontribusikan pada bidang ilmu).

- Target yang diharapkan pada penelitian ini adalah mengetahui variasi profil pola pita DNA masing-masing spesien tanaman terong.

9. Kontribusi mendasar pada suatu bidang ilmu (uraikan tidak lebih dari 50 kata, tekankan pada gagasan fundamental dan orisinal yang akan mendukung pengembangan iptek)

- Hasil penelitian ini merupakan langkah awal untuk mengkaji kekayaan sumber daya genetik tanaman di Indonesia. Gagasan ini mencul karena kekayaan hayati Indonesia belum semuanya diteliti dan dipublikasikan secara internasional, mengingat negar-negara lain telah

banyak melakukan kajian molekular tanaman endemik dan memublishnya secara berkala. Hasil penelitian akan bermanfaat bagi khasanah keilmuan khususnya botani dan taksonomi tumbuhan di Indonesia.

10. Jurnal ilmiah yang menjadi sasaran (tuliskan nama terbitan berkala ilmiah internasional bereputasi, nasional terakreditasi, atau nasional tidak terakreditasi dan tahun rencana publikasi)
 - Sasaran terbitan ilmiah dari hasil penelitian ini adalah jurnal-jurnal nasional ber-ISSN seperti Jurnal Biosaintifika, Hayati Journal Of Biosciences, Jurnal Biodiversitas, Biokonservasi dan atau jurnal internasional terindeks seperti *Internasional Journal of Advanced Research* (IJAR) dan Phytotaxa.
11. Rencana luaran HKI, buku, purwarupa atau luaran lainnya yang ditargetkan, tahun rencana perolehan atau penyelesaiannya.
 - Tidak ada

RINGKASAN

Terong (*Solanum melongena*) merupakan salah satu keanekaragaman marga *Solanum* yang banyak tumbuh dan tersebar di Indonesia dan banyak dimanfaatkan masyarakat. Jenis tanaman ini sangat bervariasi. Namun belum banyak yang mengkaji semua spesies dari tanaman terong tersebut. Terlebih lagi bila dikaitkan dengan penelitian molekular. Tujuan penelitian ini untuk mengetahui profil pola pita DNA dari 4 jenis tanaman terong yaitu leuca, tekokak, terong gelatik dan terong kopek. Metode penelitian yang digunakan adalah metode eksperimen untuk memperoleh data dengan melakukan percobaan secara langsung, mengisolasi DNA, dan melakukan PCR dengan teknik RAPD, empat primer RAPD yang digunakan yaitu OPF-04, OPF-03, OPF-02, dan OPF-01. Pengumpulan data dilihat dari muncul tidaknya pita DNA hasil electrophoresis yang diubah menjadi data matrik. Data yang diperoleh dianalisis menggunakan penghitungan UPGMA. Sampel yang digunakan berasal dari Balai Pengkajian Teknologi Pertanian (BPTP Data hasil pengamatan berupa profil DNA tanaman terong yang dianalisis secara deskriptif kuantitatif. Hasil penelitian sementara telah dilakukan sampai proses elektroforesi. Hasil dari visualisasi PCR-RAPD menghasilkan pita-pita yang ukurannya 300-1500 bp. Primer yang digunakan mampu mengamplifikasi empat sampel. Pada koefisien 0,45 terjadi pemisahan pada sampel TBU (Terong Gelatik) dengan sampel yang lainnya sedangkan pada koefisien 0,50 sampel LC (leunca) dan pada koefisien 0,65 menunjukkan sampel TK (Tekokak) dan TPU (Terong Kopek) berada pada percabangan yang sama ini menunjukkan bahwa kedekatan yang paling dekat terdapat pada sampel TK(Tekokak) dan TPU (Terong Kopek).

Kata kunci: DNA; Elektroforesi; PCR; RAPD; Keragaman Genetik, *Solanum melongena*.

BAB I

PENDAHULUAN

A. Latar Belakang

Salah satu permasalahan nasional yang dihadapi dan harus dicari jalan keluarnya yaitu masalah energi dan ketahanan pangan. Oleh sebab itu diperlukan pemikiran global dan mendasar dalam meningkatkan produktivitas pertanian guna mendongkrak ketahanan pangan di Indonesia. Salah satu upaya tersebut adalah meningkatkan produksi tanaman sayuran atau oleikultura. Terong (*Solanum melongena*) merupakan salah satu jenis sayuran yang perlu ditingkatkan karena memiliki banyak gizi antara lain protein, karbohidrat, serat, zat besi, vitamin dan kalsium (Ravella, *et al.* 2013; Kaur, *et al.* 2014). Tanaman ini juga mengandung phytonutrisi anthocyanin atau nasunin pada kulit terong ungu yang sangat berkhasiat untuk menutrisi salah satu organ terpenting tubuh kita, yaitu otak (Wei, *et al.* 2013; Alarcón-Flores, *et al.* 2015; Yang, *et al.* 2015). Selain menutrisi otak, nasunin juga berguna untuk melindungi membrane sel otak dari radikal bebas berbahaya (Arivalagan, *et al.* 2011; Kumchai, *et al.* 2013; Braga, *et al.* 2016).

Di Indonesia banyak tanaman terung-terungan yang dimanfaatkan oleh masyarakat sebagai tanaman sayuran seperti terung kopek, terung gelatik, terung belanda, tekokak, terung telunjuk, dan leunca. Tanaman tersebut memang memiliki perbedaan karakter secara morfologi, namun untuk data molekular antar kultivar belum pernah diteliti (Arivalagan, *et al.* 2011; Ge, *et al.* 2013). Data tersebut sangat penting karena merupakan salah satu sumber daya genetik Indonesia yang dapat digunakan untuk meningkatkan plasma nutfah bangsa (Nunome, *et al.* 2009; Suparman, 2012).

Mengingat banyaknya manfaat dan banyaknya jumlah kultivar tanaman terong tersebut, nampaknya sudah menjadi suatu keharusan untuk mengkaji dan mendata sumber daya genetik tanaman tersebut (Fatchiyah, dkk. 2011). Pengumpulan data molekular tanaman jenis solanum di Indonesia menjadi hal yang sangat penting guna mendukung penelitian-penelitian selanjutnya (Mondini, *et al.* 2009). Hal ini dapat juga digunakan sebagai basis data bangsa terutama tentang koleksi plasma nutfah yang ada di Indonesia serta mengkaji lebih lanjut mengenai manfaatnya masing-masing tanaman tersebut. Banyaknya keanekaragaman tanaman solanum yang ada di Indonesia memerlukan penelitian lebih lanjut untuk mengkaji manfaatnya. Berdasarkan uraian di atas, peneliti

tertarik untuk meneliti karakter DNA dari beberapa genus *Solanum* atau tanaman terong dengan menggunakan penanda RAPD guna mendukung penelitian-penelitian selanjutnya.

B. Perumusan Masalah

Berdasarkan latar belakang diatas, maka dapat diambil perumusan masalah penelitian sebagai berikut:

1. Adakah variasi genetik pada beberapa kultivar tanaman terong dengan menggunakan penanda RAPD?
2. Bagaimakah variasi genetik dari beberapa kultivar tanaman terong di Indonesia?
3. Seberapa efektifkah penanda RAPD mampu membaca lokus DNA pada masing-masing kultivar tanaman terong tersebut?

C. Tujuan Penelitian

Tujuan dari penelitian ini adalah sebagai berikut:

1. Mengetahui perbedaan variasi genetik pada beberapa kultivar tanaman terong dengan menggunakan penanda RAPD?
2. Mengetahui keefektifan penanda RAPD mampu membaca lokus DNA pada masing-masing kultivar tanaman terong tersebut.

D. Urgensi Penelitian

Solanum melongena atau yang lebih dikenal dengan terong merupakan tanaman buah yang banyak dimanfaatkan sebagai sayuran. Di Indonesia, jumlah kultivar tanaman terong ini sangat beragam namun belum semua kultivar tersebut dimanfaatkan. Hal tersebut dapat dikarenakan kurangnya kajian atau penelitian tentang tanaman-tanaman tersebut. Untuk melakukan kajian terhadap tanaman tersebut, langkah pertama adalah melakukan pengelompokan dalam sistem taksonomi. Hal ini akan memudahkan dalam mencari anggota atau kerabatnya karena tiap tanaman yang memiliki kedekatan kerabat biasanya memiliki kandungan yang sama. Pengelompokan tanaman jenis terong selama ini masih didasarkan pada pengelompokan secara morfologi, sedangkan pencirian secara molekuler berupa penanda DNA belum banyak dilakukan. Pengelompokan dengan berdasarkan morfologi masih memiliki banyak kekurangan. Misalnya jika menemukan dua spesies yang identik secara morfologi namun memiliki fisiologi berbeda akan sulit untuk

