

## **ANALISIS KEKERABATAN GENETIK TANAMAN PADI (*Oryza sativa* L.) DI KABUPATEN KAMPAR DENGAN MENGGUNAKAN PENANDA *Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD)***

*(Genetic Relationship Analysis Of Rice (*Oryza sativa* L.) In Kampar District by Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD) Marker)*

RITA ELFIANIS<sup>1\*</sup>, JOKO WARINO<sup>1</sup>, ROSMAINA<sup>1</sup>, SUHERMAN<sup>2</sup>, ZULFAHMI<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Program Studi Agroteknologi, Fakultas Pertanian dan Peternakan,

<sup>2</sup>Jurusan Teknik Industri, Fakultas Sains dan Teknologi

Universitas Islam Negeri Sultan Syarif Kasim Riau,

Jl. H.R. Soebrantas No. 155 Km 18 Simpang Baru Panam Pekanbaru Riau 28293

\*E-mail: rita.elfianis@uin-suska.ac.id

### **ABSTRACT**

*Rice is a cereal crop that belongs to the gramineae family of high economic value, and is the main food for more than a portion of the world's population. This study aims to determine the relationship genetic of rice in Kampar by RAPD marker. Eight genotypes of rice from district in Kampar were amplified using eight primers (OPA 5, OPB 7, OPC 19, OPD 2, OPD 3, OPD 8, OPD 11, and OPD 13). The analysis of molecular data was performed by using NTSys pc -2.02 and GenAlex 6.1. The results of the amplification of rice produced 48 loci with DNA band sizes obtained ranging from 350-1700 bp. The average percentage of polymorphic loci of the eight primers was 49.80%, where the highest percentage of polymorphic loci produced by OPA-7 primer was 75%, while the lowest polymorphic locus percentage was observed in OPD-13 primer which was 14.28%. The value of genetic distance between rice from Kampar in this study is in the range of 0.06 - 0.37. At a genetic distance of 0.79, rice plants can be grouped into two groups, namely the first group consisting of soka and coku. The second group consisted of Suntiong, Korea, Cupak putio, Kuniong, Jangguik, and Cupak tinggi. The results of this study are expected to be taken into consideration in developing rice breeding strategies in the future.*

*Keywords : Genetic, Kampar, RAPD, rice*

### **PENDAHULUAN**

Padi merupakan tanaman sereal yang termasuk dalam famili *Graminae* yang bernilai ekonomi tinggi, dan pangan utama bagi lebih dari sebagian penduduk dunia. Indonesia merupakan salah satu negara dengan tingkat konsumsi beras tertinggi dunia, yang mencapai 139 kg/kapita/tahun (FAO, 2009). Kebutuhan terhadap beras semakin meningkat sementara produksi padi semakin menurun setiap tahunnya. Riau merupakan salah satu daerah penghasil padi dan memiliki potensi dalam pengembangan padi yang tersebar di berbagai kabupaten. Menurut Badan Pusat Statistik (BPS) Provinsi Riau (2020), produksi padi di Riau mengalami penurunan sebanyak 13,33% dibandingkan tahun 2018. Peningkatan produksi padi perlu didukung koleksi plasma nutfah padi sebagai bahan genetik.

Kabupaten Kampar merupakan salah satu daerah yang memiliki kultivar padi lokal yang cukup banyak. Informasi keragaman genetik dan keunggulan kultivar lokal dapat

bermanfaat untuk memaksimalkan proses pemilihan tetua dalam merakit varietas unggul baru. Perkembangan suatu varietas unggul tergantung pada ketersediaan keragaman genetik yang bersumber dari varietas lokal yang tumbuh dan terseleksi selama beberapa generasi oleh petani, dan sejumlah spesies liar. Meskipun varietas unggul saat ini telah luas diadopsi oleh masyarakat petani, namun varietas lokal secara berkelanjutan masih dipertahankan karena rasanya sesuai dengan selera masyarakat. Oleh karena itu, karakterisasi dan evaluasi plasma nutfah merupakan hal yang esensial dalam program pemuliaan (Chakravarthi *et al.*, 2006).

Melalui kegiatan karakterisasi, sifat-sifat unggul dari plasma nutfah yang dimiliki dapat diidentifikasi dengan baik, untuk selanjutnya diperoleh varietas- varietas yang potensial untuk dikembangkan lebih lanjut (Somantri *et al.*, 2002; Surahman *et al.*, 2009). Karakterisasi plasma nutfah padi ini juga penting dalam konservasi dan preservasi varietas lokal. Ada tiga tipe utama penanda genetik, yaitu (1) sifat morfologi (penanda

klasik atau dapat diamati) yang merupakan sifat fenotipe atau karakter itu sendiri; (2) penanda biokimia, keragaman alel enzim yang disebut isoenzim; dan (3) penanda DNA (molekuler), mengungkapkan keragaman kedudukan (lokasi) DNA. Penanda morfologi biasanya dengan mengamati sifat fenotip seperti warna bunga, ukuran buah, dan tipe pertumbuhan. Penanda isoenzim mengamati perbedaan enzim yang dideteksi melalui elektroforesis dan pewarnaan enzim spesifik. Kelemahan utama dari penanda morfologi dan biokimia adalah terbatasnya jumlah penanda yang tersedia dan dipengaruhi oleh keadaan lingkungan atau fase pertumbuhan tanaman (Collard *et al.*, 2005).

Teknik untuk menganalisis keragaman genetik secara molekuler salah satunya ialah dengan RAPD (*Random amplified polymorphism DNA*). Keuntungan teknik ini antara lain sederhana, cepat, sedikit DNA, mampu menghasilkan pola pita polimorfis, dan dengan menggunakan satu primer dapat diperoleh multiple locus (Collard *et al.* 2005). Penanda RAPD telah banyak digunakan untuk mengetahui keragaman dan kekerabatan genetik pada tanaman padi (Mulyaningsih dan Sri, 2014), *Nepenthes* (Elfianis, dkk, 2017), pasak bumi (Zulfahmi, 2011), pisang (Rosmaina, 2003), jeruk (Karsinah *et al.*, 2002), kelapa (Pandini, 2009), dan mentimun (Julisaniah, 2008).

Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui kekerabatan genetik tanaman padi di Kabupaten Kampar melalui penanda RAPD.

## BAHAN DAN METODE

### Waktu dan Tempat

Penelitian ini dilaksanakan pada bulan Juli sampai Oktober 2018 di Laboratorium Agronomi Fakultas Pertanian dan Peternakan Universitas Islam Negeri Sultan Syarif Kasim Riau dan Laboratorium Genetika dan Pemuliaan Tanaman Fakultas Pertanian Universitas Gadjah Mada.

### Alat dan Bahan

Bahan yang digunakan pada penelitian ini adalah tanaman padi sebanyak delapan genotipe asal Kabupaten Kampar (Tabel .1), Psd H<sub>2</sub>O, 1 M Tris-HCl pH 9, NaCl 5 M, EDTA 0,5 M, CTAB 10%, PVP 2% dan β-merkaptotanol, CIAA (24 IAA : 1 kloroform), sodium asetat, isopropanol, dan etanol 70%. Bahan yang digunakan untuk amplifikasi DNA yaitu *Go Taq Green (promega)*, *nuclease free water*, agarosa, TBE 1x, *Florosafe DNA stain*, *loading Dye*, *Ladder Vivantis* yang digunakan sebagai penanda, *Go Taq Green* dan enam

belas primer.

Alat yang digunakan adalah mesin PCR BOECO, mortar, penumbuk, sarung tangan, *microcentrifuge*, penangas air (*waterbath*), pipet mikro berbagai ukuran, tip berbagai ukuran, *microwave*, mikrotube, *beakerglass*, *powersupply*, spektrofotometer (*GeneQuant*), alat elektroforesis, dan UV *transluminator*.

### Metode Penelitian

Metode penelitian ini terdiri dari beberapa tahapan yaitu penanaman dan persemaian benih, koleksi sampel, isolasi DNA, skrining primer, amplifikasi dengan PCR dan elektroforesis DNA serta analisis data. Masing-masing tahapan yaitu sebagai berikut:

#### a. Persemaian dan Penanaman benih Padi

Benih Padi disemai pada bak persemaian. Kemudian dipindah tanam ke ember yang telah berisi media tanam. Sekitar umur 55 – 60 hari, daun padi bisa diambil sebagai sample untuk diekstraksi.