mengklasifikasikan. Sistem morfologi memang telah dikenal luas secara internasional, namun data molekuler seperti DNA sangat penting manakala kita memiliki spesies yang khas dan endemik hanya ada di Indonesia. Di negara-negara Eropa, banyak deskriptor untuk terong telah dirinci dalam format IPGRI standar untuk *Solanum melongena*, *Solanum aethiopicum*, terung engkol dan terong lainnya telah digunakan di lembaga yang berbeda (Caguiat, *et al.* 2014; Lu, *et al.* 2016). Selanjutnya, data molekuler yang tersedia pada sebagian besar dari koleksi yang ada di Eropa membutuhkan formulasi yang tepat, dan karakterisasi tanaman perlu perbaikan, karena karakterisasi sifat agronomi merupakan dasar penting untuk efisiensi penggunaan sumber daya genetik dalam program pemuliaan. Selain itu, banyak aksesori *Solanum* masih kekurangan identifikasi taksonomi yang tepat (Taksonomi dari genus *Solanum* masih bermasalah, meskipun sangat terbantu dengan proyek ESIN (*Europe Solanaceae Information Network*, BIO2-CT93-0397) yang memiliki tujuan untuk menyusun taksonomi, bioteknikal, informasi molekuler yang relevan dan tentang tanaman terong lainnya dalam database. Database ESIN merupakan langkah awal yang baik untuk EGG-NET sejak struktur dan informasi genus Solanaceae dapat diadaptasi dan diperluas dengan mudah untuk menciptakan database EGG-NET yang akan menyusun identifikasi dan karakterisasi dengan data taksonomi yang tersedia (Jose, *et al.* 2016). Data seperti diatas tentunya dapat digunakan sebagai acuan dalam merumuskan klasifikasi biodiversitas tanaman terong, sehingga jelas sumber daya genetik tanaman terong di Indonesias. Kita bisa mengklaim bahwa spesies tersebut memang endemik di Indonesia sehingga kita punya data untuk menambah kekayaan biodiversitas Indonesia. Melihat masalah seperti diatas, maka peneliti mengharapkan luaran dari penelitian ini adalah sebagai berikut:

1. Mendapatkan basis data molekuler tanaman terong dan sejenisnya dari genus Solanaceae yang ada di Indonesia untuk dapat dipublikasi secara umum baik pada jurnal nasional maupun internasional.
2. Mendapatkan pengetahuan tentang variasi genetik berupa pola pita DNA tanaman terong dan sejenisnya yang dapat digunakan untuk pengembangan ilmu pengetahuan khususnya dalam pembelajaran biologi. Salah satu contohnya adalah pengenalan metode-metode molekuler dengan marka DNA guna membantu proses pengklasifikasian tanaman. Secara khusus perkembangan markah molekuler berimplikasi pada penambahan materi perkuliahan genetika lanjut. bioinformatika, biologi sel dan molekuler dan rekayasa genetik.

BAB II KAJIAN PUSTAKA

A. Tanaman *Solanaceae*

Solanaceae (terung-terungan) adalah salah satu suku tumbuhan berbunga. memiliki mahkota bunga berbentuk terompet dan berlekatan atau menyatu, kelopak bunga juga berlekatan, dan bakal bijinya melekat di atas dasar bunga (Ravella, *et al.* 2013). Contoh family terung-terungan adalah tomat (*Solanum lycopersicum*), cabai merah (*Solanum annuum*), kentang (*Solanum tuberosum*), takokak (*Solanum torvum*), dan Leunca (*Solanum nigrum*) (Cericola, *et al.* 2013).

Salah satu jenis *Solanaceae* ialah Tanaman terung (*Solanum sp*) termasuk mudah dibudidayakan karena tanaman ini dapat tumbuh di dataran rendah maupun dataran tinggi (Cericola, *et al.* 2013; Ravella, *et al.* 2013). Terung atau Eggplant atau Aubergin (*Solanum melongena*) merupakan tanaman asli daerah tropis, tumbuhan ini berhubungan erat dengan tomat dan kentang (Ravella, *et al.* 2013). Pengembangan budidaya yang paling pesat terdapat di negara – negara Asia Tenggara, termasuk Indonesia pada tahun 1991 area pertanaman terung nasional mencapai 46,791 hektar lahan (Cericola, *et al.* 2013). Hampir seluruh penjuru tanah air Indonesia telah mengenal terung, seiring dengan hal tersebut, maka terung di Indonesia juga memiliki berbagai macam nama khas daerah tertentu, misalnya terong (Betawi), cokrom (Sunda), encung (Jawa), toru (nios), tuing (Lampung), tuung (Bali), terong poki-poki (Manado), fofok (Ternate), dan kaumenu (Timor).

Dalam dunia tumbuh-tumbuhan (Plantae), tanaman terung tergolong dalam tumbuhan yang menghasilkan biji (Spermatophyta). Bijinya tertutup oleh bakal buah sehingga termasuk dalam golongan tumbuhan berbiji tertutup (Angiospermae). Tanaman terung ini dapat hidup di dataran rendah dan tinggi dengan ketinggian 1-1200 mdpl. Sementara itu, suhu yang optimal untuk pertumbuhannya adalah 18-25 derajat Celcius. Dalam membentuk warna buahnya, terung membutuhkan cahaya yang cukup (Néjib, *et al.* 2010). Terung dapat tumbuh dengan baik di tanah lempung berpasir dan tanah yang mengandung abu vulkanis dengan PH 5-6. Herba tegak, berkayu, dan tinggi 0,3-1,5 meter. Tumbuhan ini berasal dari India dan kini telah tersebar di daerah tropis lainnya. Batang dan daunnya berambut halus, kadang berduri tempel, kadang tidak. Daun tumbuhan ini berbentuk bulat telur, elips, atau memanjang (Demir, *et al.* 2010). Spesies lain yang telah diketahui daya gunanya adalah *S. khasiarum*, *S. lacimiatum* A.it, *S.samiwangseri*, *S. mariantum*, dan *S. grandiforam* untuk bahan baku obat kontrasepsi oral. Kerabat dekat

tanaman terung lainnya adalah tekokak (*S. torvum* Swartz) yang banyak tumbuh liar di hutan-hutan ataupun tegalan (Cericola, *et al.* 2013).

B. Manfaat Terung

Terung merupakan tanaman sayuran yang banyak digemari karena kelezatan, serta manfaatnya bagi kesehatan tubuh manusia. Terung banyak mengandung gizi, protein, lemak, karbohidrat, dan vitamin, terutama vitamin A, B, C. terung juga mengandung kalsium, niacin, fosfor, serat, besi, kalium, sodium, serta zat besi (Alarcón-Flores, *et al.* 2015). Menurut Braga, *et al.* (2016), terdapat beberapa manfaat terung yang dapat dijadikan acuan, sehingga kita dapat mengkonsumsinya tanpa takut akan efek sampingnya. Berikut adalah beberapa manfaat lainnya:

- 1) Menghambat kerusakan pembuluh darah karena punya manfaat sebagai anti kejang, anti kanker, dan menjauhkan gangguan pembuluh darah.
- 2) Kandungan strikini, skopolamin, skopoletin, dan skoparon yang bias menghambat serangan sawan, gugup atau kekejangan saraf.
- 3) Terung juga dapat mengurangi resiko penyakit kanker karena adanya tripisan (protease) inhibitor yang diyakini bias melawan serangan zat pemicu kanker.
- 4) Menekan dan mengatasi arterosklerosis. Mencegah penumpukan lemak di pembuluh darah sehingga mencegah terjadinya penyumbatan pada pembuluh darah.
- 5) Mencegah hipertensi. Terung mengandung potassium (kalium) yang cukup tinggi, sehingga tanaman sayur ini dapat membantu mencegah hipertensi.
- 6) Menurunkan kadar kolesterol darah, kandungan serat yang cukup banyak dalam terung sangat baik untuk menghambat penyerapan lemak dari kolesterol.
- 7) Menurunkan resiko penyakit jantung dan stroke. Selain memiliki kadar serat yang tinggi, terung juga mengandung betakaroten dan antioksidan lainnya yang akan membantu menurunkan resiko penyakit jantung dan stroke.

Tanaman ini memiliki banyak gizi dan segala manfaat, terung merupakan sayuran rendah kalori, menyediakan segala manfaat serat, menjaga kestabilan tekanan darah, menurunkan kadar kolesterol, mencegah rematik, mencegah infeksi bakteri dan cendawan, dan merupakan sumber antioksidan (Alarcón-Flores, *et al.* 2015).

C. Keanekaragaman Genetik

Keanekaragaman genetik memainkan peran yang sangat penting dalam sintasan dan adaptabilitas suatu spesies, karena ketika lingkungan suatu spesies berubah, variasi *genetic*

yang kecil diperlukan agar spesies dapat bertahan hidup dan beradaptasi (Caguiat, *et al.* 2014). Seleksi yang memiliki sangat sedikit variasi gen cenderung memiliki resiko untuk punah akan lebih besar. Dengan sedikitnya variasi gen dalam spesies, reproduksi yang sangat sehat akan semakin sulit, dan keturunannya akan menghadapi permasalahan yang ditemui pada penangkaran sanak (Fatchiyah, *dkk.* 2011). Kehadiran teknologi rekayasa genetik memberikan wahana baru bagi pemuliaan tanaman untuk membentuk PRG (produk rekayasa genetik) bisa berasal dari spesies lain seperti bakteri, virus, atau tanaman, sehingga membuka kemungkinan introduksi sifat baru ke varietas yang sudah ada (Mondini, *et al.* 2009; Demir, *et al.* 2010). Keanekaragaman genetika dapat terjadi karena adanya perubahan nukleotida penyusun DNA. Perubahan ini mungkin dapat mempengaruhi fenotipe suatu organisme yang dapat dipantau dengan mata telanjang, atau mempengaruhi reaksi individu terhadap lingkungan tertentu (Ibrahim, *et al.* 2010).