#### b. Koleksi Sampel

Daun muda segar tanaman padi yang telah dikoleksi dimasukkan ke dalam kantong plastik yang telah diberi silica gel dengan perbandingan daun dan silica gel adalah 1:5 (w/w) untuk mencegah supaya daun atau sampel tanaman tidak terserang oleh jamur dan menurunkan kadar air daun, kemudian disimpan dalam *freezer* pada suhu -20°C sampai ekstraksi DNA dilakukan.

Tabel 1. Daftar Sampel Padi yang Dianalisis

No.	Genotipe	Kode Sampel
1.	Sokan	P-1
2.	Suntiong	P-2
3.	Kuniong	P-3
4.	Korea	P-4
5.	Jungguik	P-5
6.	Cupak Tinggi	P-6
7.	Cupak Putio	P-7
8.	Coku	P-8

#### c. Isolasi DNA

DNA diisolasi dari jaringan daun dengan menggunakan metode *cetyltrimethyl ammonium bromide* (CTAB) menurut Doyle dan Doyle (1990) dengan modifikasi. Daun yang digunakan sebagai sampel dicuci dengan air mengalir sampai bersih dan dikeringkan dengan tissue. Sampel yang digunakan sebanyak 0,05 g sampel segar. Sampel daun sebanyak 0,05 g digerus dengan menggunakan mortar sampai lembut, kemudian ditambahkan 1500 µl larutan *buffer*

CTAB (terdiri dari CTAB 2%, 1,4 M NaCl, 100 mM Tris HCl pH 8, 20 mM EDTA pH 8, 2% PVP-40 1, 2% *Mercaptoethanol*) yang sebelumnya telah diinkubasi pada waterbath pada suhu 65°C selama 30 menit. Campuran hasil gerusan kemudian diinkubasi pada suhu 65°C selama 60 menit. Selama 10 menit campuran dibolak-balik agar tetap homogen. Setelah diinkubasi selama 60 menit, campuran diambil dari waterbath dan didiamkan selama 2 menit kemudian ditambahkan pada setiap sampel 500 µl campuran 24 *chloroform* : 1 isoamil alkohol (CIAA) dan divortex selama 5 menit lalu disentrifuse 15 menit pada 12.000 rpm. Supernatan yang terbentuk diambil dengan hati-hati dan ditambahkan sodium asetat dengan volume 1/10 dari volume supernatant, kemudian ditambahkan isopropanol dingin sebanyak 2/3 volume total (supernatan + sodium asetat), kemudian dicampur dengan membolak-balik tabung dan didiamkan pada suhu 4°C selama 1 - 24 jam setelah itu disentrifuse 12.000 rpm selama 10 menit. Supernatan dibuang dan endapan DNA dicuci dengan 500 µl etanol 70% kemudian disentrifuse selama 5 menit pada 12.000 rpm. Endapan DNA diuci lagi dengan 500 µl etanol absolute. Supernatan dibuang dan endapan DNA dikeringkan. Setelah kering, endapan DNA dilarutkan dengan 50 µl larutan ddH<sub>2</sub>O (Aquabides), kemudian disimpan pada lemari pendingin pada suhu 4°C.

#### d. Seleksi Primer, Amplifikasi Dan Elektroporesis DNA

Enam belas primer (Tabel 2) akan diujikan untuk amplifikasi DNA padi. DNA hasil isolasi sebanyak dua sampel digunakan untuk seleksi primer. Primer yang memberikan polimorfisme yang tinggi akan dipilih dan digunakan untuk amplifikasi DNA tahap berikutnya. Kondisi PCR (*Polymerase Chain Reaction*) adalah sebagai berikut denaturasi awal selama 5 menit pada suhu 95°C, kemudian diikuti 45 siklus dengan denaturasi selama 1 menit pada suhu 95°C, *annealing* selama 1 menit pada suhu 36°C, *extension* selama 1 menit pada suhu 72°C, dan final *extension* selama 8 menit pada suhu 72°C. Campuran reaksi PCR adalah 13 µl, yang terdiri dari 2.0 µl template DNA (5-10ng), 2 µl primer (5 pmol/µl), 1.0 µl *Nuclease Free Water*, dan 5 µl *Go Taq Green*.

Dari ke-15 primer yang digunakan dalam seleksi primer terpilih delapan primer berdasarkan tinggi tingkat polimorfismenya. Daftar ke-8 primer terpilih dapat dilihat pada Tabel 3.

Reaksi PCR dilakukan pada total volume 10 µl untuk setiap tabung PCR. Setiap reaksi PCR terdiri dari 5 µl PCR *mix* Go Taq® Green (*Promega*), 0,05 µl 100 µM primer (*Sigma-Proligo*), 2,5 µl DNA sampel (*template*) dan 2 *nuclease free water*.

Tabel 2. Jenis dan sekuen *primer* yang akan diseleksi

Primer	Urutan Basa Nukleotida
OPA 5	5' AGGGGTCTTG 3'
OPA 9	5' GGGTAACGCC 3'
OPB 7	5' GGTGACGCAG 3'
OPB 17	5' AGGGAACGAG 3'
OPC 19	5' GTTGCCAGCC 3'
OPC 20	5' ACTTCGCCAC 3'
OPD 2	5' GTGAGGCGTC 3'
OPD 3	5' GGGGGTCTTT 3'
OPD 5	5' TGAGCGGACA 3'
OPD 7	5' TTGGCACGGG 3'
OPD 8	5' TGGACCGGTG 3'
OPD 10	5' GGTCTACACC 3'
OPD 11	5' AAAGCTGCGG 3'
OPD 13	5' AAGCCTCGTC 3'
OPD 20	5' ACCCGGTCAC 3'

Tabel 3. Daftar Primer yang digunakan dalam amplifikasi DNA

Primer	Urutan Basa Nukleotida
OPB 7	5' GGTGACGCAG 3'
OPA 5	5' AGGGGTCTTG 3'
OPD 2	5' GTGAGGCGTC 3'
OPC 19	5' GTTGCCAGCC 3'
OPD 8	5' TGGACCGGTG 3'
OPD 3	5' GGGGGTCTTT 3'
OPD 13	5' AAGCCTCGTC 3'
OPD 11	5' AAAGCTGCGG 3'

Amplifikasi DNA dilakukan dengan alat PCR *System BIO- RAD*. Pemanasan pertama dilakukan pada suhu 95°C selama 5 menit, kemudian diikuti 35 siklus dengan suhu dan waktu pada setiap siklus adalah denaturasi pada suhu 95°C selama 45 detik, *annealing* pada suhu 37°C selama 45 detik, dan *elongasi* pada suhu 72°C selama 1 menit 45 detik, diikuti dengan *elongasi* akhir pada suhu 72°C selama 7 menit. DNA hasil PCR kemudian dielektroforesis menggunakan 1,5 % (b/v) agarosa yang telah ditambahkan *florosafe DNA stain* sebagai pewarna, dalam TBE *buffer* (yang terdiri dari 0,45 M Tris-HCl pH 8, 0,45 M *Boric acid*, 20 mM EDTA) dengan tegangan 100 volt selama 55 menit. Hasil kemudian divisualisasi dengan sinar UV.

#### e. Analisis Data

Data yang diperoleh dari hasil elektroporesis berupa pita-pita diskrit dengan ukuran tertentu dari masing-masing sampel. Pengukuran pita DNA dilakukan dengan