Individu-individu di dalam populasi memiliki perbedaan genetika antara satu dengan yang lainnya. Variasi genetik timbul karena setiap individu mempunyai bentuk-bentuk gen yang khas. Jumlah keragaman genetik dalam populasi ditentukan oleh banyaknya gen yang memiliki lebih dari satu alel (gen polimorfik) dan banyaknya allele pada setiap gen tersebut (Ibrahim, *et al.* 2010; Kelly, *et al.* 2015; Jose, *et al.* 2016).

Menurut Fatchiyah, *dkk.* (2011), perbaikan tanaman melalui prosedur pemuliaan tanaman sangat bergantung kepada keragaman genetik antar tanaman 1 (satu) spesies yang sama. Keragaman genetik penting dalam pemuliaan tanaman, tanaman dengan potensi genetik yang unggul akan tumbuh lebih subur dan memberikan hasil atau mutu hasil yang lebih baik pada lingkungan tertentu (Noroozi, *et al.* 2011; Yang, *et al.* 2015). Secara individu yang paling cocok dengan lingkungan lokalnya meninggalkan paling banyak keturunan, yang mentransmisikan gen-gennya dalam proses tersebut. Seleksi alamiah menghasilkan adaptasi, akumulasi variasi genetik yang lebih disukai oleh lingkungan (Ravella, *et al.* 2013). Pada saat lingkungan berubah atau populasi berpindah, populasi tersebut bisa bertahan hidup jika pada tiap tiap generasi, paling tidak beberapa anggotanya dapat menghadapi yang baru dan efektif (Wei, *et al.* 2013). Variasi genetik yang berbeda bisa saja lebih berhasil daripada variasi yang sebelumnya sudah berhasil di waktu atau tempat sebelumnya (Suparman, 2012).

D. Filogenetik Molekuler

Karakter morfologi telah lama digunakan dalam banyak penelitian filogenetik. Dengan pesatnya perkembangan teknik-teknik di dalam biologi molekuler, seperti PCR

(*polymerase chain reaction*) dan sekuensing DNA, penggunaan sekuens DNA dalam penelitian filogenetik telah meningkat pesat dan telah dilakukan pada semua tingkatan taksonomi, misalnya famili, marga, dan species (Abeyasinghe, *et al.* 2000). Menurut Gritter, *et al* (1991), filogenetik molekuler mengkombinasikan teknik biologi molekuler dengan statistik untuk merekonstruksi hubungan filogenetik.

Pemikiran dasar penggunaan sekuens DNA dalam studi filogenetik adalah bahwa terjadi perubahan basa nukleotida menurut waktu, sehingga akan dapat diperkirakan kecepatan evolusi yang terjadi dan akan dapat direkonstruksi hubungan evolusi antara satu kelompok organisme dengan yang lainnya (Smith, P.M. 1976; Suranto. 2000). Beberapa alasan mengapa digunakan sekuens DNA adalah : (1) DNA merupakan unit dasar informasi yang mengkode organisme; (2) relatif lebih mudah untuk mengekstrak dan menggabungkan informasi mengenai proses evolusi suatu kelompok organisme, sehingga mudah untuk dianalisis; (3) peristiwa evolusi secara komparatif mudah untuk dibuat model; dan (4) menghasilkan informasi yang banyak dan beragam, dengan demikian akan ada banyak bukti tentang kebenaran suatu hubungan filogenetik (Shukla, P. dan Misra, 1982).

Sekuens DNA telah menarik perhatian para praktisi taksonomi dunia untuk dijadikan karakter dalam penelitian filogenetika karena beberapa fakta. Pertama, sekuens DNA menawarkan data yang akurat melalui pengujian homologi yang lebih baik terhadap karakter-karakter yang ada. Kedua, sekuens DNA menyediakan banyak *character states* karena perbedaan laju perubahan basa-basa nukleotida di dalam lokus yang berbeda adalah besar. Dan ketiga, sekuens DNA telah terbukti menghasilkan sebuah hubungan kekerabatan yang lebih alami (natural). Sumber karakter DNA dapat diperoleh dari inti (nDNA), kloroplas (cpDNA), dan mitokondria (mtDNA) (Parani, M. *et al.* 1998).

1. Teknik RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*)

Identifikasi DNA banyak dimanfaatkan dalam analisis keragaman genetik tanaman. Berbagai teknik molekuler telah dikembangkan baik teknik yang berdasarkan PCR maupun non-PCR. Salah satu teknik yang memanfaatkan kerja PCR adalah dengan menggunakan arbitrary primer atau yang lebih dikenal dengan teknik RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*). *Random amplified polymorphic DNA* (RAPD) merupakan salah satu marka molekuler berbasis PCR yang banyak digunakan dalam mengidentifikasi keragaman pada tingkat intraspecies maupun antarspecies (Pharmawati, Made. 2009). Teknik ini mendeteksi polimorfisme ruas nukleotida pada DNA dengan menggunakan

sebuah primer tunggal yang memilikirangkaian nukleotida acak (Sarikamis, *et al.* 2010). Pada reaksi PCR-RAPD ini, sebuah primer menempel pada DNA genomik pada dua tempat berbeda dari DNA komplementer (Nunome, *et al.* 2009; Noroozi, *et al.* 2011). Jika tempat penempelan primer ini berada pada daerah yang dapat diamplifikasi, maka hasil DNA tertentu dapat dihasilkan melalui amplifikasi siklus termal. Umumnya masing-masing primer menyebabkan amplifikasi beberapa lokus (Nevena, *et al.* 2011; Olga, *et al.* 2011).

Walaupun metode RAPD relatif cepat, murah dan gampang dilaksanakandibandingkan metode marka DNA lain, konsistensi atau reproducibility hasil PCR menjadi perhatian sejak dipublikasikannya teknik ini (Néjib, *et al.* 2010). Primer RAPD dapat tidak cocok secara sempurna pada urutan penempelan primer, akibatnya amplifikasi pada beberapa siklus mungkin tidak terjadi, sehingga band tetap samar atau bahkan amplifikasitidak terjadi jika primer tidak berhasil menempel pada DNA cetakan (Lu, *et al.* 2016).

RAPD atau teknologi polimorpisme amplifikasi fragmen DNA dalam pelaksanaannya membutuhkan bantuan PCR untuk memperbanyak sekuen DNA spesifik yang dilakukan secara *in vitro*, sehingga sering dinamakan metode analisis RAPD-PCR (Fatchiyah, *dkk.* 2011). Teknik PCR ini memanfaatkan kandungan sifat utama DNA, yaitu komplementasi basa-basanya (A=T; G=C) dan anti paralelisme dari kedua rantainya. Amplifikasi DNA dengan teknik ini secara teknis dapat memberikan keuntungan dibandingkan metode-metodelainnya (Ge, *et al.* 2013). Untuk mendapatkan karakterisasi sampel, metode ini dapat dikatakan sederhana, cepat dan akurat. Marka RAPD dapat dilakukan dengan mengamplifikasi DNA secara random primer (Caguiat, *et al.* 2014). Adanya *polimorphic* DNA dapatdideteksi di bawah cahaya ultraviolet setelah sebelumnya gel elektroforesis diberi Etidhium Bromida (EtBr) sehingga dapat menimbulkan pendaran (Kelly, *et al.* 2015). Semakin banyak jenis primer yang digunakan akan menambah besar kemampuan mendeteksi perubahan yang kecil dan pasangan basa DNA genom (Demir, *et al.* 2010; Ibrahim, *et al.* 2010).

2. Program Aplikasi Filogenik

Saat ini terdapat dua program komputer utama yang sering digunakan untuk merekonstruksi pohon filogenetika, yaitu PAUP dan MrBayes. PAUP (*Phylogeny Analysis of Using Parsimony*) merupakan paket yang menyediakan banyak program untuk menyelesaikan berbagai aspek dalam analisis filogenetika molekuler. Paket antara lain

terdiri dari program untuk menyusun format data sekuen DNA atau protein, untuk merekonstruksi pohon filogenetik (berdasarkan metode parsimoni), dan untuk evaluasi pohon filogenetik. Program PAUP dapat menjalankan set data selain molekuler, misalnya morfologi (Mondini, *et al.* 2009; Kelly, *et al.* 2015).

Seperti program PAUP, MrBayes merupakan program multifungsi untuk merekonstruksi pohon filogenetika (berdasarkan metode Bayesian). Sayangnya, program ini dibuat khusus hanya untuk set data molekuler. Program MrBayes dapat diinstal pada berbagai macam OS (operating system) komputer: Macintosh, Windows, Unix, dan Linux (Noroozi, *et al.* 2011). Untuk memperoleh hasil yang optimum, komputer harus memiliki speed yang tinggi dan memori penyimpanan data yang besar.

E. State of The Art

Penelitian ini dilakukan dengan mengacu pada referensi penelitian sebelumnya yang berhubungan dengan tema penelitian ini.