membandingkan dengan berat molekul standar 1 Kb DNA ladder. Profil pita DNA diterjemahkan ke dalam data biner dengan ketentuan nilai 0 untuk tidak ada pita dan nilai 1 untuk adanya pita DNA pada satu posisi yang sama dari individu- individu yang dibandingkan. Parameter yang akan dihitung adalah jumlah alel per lokus ( $N_a$ ), jumlah alel efektif per lokus ( $N_e$ ), persen locus polimorfik ( $PPL$ ), variasi genetik (tingkat heterozigot,  $H_t$ ), differensiasi genetik antar populasi ( $G_{st}$ ), Jarak genetik ( $do$ ), aliran gen ( $Nm$ ). Semua parameter tersebut dihitung dengan menggunakan software POPGEN versi 1.31 (Yeh *et al.*, 1999). Analisis kluster (pengelompokan) dan pembuatan dendrogram dilakukan dengan metode *Unweighted Pair-Group Method Arithmetic* (UPGMA) menggunakan program *Numerical Taxonomy and Multivariate System* (NTSYS) versi 2.00 (Rohlf *et al.*, 1998) serta analisis koordinat utama (*Principal Coordinate Analysis, PCoA*) menggunakan *software* GenAlex 6.1.

## HASIL DAN PEMBAHASAN

### a. Ekstraksi DNA

Ekstraksi DNA dilakukan menggunakan metode CTAB (*Cetyl Trimetil Amonium Bromida*). Metode ini memiliki kelebihan dibandingkan metode lain yaitu mudah pelaksanaannya, kemungkinan adanya enzim pendegradasi DNA lebih kecil dibandingkan metode lain (Rogers & Bendich, 1994), dapat diaplikasikan pada berbagai jenis jaringan tanaman seperti daun, benih, endosperm, dan lain-lain.

Keberhasilan ekstraksi DNA dipengaruhi oleh jenis tanaman, material yang digunakan (Ausubel *et al.*, 1994) serta kandungan kimia yang terdapat pada jaringan tanaman tersebut (Pharmawati, 2009). Dalam penelitian ini

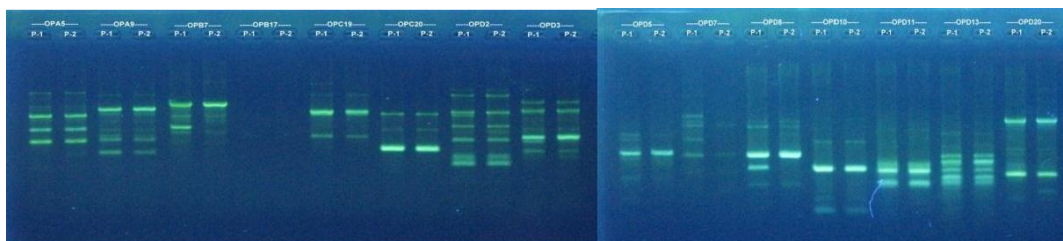
sampel tanaman padi yang digunakan adalah daun muda segar. Menurut Karsinah (1999) daun muda menghasilkan DNA lebih banyak dibandingkan dengan sampel dari daun tua. Hal ini karena daun muda tersusun dari sel-sel yang tumbuh aktif, belum banyak mengandung senyawa polifenol dan senyawa metabolit sekunder lainnya.

### b. Seleksi Primer

Lima belas primer diseleksi untuk memilih primer yang akan digunakan untuk analisis RAPD selanjutnya. Pola pita lima belas primer yang diseleksi dapat dilihat pada Gambar 1. Adanya primer yang gagal diamplifikasi yaitu OPB-17. Hal ini diduga disebabkan oleh *pertama*, karena suhu annealing yang tidak sesuai dan mengakibatkan sekuen nukleotida primer yang digunakan tidak dapat berkomplemen dengan sekuen DNA template. *Kedua*, karena jauhnya jarak urutan sekuen DNA cetakan dengan komplemen basa primer. *Ketiga*, karena rendahnya kualitas DNA tanaman padi yang dihasilkan.

Seleksi primer dilakukan berdasarkan tingkat ketebalan pita dan polimorfik dari 15 primer yang sukses amplifikasi untuk analisis RAPD tanaman padi. Delapan primer yang terpilih adalah primer OPA-5, OPB-7, OPC-19, OPD-2, OPD-3, OPD-8, OPD-11, dan OPD-13.

Primer ini dipilih karena menghasilkan pola pita yang mampu mengamplifikasi dengan jelas. Ruwaida (2009) menyatakan bahwa seleksi primer dilakukan untuk mencari primer yang dapat mengamplifikasi pita DNA yang jelas dan dalam jumlah banyak. Selain itu, seleksi primer juga dilakukan untuk mencari primer yang menghasilkan pita-pita yang polimorfik.



Gambar 1. Hasil Amplifikasi DNA (seleksi primer RAPD) yaitu Primer OPA 5, OPA 9, OPB 7, OPB 17, OPC19, OPC 20, OPD 2, OPD 3, OPD 5, OPD 7, OPD 8, OPD 10, OPD 11, OPD 13, OPD 20.

### c. Keragaman Genetik Tanaman Padi di Kabupaten Kampar

Hasil rekapitulasi ukuran fragmen DNA,

jumlah lokus, jumlah lokus polimorfik, dan persentase lokus polimorfik masing-masing primer dapat dilihat pada Tabel 4. Jumlah lokus yang dihasilkan sangat bervariasi yaitu

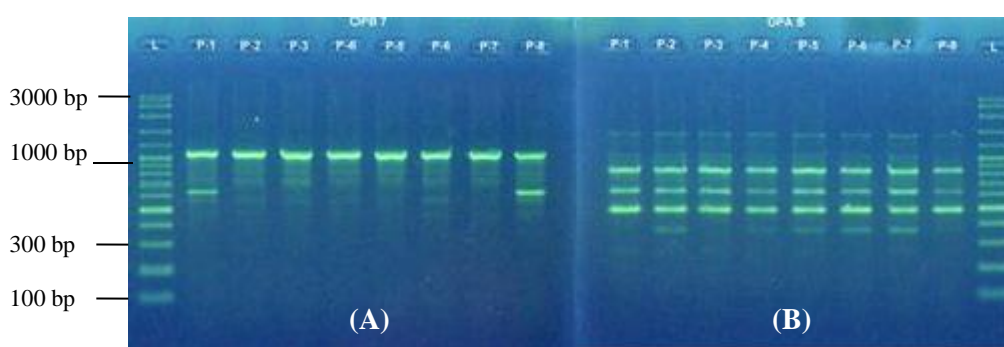
1–9 lokus tergantung dari jenis primer yang digunakan. Jumlah lokus tertinggi diamati pada primer OPD-2 yaitu 9 lokus, diikuti oleh primer OPA-5 dan OPD-13 dengan 7 lokus sedangkan jumlah lokus terendah diamati pada primer OPA-7 yaitu 4 lokus. Total jumlah lokus yang dihasilkan oleh 8 primer yang digunakan adalah 48 lokus dengan rata-rata 6 lokus per primer. Ukuran pita DNA yang diperoleh berkisar dari 350-1700 bp. Rata-rata persentase lokus polimorfik dari 8 primer adalah 49.80%, dimana persentase lokus polimorfik tertinggi dihasilkan oleh primer OPA-7 yaitu 75%, sedangkan persentase lokus polimorfik terendah diamati pada primer OPD-13 yaitu 14.28%.