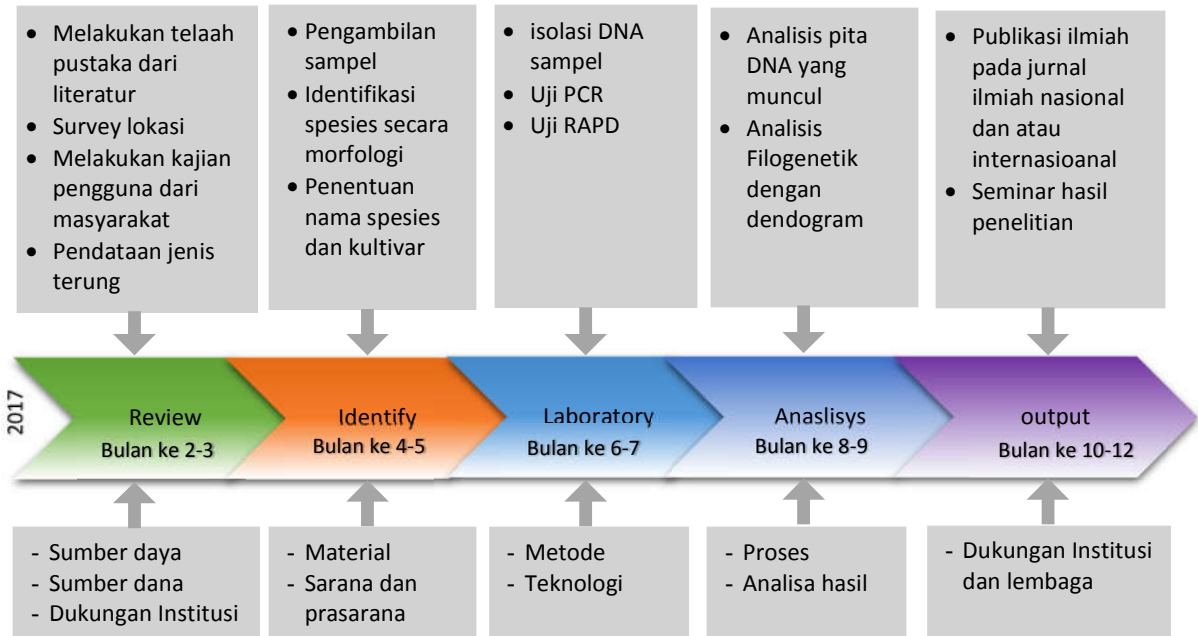
Tabel 1. Referansi Penelitian

No	Referensi Penelitian	Isi Penelitian
1.	<p>“<i>Genetic diversity analysis of eggplant (solanum melongena l.) And related wild species in the philippines using morphological and ssr markers</i>”.</p> <p>Peneliti: X.G.I. Caguiat dan D.M. Hautea</p> <p>Jurnal : SABRAO Journal of Breeding and Genetics. Vol. 46 (2) 183-201, (2014)</p>	<p>Penelitian ini menggabungkan karakter morfologi dan molekuler berupa SSR dalam analisis kekerabatan tanaman terong. Hasilnya metode molekuler (SSR) cukup akurat dalam menentukan hubungan kekerabatan dan menentukan kultivar baru.</p>
2.	<p>“<i>Production of interspecific hybrids between commercial cultivars of the eggplant (Solanum melongena L.) and its wild relative S. Torvum</i>”.</p> <p>Peneliti: J. Kumchai, Y.-C. Wei, C.-Y. Lee, F.-C. Chen dan S.-W. Chin</p> <p>Jurnal : Genet. Mol. Res. Vol. 12 (1): 755-764 (2013)</p>	<p>Penelitian ini mengungkapkan bahwa melalui lintas hibridisasi antara <i>S. melongena</i> dan <i>S. torvum</i>, total 21 bibit yang dipulihkan melalui embrio rescue. Lima kultivar telah diidentifikasi menjadi hibrida interspesifik, baik oleh sifat morfologi dan penanda molekuler dengan RAPD dan ISSR.</p>
3.	<p>“<i>Genetic diversity of eggplant (Solanum melongena) germplasm from Turkey assessed by SSR and RAPD markers</i>”.</p> <p>Peneliti : K. Demir, M. Bakır, G. Sarikamis dan S. Acunalp</p>	<p>Karakterisasi molekuler genotipe 19 jenis terung di Turki dilakukan dengan menggunakan SSR dan RAPD. Dengan amplifikasi lima SSR lokus, jumlah alel per lokus mikrosatelit berkisar dari 2 sampai 10, dengan total 24 alel. Jumlah terbesar alel ditemukan di <i>emf21H22</i> lokus (10</p>

	Jurnal : Genet. Mol. Res. 9 (3): 1568-1576 (2010).	alel); diikuti oleh <i>emh11001</i> dan <i>emf21C11</i> masing-masing lima dan empat alel. Rata-rata jumlah alel per lokus adalah 4,8. Dari 11 primer RAPD yang digunakan, primer OPB07 adalah yang paling polimorfik, dimana menghasilkan 64% band polimorfik; sisa primer memberi kurang dari 50% polimorfisme.

F. Roadmap Penelitian

Rencana kegiatan penelitian ini disajikan dalam roadmap penelitian sebagai berikut:



Gambar 1. Roadmap penelitian

BAB III

METODE PENELITIAN

A. Waktu dan Tempat Penelitian

Penelitian ini direncanakan akan dilakukan pada bulan Februari 2017 sampai bulan Desember 2017. Pengambilan sampel tanaman terong dilakukan beberapa daerah. Identifikasi tanaman terong dilakukan di Laboratorium Botani Puslit Biologi LIPI, Cibinong dan analisis molekuler dilakukan di laboratorium Balai Besar Penelitian dan Pengembangan Bioteknologi Sel dan Molekuler Bogor.

B. Alat dan Bahan

1. Alat

Peralatan yang digunakan dalam penelitian ini meliputi : Pisau/cutter, Kantong plastik, Alat tulis, Microcam, Ice box, Seperangkat alat maserasi, Gelas ukur, Batang pengaduk, Corong, Erlenmeyer, Alumunium foil, Kertas saring, Cawan porselen, Vortex, Electroforesis Kit, PCR Kit, Spectrophotometer UV-Vis, Centifuge, Waterbath Eyla SB-1000, Geldoc, Microtube 0,5-2 ml, Mikropipet Socorex, Tip, Cawan porselin, Rotary Evaporator, Neraca analitik, Eppendorf.

2. Bahan

Bahan-bahan yang digunakan dalam penelitian ini adalah : Sampel tanaman terong, CTAB, DNA Ekstraktion, Alkohol 96%, Isopropanol, Ethidium Bromida, Master mix : dNTPs, taq polimerase, buffer, loading dye, Primer DNA, Gel agarose 1%, Parafilm, Buffer TE, EDTA, DDPH, NAOH, Asam galat, Pereaksi Folin-Ciocalten, Aquades.

C. Cara Kerja

1. Isolasi DNA, Pemurnian, dan Pengendapan DNA Genom

100 mg jaringan sampel ditambahkan dengan nitrogen cair secukupnya pada mortar. Campuran digerus hingga jaringan berubah menjadi serbuk yang kering. Serbuk sel dipindahkan ke dalam tabung eppendorf dan ditambahkan dengan 600 μ l larutan CTAB. Larutan kemudian ditambahkan 600 μ l larutan CI (24:1) dan dibolak-balik 8 hingga 10 kali. Sentrifugasi tabung dengan kecepatan 10000 rpm selama 10 menit pada suhu 4°C. Supernatan yang terbentuk dipisahkan ke dalam tabung yang baru dan

ditambahkan PCI (25:24:1) sebanyak 1 kali volume supernatan. Tabung dibolak balik hingga homogen dan disentrifugasi kembali pada dengan kecepatan 10000 rpm selama 10 menit pada suhu 4°C. supernatan dipisahkan ke dalam tabung baru. Supernatan ditambahkan alkohol absolut sebanyak dua kali volume dan NaOAc sebanyak 0.1 kali volume. Tabung diinkubasi pada lemari pendingin selama minimal 2 jam. Setelah diinkubasi, tabung disentrifugasi dengan kecepatan 10000 rpm selama 15 menit pada suhu 4°C. Supernatan dibuang sedangkan pellet ditambahkan 500 µl alkohol 70%. Sentrifugasi kembali dengan kecepatan 10000 rpm selama 5 menit pada suhu 4°C. Supernatan dibuang dan pellet dikeringkan. Setelah pellet kering, ditambahkan ddH₂O sebanyak 20 serta 0,4 µl RNase. Tabung diinkubasi pada suhu 37°C selama 10 menit dan 70°C selama 10 menit (Mondini, *et al.* 2009; Nunome, *et al.* 2009; Néjib, *et al.* 2010; Lu, *et al.* 2016).

2. Deteksi DNA menggunakan Gel Agarosa

5µl DNA genom ditambahkan 1µl Loadyng dye sampai tercampur. Campuran dimasukkan ke dalam sumur agarosa 1%. Proses running dilakukan selama 30 menit. Agarose diambil dari alat elektroforesis kemudian direndam dalam larutan Etidium Bromida. Selanjutnya pergerakan DNA diamati di bawah sinar UV.