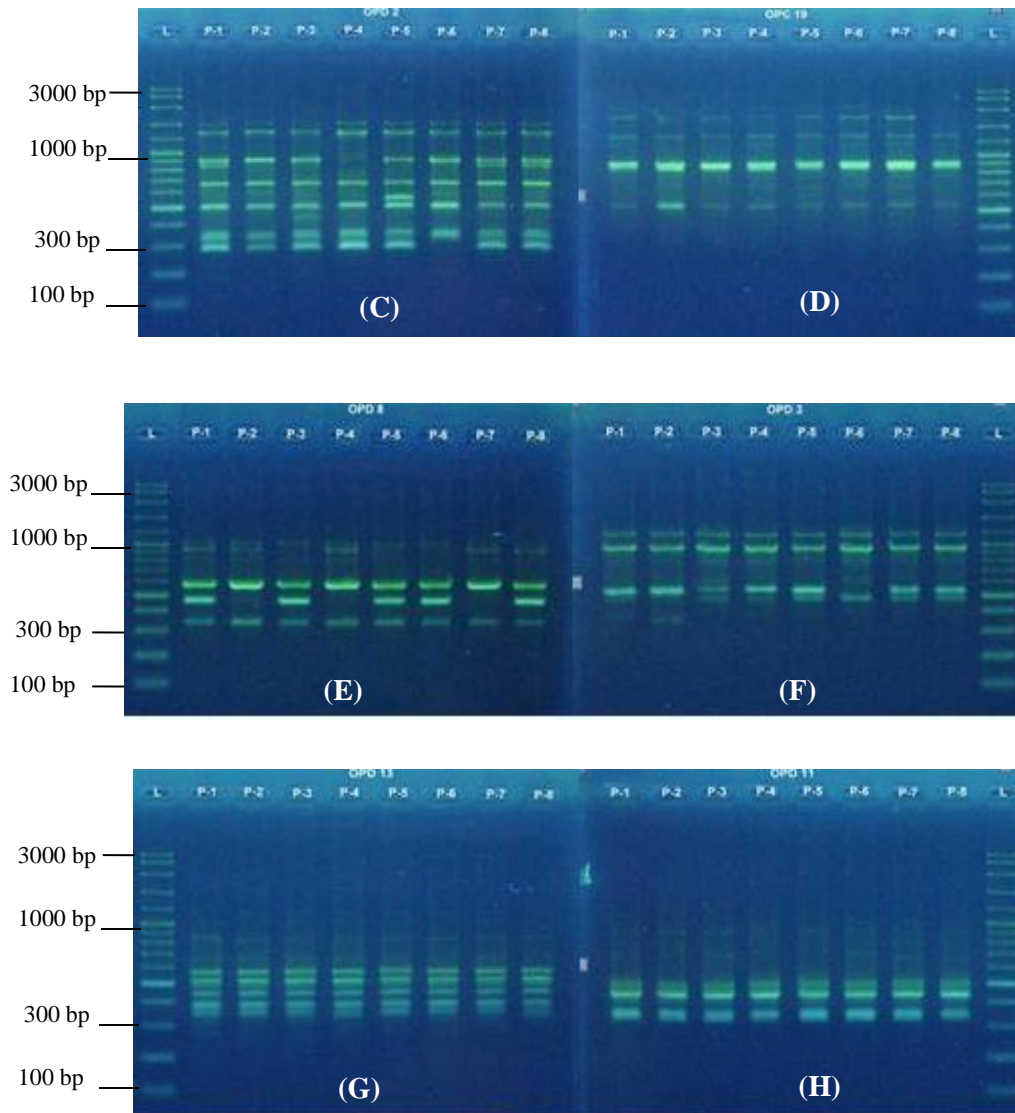
Menurut Chaturvedi dan Fujita (2006), polimorfisme dapat dapat dihasilkan karena perbedaan pola fragmen sebagai akibat penggunaan primer tertentu. Polimorfisme

yang dihasil dalam analisis RAPD merupakan hasil dari beberapa peristiwa, yaitu i) insersi fragmen DNA yang besar diantara tempat penempelan primer yang melebihi kemampuan PCR sehingga tidak ada fragmen yang terdeteksi, ii) insersi atau delesi kecil utas DNA yang menyebabkan perubahan ukuran fragmen amplifikasi, (iii) delesi salah satu tempat penempelan primer sehingga mengakibatkan hilangnya fragmen atau meningkatnya ukuran fragmen, (iv) substitusi satu nukleotida pada satu atau dua tempat sasaran primer yang mempengaruhi proses annealing, yang berakibat pada ada atau tidaknya polimorfisme atau merubah ukuran fragmen (Weising *et al.*, 2005). Besarnya tingkat polimorfisme yang dihasilkan dipengaruhi oleh genotipe yang diuji, jenis dan jumlah primer yang digunakan (Rosmaina dan Zulfahmi, 2013).