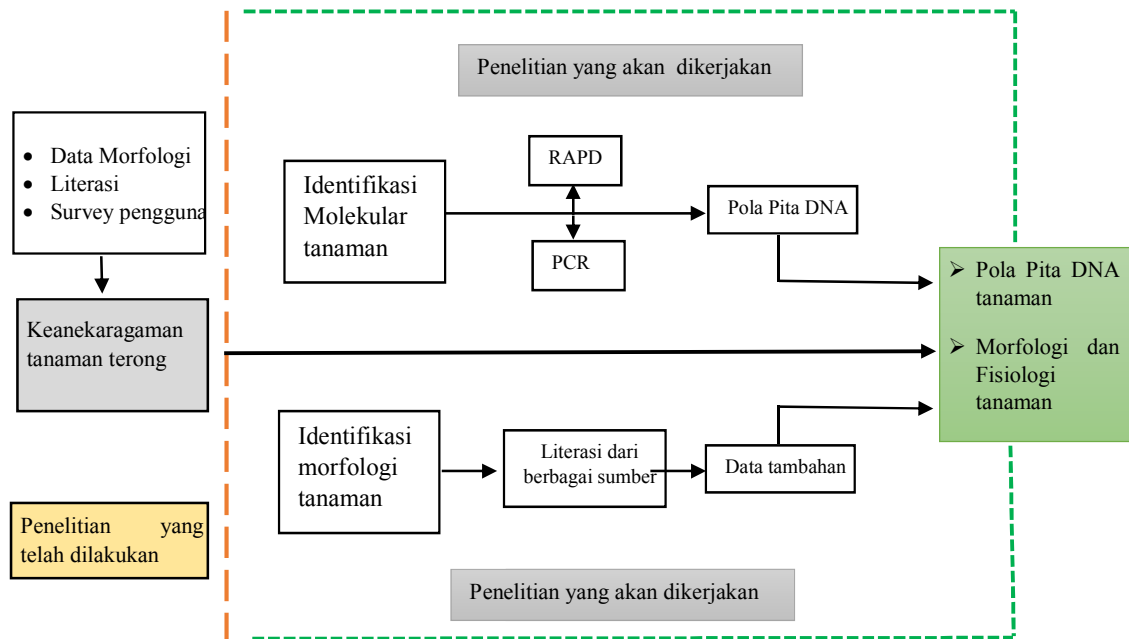
3. Kuantifikasi DNA dengan Spektrofotometer

10µl DNA genom dipipet ke dalam eppendorff dan ditambahkan 1490 µl ddH₂O. Campuran dihomogenasi dengan cara divortex selama 30 detik. Larutan diukur nilai absorbansi dengan spektrofotometer pada panjang gelombang 260 nm an 280nm kemudian dihitung konsentrasi DNA dan kemurnian DNA.

4. RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA)

Campuran PCR terdiri dari master mix PCR 5 µl, 0.5 µl primer, 1 µl *template* DNA, ddH₂O 3.5 µl. total volume campuran adalah 10 µl. Primer PCR yang digunakan adalah primer OPA2, OPA3, OPA4, OPA13. Amplifikasi dilakukan selama 30 siklus PCR dengan kondisi pra-denaturasi (95°C, 5 menit), denaturasi (94°C, 30 detik), *annealing* (52°C, 30 detik), elongasi (72°C, 2 menit), dan pasca PCR (72°C, 5 menit). Produk PCR dilarikan pada mini-gel elektroforesis (agarose 1%) pada tegangan listrik 50 volt selama 45 menit (Sambrook *et al.* 1989). Visualisasi di atas UV Transiluminator dilakukan dengan pewarnaan Ethidium Bromida. Master mix : dNTPs, taq polimerase, buffer, loading dye.

D. Alur Penelitian



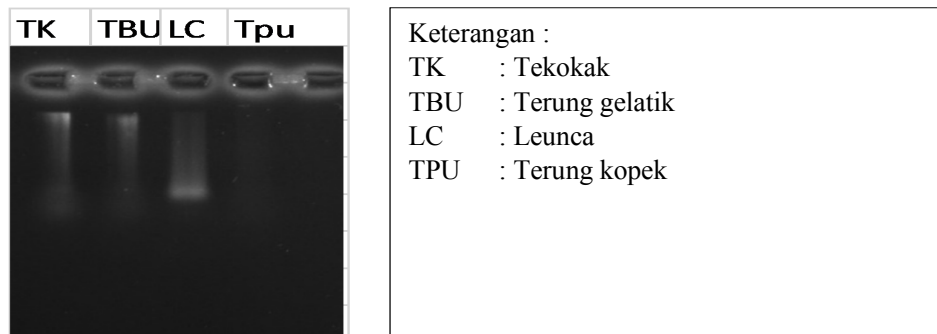
E. Analisis Data

Hasil yang diperoleh di analisis secara deskriptif kualitatif. Dendogram dibuat secara numerik dengan metode pengelompokan koefisien asosiasi dimana tingkat persamaan harga-harga koefisien asosiasi ditentukan dengan analisis). Model perhitungan ini tercakup dalam UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*), yang dikomputasikan dalam program *Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System* versi 1.80 (NTSYS).

BAB IV HASIL DAN PEMBAHASAN

A. Hasil

Hasil amplifikasi total genom DNA dengan uji kualitas dan kuantitas DNA tanaman terung dengan agarose dan spektrofotometer menghasilkan kemurnian dan konsentrasi DNA tanaman terung yang dapat dilihat pada tabel 4.2, empat primer RAPD pada 4 sampel *Solanaceae* menghasilkan produk PCR yang dapat dibaca dan diskor, sehingga hasilnya dapat dianalisis. Hasil dari deteksi DNA menggunakan agarose. 5 μ l DNA genom ditambah 1 μ l Loading dye sampai tercampur. Campuran dimasukkan kedalam sumur agarose 1%. Proses running dilakukan selama 30 menit. Agarose diambil dari alat elektroforesis kemudian direndam dalam larutan Etidhium Bromida. Selanjutnya pergerakan DNA diamati di bawah sinar UV dengan menggunakan Gel Doc seperti pada Gambar 4.1.



Gambar 4.1 Hasil uji kualitas *Solanaceae* menggunakan agarose

Berdasarkan Gambar 4.1 menunjukkan bahwa hasil uji kualitas DNA menggunakan agarose pada TK, TBU, dan LC terlihat jelas sedangkan pada TPU tidak terlihat jelas. Pada Tabel 4.1 menunjukkan hasil dari uji kuantitas DNA dengan spektrofotometer, 2 μ l DNA genom dipipet kedalam endroff dan ditambah 198 μ l TE. Campuran dihomogenasi dengan dibolak balik endroff. Larutan diukur nilai absorbansi dengan spektrofotometer pada panjang gelombang 260 nm kemudian dihitung konsentrasi

DNA dan kemurnia DNA. Hasil uji kuantitas DNA menggunakan spektrofotometer tertera pada Tabel 4.1 sebagai berikut.

Tabel 4.1
Hasil uji kuantitas menggunakan Spektrofotometer

SAMPEL	KEMURNIAN ($\mu\text{g}/\mu\text{l}$)	KONSENTRASI (nm)
Gelatik	1,1272	1780,24
Kopek	1,2219	1196,19
Tekokak	1,2316	1830,97
Leunca	1,5127	1266,21

Keterangan :

Konsentrasi = nm(nanomolar)

Kemurnian = $\mu\text{g}/\mu\text{l}$ (mikro liter)

Berdasarkan Tabel 4.1 hasil uji kuantitas menggunakan spektrofotometer menunjukkan hasil kemurnian tertinggi terdapat pada sampel LC dengan kemurnian 1,5127 M dan konsentrasi 1266,21 nm sedangkan kemurnian terendah ada pada sampel TBU dengan kemurnian 1,1272 M dan konsentrasi 1780,24 nm.

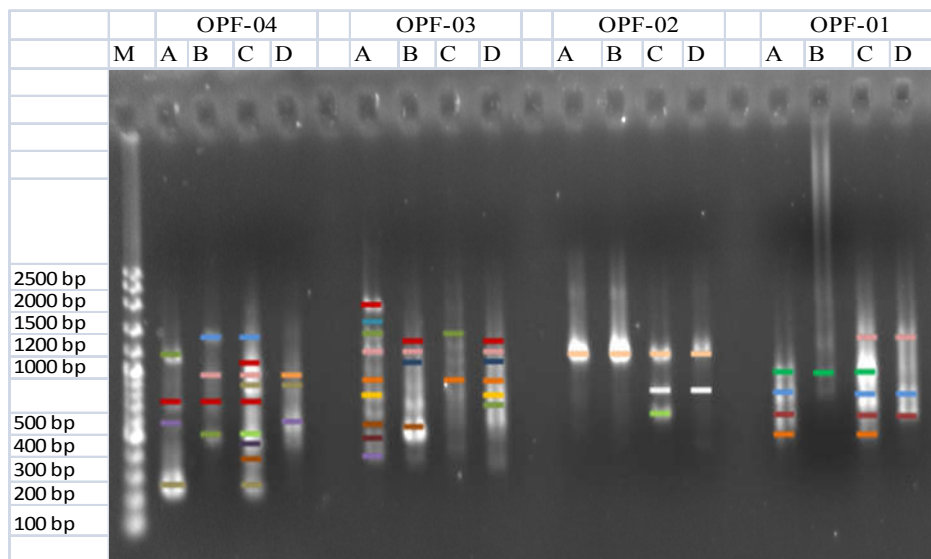
Empat primer yang digunakan pada empat jenis *Solanaceae* yaitu OPF-04, OPF-03, OPF-02 dan OPF-01. Hasil pengamatan menunjukkan bahwa primer yang berbeda akan mendapatkan kualitas serta kuantitas yang berbeda.

Tabel 4.2
Primer yang digunakan dan jumlah pita DNA hasil amplifikasi dan tingkat polimorfisme pada 4 aksesi *Solanaceae*

Primer	Urutan Basa	Pita Polimorpik	Pita Monomorpik	Total pita	Persentase Polimorpik
OPF-04	TAG CTT CAC G	10	0	10	100
OPF-03	TCG AGG ACC T	11	1	11	100
OPF-02	TCA GGA CTC C	2	1	3	150
OPF-01	ATG TCA CCA C	5	0	5	100
	Jumlah	28	2	29	

Amplifikasi PCR-RAPD terhadap total DNA genom dari keempat aksesi terung dengan menggunakan empat primer RAPD (OPF-04, OPF-03, OPF-02, OPF-02 dan OPF-01) menghasilkan 29 pita DNA yang dapat diskor. Jumlah pita yang dihasilkan berkisar antara 3 (OPF-02) hingga 11 (OPF-03) dengan ukuran pita yang dihasilkan berkisar antara 300 bp

hingga 2000 bp Gambar 4.1 Kesalahan mudah terjadi pada proses RAPD, walaupun proses sudah dilakukan dengan kondisi yang tetap, perbedaan sampel dapat menyebabkan perbedaan hasil. Bahkan perbedaan penggunaan mesin PCR dan buffer dapat menyebabkan perbedaan hasil (Angel & J. Edwards, 1995:). Variasi genetik yang dijumpai pada seluruh aksesi terung umumnya diperoleh dari perbedaan profil RAPD. Sebagian besar 29 pita RAPD dijumpai pada seluruh aksesi Gambar 4.1.



Gambar 4.2 Profil sidik RAPD empat aksesi *Solanaceae* dengan menggunakan empat primer OPF-04, OPF-03, OPF-02, OPF-01.

Keterangan :

M : Marka /Ledder yang berfungsi untuk patokan pita

A : Sampel TBU (Terung gelatik)

B : Sampel TPU (Terung kopek)

C : Sampel TK (Tekokak)

D : Sampel LC (Leunca)

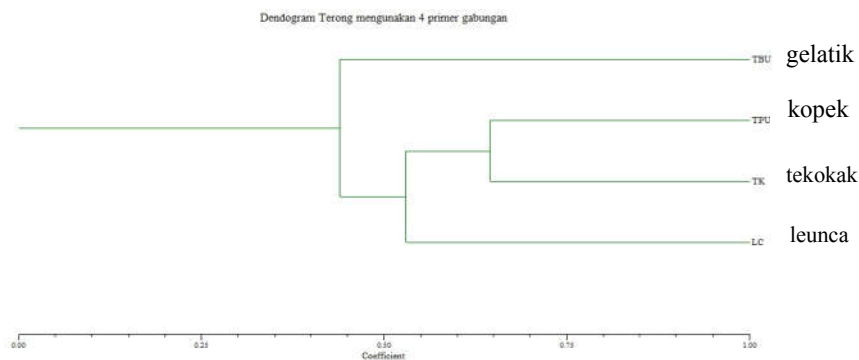
Dari profil sidik RAPD keempat aksesi terung yang menggunakan empat primer dapat menunjukkan 29 pita RAPD, pita RAPD dapat dilihat dengan garis berwarna dan pita tersebut terdapat pada ketinggian 300 bp hingga 1500 bp sehingga dapat diskoring Tabel 4.3. Teknik RAPD pada penelitian ini menggunakan primer yang telah diuji dengan pengenceran yang tepat. Semua primer yang digunakan dapat mengamplifikasi dengan baik yaitu. Dari hasil PCR

yang dilakukan, didapatkan pola pita yang berbeda-beda atau polimorfik. Skoring dilakukan dengan melihat pola pita hasil PCR Tabel 4.3 yang kemudian dimasukkan ke dalam program NTSYS untuk menampilkan dendrogram. Jumlah pita terbanyak pada OPF-03 yaitu 11 pita. Untuk primer OPF-03, ukuran fragmen berkisar antara 300 bp-2000 bp. Pita RAPD yang muncul diberi nilai "1" dan yang tidak muncul diberi nilai "0" dilihat pada Gambar 4.1.

Tabel 4.3
Hasil skoring dari profil sidik fragmen DNA

OPF-04				OPF-03				OPF-02				OPF-01			
TBU	TPU	TK	LC	TBU	TPU	TK	LC	TBU	TPU	TK	LC	TBU	TPU	TK	LC
0	1	1	0	1	0	0	0	1	1	1	1	0	1	0	1
1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	1	1	1	1	1	0
0	0	1	0	1	0	0	0	0	0	1	0		1	0	1
0	1	1	1	0	1	1	1						1	0	1
0	0	1	1	1	1	1	1						1	0	0
1	1	1	0	0	1	1	1								
1	0	0	1	1	0	0	1								
0	1	1	0	1	0	0	1								
0	0	1	0	1	1	1	0								
0	0	1	0	1	0	0	0								
0	0	1	0												

Analisis kluster menunjukkan pemisahan tanaman terung ke dalam kluster yang mengelompok berdasarkan jenisnya Gambar 4.3. Nilai koefisien kesamaan genetik keempat aksesi terung berkisar antara 25% hingga 100%. Hasil analisis kluster menunjukkan adanya tiga kluster (A, B, dan C). kluster A (koefisien kesamaan 49%) terdiri atas terung gelatik, kluster B (koefisien kesamaan 65%) terdiri atas TPU (terung kopek) dan TK (tekokak), dan kluster C (koefisien kesamaan 55%) terdiri atas LC (Leunca) (Gambar 4.3).



Gambar 4.3 Dendrogram pengelompokan UPGMA berdasarkan koefisien kesamaan pada empat aksesi *Solanaceae*

B. Pembahasan

Dari hasil visualisasi PCR-RAPD dan dendogram diperoleh, empat primer yang digunakan mampu mengamplifikasi empat sampel yang digunakan. *Cetyl Trimetil Ammonium Bromide* (CTAB) merupakan metode yang umum digunakan dalam ekstraksi DNA genom tanaman yang banyak mengandung polisakarida dan senyawa polifenol (Krizman, dkk. 2006). Pada dasarnya isolasi DNA genom terdiri dari tiga langkah utama, yaitu merusak dinding sel, (lisis), pemisahan DNA dari bahan padat seperti selulosa dan protein, serta pemurnian DNA (Ibrahim, *et al.* 2010; Lu, *et al.* 2016). Langkah-langkah tersebut menggunakan zat-zat kimia yang memiliki fungsi khusus.

Uji kualitas dan konsentrasi terhadap pengisolasian DNA penting untuk proses manipulasi semua zat. Konsentrasi DNA dan kemurniannya dapat ditentukan dengan cara spektrofotometer dengan menggunakan sinar UV dengan panjang gelombang 260 dan 280 nm. Perbandingan dalam pengujian menggunakan sinar UV dengan panjang 260/280 nm memberikan suatu ukuran terhadap kontaminasi protein dalam suatu DNA, sementara itu penggunaan sinar UV dengan panjang 260 nm bertujuan untuk menghitung konsentrasi dari suatu DNA sampel. Bagaimanapun, proses penyerapan sinar UV tidak dapat memisahkan kontaminasi RNA, dan kontaminan seperti protein, fenol, oligo atau polisakarida yang terkandung dalam DNA sulit untuk diperkirakan (Kelly, *et al.* 2015).

Hasil pengujian kuantitas dengan spektrofotometer menunjukkan hasil yang cukup baik. Empat aksesori memperoleh DNA genom dengan kemurnian dan konsentrasi yang tinggi. Primer yang digunakan pada penelitian ini adalah primer OPF-04, OPF-03, OPF-02, dan OPF-01. Dari empat primer yang digunakan semuanya berhasil mengamplifikasi DNA genom. Pada saat pengujian kualitas dan kuantitas DNA TPU (terung kopek) mendapatkan hasil yang tidak signifikan, hasil elektroforesis menunjukkan tidak terlalu

jelasanya pita DNA terung tersebut. Pengukuran dengan menggunakan spektrofotometer menghasilkan angka yang cukup bagus, terdapat DNA namun jumlah yang didapat sedikit. Hasil uji kualitas dan kuantitas yang tidak terlalu bagus tidak menjamin bahwa isolasi genom benar-benar gagal, Jika terdapat DNA dengan jumlah yang terlalu sedikit, maka hasil uji bisa menunjukkan hasil negative karena adanya keterbatasan minimum alat (Noroozi, *et al.* 2011; Pamela, *et al.* 2016). DNA genom yang sangat sedikit sehingga sulit terdeteksi oleh alat tetap dapat digunakan sebagai template dalam proses PCR, PCR memiliki kemampuan untuk memperbanyak fragmen-fragmen DNA yang sangat powerful. PCR hanya membutuhkan sedikit template untuk dapat memperbanyak fragmen-fragmen DNA tertentu (Lu, *et al.* 2016).

Secara umum, hasil amplifikasi total DNA genom sampel *Solanaceae* dengan menggunakan primer terpilih menghasilkan serangkaian pita-pita, diantaranya ada pita-pita yang umum dijumpai pada seluruh sampel dan adapula pita spesifik yang hanya ditemukan spesies/kultivar tertentu. Keseluruhan profil pita yang dihasilkan dari amplifikasi primer RAPD inilah yang merupakan sidik DNA setiap jenis/kultivar. Teknik RAPD dievaluasi untuk membedakan individu-individu yang memiliki hubungan kekerabatan yang dekat (Nevena, *et al.* 2011). Hasil amplifikasi dengan empat primer RAPD menghasilkan beberapa pita fragmen DNA. Pita-pita ini ada yang bersifat polimorfik dan monomorfik, pita-pita filogenetik yang dapat menggambarkan hubungan kekerabatan. Berdasarkan pohon filogenetik Gambar 4.3 terlihat bahwa tumbuhan terung kopek lebih dekat kekerabatannya dengan tekokak.

DAFTAR PUSTAKA

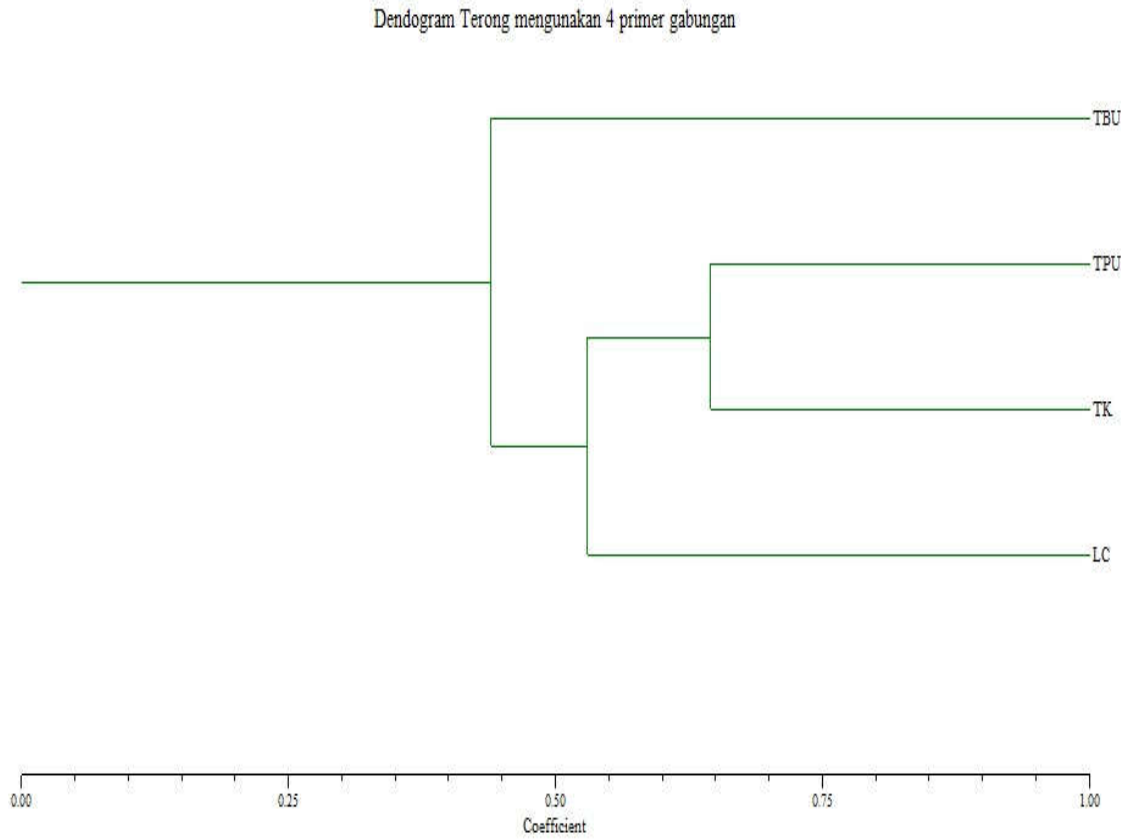
- Alarcón-Flores, M. I., Romero-González, R., Vidal, J. L. M. dan Frenich, A.G. 2015. Systematic Study of the Content of Phytochemicals in Fresh and Fresh-Cut Vegetables. *Antioxidants*. Vol. 4: 345-358; doi:10.3390/antiox4020345.
- Arivalagan, M., Gangopadhyay, K. K., Kumar, G., Bhardwaj, R., Prasad, T.V., Sarkar, S. K. dan Roy, A. 2011. Variability in Mineral Composition of Indian Eggplant (*Solanum melongena* L.) genotypes. *Journal of Food Composition and Analysis*. Vol. 26: 173–176; doi:10.1016/j.jfca.2012.03.001.
- Braga, C. P., Scalzo, R. L., Sasso, M. D., Lattuada, N., Greco, V. dan Fibiani, M. 2016. Characterization and Antioxidant Activity of Semi-Purified Extracts and Pure Delphinidin-glycosides from eggplant peel (*Solanum melongena* L.). *Journal of Functional Foods*. Vol. 20: 411–421;doi.org/10.1016/j.jff.2015.10.032.
- Caguiat, X. G. I. dan Hautea, D. M. 2014. Genetic Diversity Analysis of Eggplant (*Solanum melongena* L.) and Related wild Species in the Philippines Using Morphological and SSR Markers. *SABRAO Journal of Breeding and Genetics*. Vol. 46 (2) 183-201
- Cericola, F., Portis, E., Toppino, L., Barchi, L., Acciarri, N., Ciriaci, T., Sala, T., Rotino, G.L., dan Lanteri, S. 2013. The Population Structure and Diversity of Eggplant from Asia and the Mediterranean Basin. *PLoS ONE*. Vol. 8(9): e73702. doi:10.1371/journal.pone.0073702.
- Dharmayanti, Indi. 2011. Filogenetik Molekuler: Metode Taksonomi Organisme Berdasarkan Sejarah Evolusi. *Wartazoa*. Vol. 21(1):1-10
- Demir, K., Bakır, M., Sarıkamis, G., dan Acunalp, S. 2010. Genetic Diversity of Eggplant (*Solanum melongena*) Germplasm from Turkey Assessed by SSR and RAPD markers. *Genet. Mol. Res*. Vol. 9 (3): 1568-1576.
- Fatchiyah, Estri Laras, Sri Widarti, Sri Rahayu. 2011. *Biologi Molekuler Prinsip Dasar Analisis*. Jakarta: Erlangga
- Ge, H., Liua, Y., Jianga, M., Zhangb, J., Hana, H. dan Chen, H. 2013. Analysis of genetic diversity and structure of eggplant populations (*Solanum melongena* L.) in China using Simple Sequence Repeatmarkers. *Scientia Horticulturae*. Vol. 162: 71–75; doi.org/10.1016/j.scienta.2013.08.004.
- Ibrahim, A. A., Mohammad, A. B., Haseeb, A. K., Ahmad, H. A., Ali, A. A., Ali, H. B., Mohammad, A. S. dan Mohammad S. 2010. A Brief Review of Molecular Techniques to Assess Plant Diversity. *Int. J. Mol. Sci*. Vol. 11, 2079-2096; doi:10.3390/ijms11052079.
- Jose', R.S., Plazas, M., Sa'nchez-Mata, M.C., Camara, M., and Prohens, J. 2016. Diversity in composition of scarlet (*S. aethiopicum*) and gboma (*S. macrocarpon*) Eggplants and of Interspecific Hybrids Between *S. aethiopicum* and Common Eggplant (*S. melongena*). *Journal of Food Composition and Analysis*. Vol. 45: 130–140; doi.org/10.1016/j.jfca.2015.10.009.

- Kaur, C., Nagal, S., Nishada, J., Kumar, R., dan Sarika. 2014. Evaluating Eggplant (*Solanum melongena* L) Genotypes for Bioactive Properties: A Chemometric Approach. *Food Research International*. Vol. 60: 205–211; doi.org/10.1016/j.foodres.2013.09.049.
- Kelly, Y. C. *et al.* 2015. Authentication of *Cordyceps Sinensis* by DNA Analyses: Comparison of ITS Sequence Analysis and RAPD-Derived Molecular Markers. *Molecules*. Vol. 20, 22454–22462; doi:10.3390/molecules201219861
- Kumchai, J., Wei, Y.-C. Lee, C.-Y., Chen, F.-C. dan Chin, S.-W. 2013. Production of Interspecific Hybrids Between Commercial Cultivars of the Eggplant (*Solanum melongena* L.) and its Wild Relative *S. torvum*. *Genet. Mol. Res.* Vol. 12 (1): 755-764.
- Lu, P., Yorkson, M. dan Clifford, W. M. 2016. Population Genetics of the Endemic Hawaiian Species *Chrysodracon hawaiiensis* and *Chrysodracon auwahiensis* (Asparagaceae): Insights from RAPD and ISSR Variation. *Int. J. Mol. Sci.* Vol. 17, 1-16; doi:10.3390/ijms17081341
- Mondini, L., Noorani A. dan Mario A. P. 2009. Assessing Plant Genetic Diversity by Molecular Tools. *Diversity*. Vol. 1: 19-35; doi:10.3390/d1010019
- Nevena, N., Ksenija, T., Goran, B., Aleksandar, B., Ivana S., Dragan M. dan Slobodan K. 2011. Estimation of the Genetic Diversity in Tetraploid Alfalfa Populations Based on RAPD Markers for Breeding Purposes. *Int. J. Mol. Sci.* Vol.12, 5449-5460; doi:10.3390/ijms12085449
- Néjib, H., Messaoud, M., Jemni, C. dan Mokhtar, T. 2010. Molecular Polymorphisms in Tunisian Pomegranate (*Punica granatum* L.) as Revealed by RAPD Fingerprints. *Diversity*. Vol. 2, 107-114; doi:10.3390/d2010107
- Noroozi, M., Hishamuddin, O., Soon, G. T. dan Suhaimi, N. 2011. Studies on the Genetic Variation of the Green Unicellular Alga *Haematococcus pluvialis* (Chlorophyceae) Obtained from Different Geographical Locations Using ISSR and RAPD Molecular Marker. *Molecules*. Vol. 16: 2598-2608; doi:10.3390/molecules16032599
- Nunome, T., Negoro, S., Kono I., *et al.* 2009. Development of SSR markers Derived from SSR-enriched Genomic Library of Eggplant (*Solanum melongena* L.). *Theor. Appl. Genet.* 119: 1143-1153.
- Olga, S., José A. P. and Paula, B. 2011. Optimization of DNA Extraction for RAPD and ISSR Analysis of *Arbutus unedo* L. Leaves. *Int. J. Mol. Sci.* Vol. 12, 4156-4164; doi:10.3390/ijms12064156
- Pamela, E. A., Michael, A. G., Uterdzua, O., Dorcas, O. I. and Oyeronke, A. O. 2016. Characterization of Grain Amaranth (*Amaranthus spp.*) Germplasm in South West Nigeria Using Morphological, Nutritional, and Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD) Analysis. *Resources*. Vol.5(6): 1-15; doi:10.3390/resources5010006
- Ravella, R., Reddy, M., Taylor, K. and Elobeid, A. 2013. Sustainable Production of Japanese Eggplants in a Piedmont Soil in Rotation with Winter Cover Crops. *Agronomy*. Vol. 3: 248-255; doi:10.3390/agronomy3010248.

- Sarikamis, G., *et al.* 2010. Genetic Characterization of Pea (*Pisum sativum*) Germplasm from Turkey Using Morphological and SSR Markers. *Genet. Mol. Res.* 9: 591-600.
- Suparman. 2012. Markah Molekuler Dalam Identifikasi dan Analisis Kekerbatan Tumbuhan Serta Implikasinya Bagi Mata Kuliah Genetika. *J. Bioedukasi.* Vol. 1 (1) : 59-68
- Wei, Y.C., Lee, C.Y., Chen F.C., dan Chin, S.W.. 2013. Production of Interspecific Hybrids Between Commercial Cultivars of the Eggplant (*Solanum melongena* L.) and its Wild Relative *S. Torvum*. *Genet. Mol. Res.* Vol. 12 (1): 755-764.
- Yang, X., Deng, C., Zhang, Y., Cheng, Y., Huo, Q. and Xue, L. 2015. The WRKY Transcription Factor Genes in Eggplant (*Solanum melongena* L.) and Turkey Berry (*Solanum torvum* Sw.). *Int. J. Mol. Sci.* Vol. 16: 7608-7626; doi:10.3390/ijms16047608

LAMPIRAN

1. Hasil dendogram hubungan filogenetik ke empat spesies Solonum



Keterangan:

- TBU (Terung gelatik)
- TPU (Terung kopek)
- TK (Tekokak)
- LC (Leunca)

2. Dokumentasi alat bahan dan kegiatan selama penelitian



2. RNase



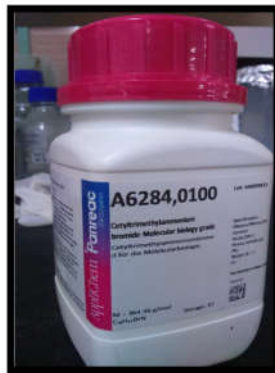
1. Bubuk Agarose



3. Larutan TE



6. Larutan TBE 0,5 X



5. Bubuk CTAB



4. Centrifuge Sampel



9. Spektrofotometer



8. Sinar UV Gel Doc



7. Elektroforesis



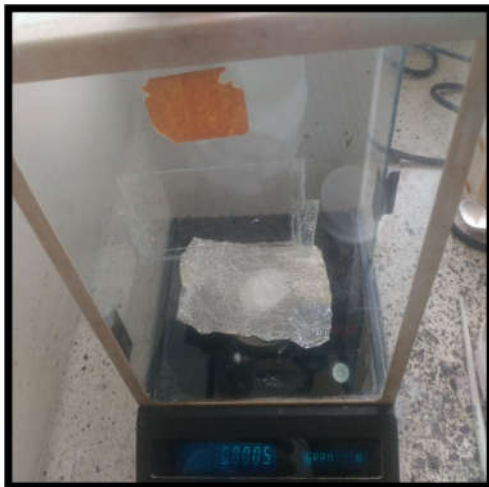
11. Mencetak agarose



12. Mesin PCR



10. Primer RAPD



13. Menimbang bubuk agarose



14. Vortex primer



15. Inkubasi menggunakan Waterbath



16. Inkubasi menggunakan Inkubator

ICE-STEM 2017

Submission Management System

Logged in as User

- » Logout
- » Profile
- » Abstract
- » My files
- » Logout

:: Abstract ::

FAQ

Q: I would like to submit more than one abstract/manuscript titles, do I have to make more than one accounts?

A: No, you just make one account. After you logging in, you can submit as many titles as you want.

Q: Can I edit my abstract later, after I submit it?

A: Yes you can. You can edit or delete your abstract after you submit it.

My Abstracts

Create New Abstract

No	Title
1	<div style="display: flex; justify-content: space-around;">Edit Delete</div> <hr/> <p>Presenter name: Susilo <i>The full name which will be printed in certificate, one person only.</i></p> <hr/> <p style="text-align: center;">[Abstract ID: ABS-33]</p> <p style="text-align: center;">ANALYSIS OF GENETIC DIVERSITY AND GENOME RELATIONSHIPS OF FOUR EGGPLANT SPECIES (<i>Solanum melongena</i> L) USING RAPD MARKERS</p> <p style="text-align: center;"><i>Susilo and Maryanti Setyaningsih</i></p> <p style="text-align: center;">Departement of Biology Education, University of Muhammadiyah Prof. DR. Hamka.</p>

No	Title
1	<div data-bbox="349 241 592 315" style="text-align: center;"> Edit Delete </div> <hr/> <p data-bbox="349 346 1096 409">Presenter name: Susilo <i>The full name which will be printed in certificate, one person only.</i></p> <hr/> <p data-bbox="673 451 1047 493" style="text-align: center;">[Abstract ID: ABS-33]</p> <p data-bbox="381 525 1339 630" style="text-align: center;">ANALYSIS OF GENETIC DIVERSITY AND GENOME RELATIONSHIPS OF FOUR EGGPLANT SPECIES (<i>Solanum melongena</i> L) USING RAPD MARKERS</p> <p data-bbox="673 651 1047 682" style="text-align: center;"><i>Susilo and Maryanti Setyaningsih</i></p> <p data-bbox="389 703 1323 756" style="text-align: center;">Departement of Biology Education, University of Muhammadiyah Prof. DR. Hamka. Jl. Tanah Merdeka, Kampung Rambutan, Ciracas, East Jakarta, Indonesia, 13830</p> <p data-bbox="803 798 917 829" style="text-align: center;">Abstract</p> <p data-bbox="349 850 1364 955">Solanum melongena (eggplant) is one of the diversity of the Solanum clan that is widely grown and spread in Indonesia and widely used by the community. This research confirms the genetic diversity of four local Indonesian eggplant species namely leuca, tekokak, gelatik and kopek by using RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA).</p> <p data-bbox="349 955 1364 1092">The sample was obtained from Agricultural Technology Assessment Institute (BPTP) Bogor, Indonesia. The observation data in the form of Solanum melongena plant DNA profile was analyzed by quantitative descriptively. 29 DNA loci were successfully scored by using four primers (OPF-01, OPF-02, OPF-03, and OPF-04). The result of PCR-RAPD visualization produces bands of 300-1500 bp.</p> <p data-bbox="349 1092 1364 1312">Dendograms show grouping of all types in general. All Primers were used able to amplify the four eggplant samples. The coefficient value of genetic similarity of the four accessions of eggplant ranged from 25% to 100%. The result of cluster analysis shows the existence of three clusters (A, B, and C). A cluster A (coefficient of equal to 49%) consists of a gelatik; cluster B (coefficient of 65% equilibrium) consists of TPU (kopek) and TK (tekokak), and cluster C (55% equilibrium coefficient) consists of LC (Leunca). These results indicate that the closest proximity is found in samples of TK (Tekokak) and TPU (Kopek).</p> <p data-bbox="349 1333 1153 1365">Keywords: DNA; PCR; RAPD; Genetic Diversity, Solanum melongena.</p> <p data-bbox="349 1375 527 1407">Topic: Science</p> <hr/> <p data-bbox="584 1459 1128 1512" style="text-align: center;"><i>Created: Sunday, 16 July 2017 - 06:45:11 Last update: Tuesday, 18 July 2017 - 04:57:45</i></p>