Tabel 4. Hasil Amplifikasi 8 Primer Dengan Menggunakan Penanda RAPD

Nama Primer	Urutan Basa	Ukuran Pita (bp)	Jumlah Lokus	Jumlah Lokus Polimorfik	Presentase Lokus Polimorfik
OPB 7	5' GGTGACGCAG 3'	650 – 1100	4	3	75 %
OPA 5	5' AGGGGTCTTG 3'	350 – 1400	7	5	71,42 %
OPD 2	5' GTGAGGCGTC 3'	300 – 1500	9	4	44,44 %
OPC 19	5' GTTGCCAGCC 3'	525 – 1700	6	2	33,33 %
OPD 8	5' TGGACCGGTG 3'	350 – 1000	5	3	60 %
OPD 3	5' GGGGGTCTTT 3'	350 – 1200	5	3	60 %
OPD 13	5' AAGCCTCGTC 3'	350 – 1100	7	1	14,28 %
OPD 11	5' AAAGCTGCGG 3'	350 – 900	5	2	40 %
<b>Total</b>			<b>48</b>	<b>23</b>	<b>398,47</b>
<b>Rata-Rata</b>			<b>6</b>	<b>2.9</b>	<b>49,80 %</b>





Gambar 2. Hasil Amplifikasi DNA tanaman Padi (A) Primer OPB 7, (B) Primer OPA 5, (C) Primer OPD 2, (D) Primer OPC 19, (E) Primer OPD 8, (F) Primer OPD 3, (G) Primer OPD 13, (H) Primer OPD 11.

Pola pita yang spesifik untuk membedakan padi Sokan dan Coku dengan padi lainnya adalah pada primer OPB-7 (650 bp). Padi Cupak tinggi dengan jenis padi lainnya pada primer OPD-2 (300 bp) dan primer OPD-3 (350). Padi Korea dengan jenis padi lainnya yaitu pada primer OPD-2 (550 bp). Primer OPB-7 juga digunakan oleh Arini, dkk (2014) untuk analisis keragaman genetik pada tanaman kecipir polong panjang.

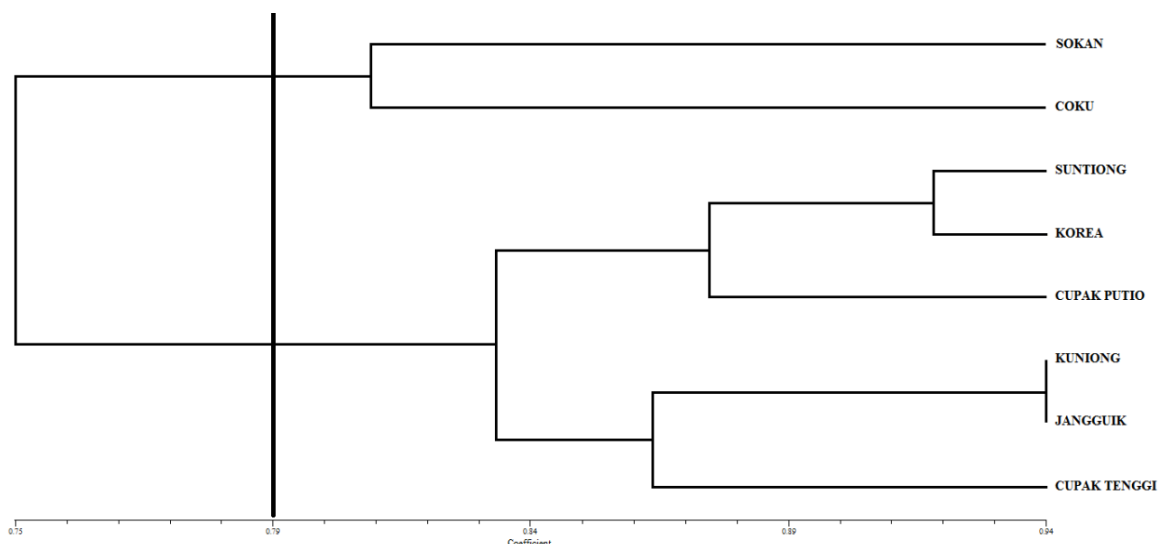
Jarak genetik adalah parameter yang digunakan untuk melihat keragaman genetik spesies yang diteliti. Nilai jarak genetik berkisar 0 – 1, nilai 0 menunjukkan spesies yang diamati memiliki hubungan kekerabatan yang sangat dekat, sedangkan nilai 1 menunjukkan spesies yang diamati memiliki hubungan kekerabatan yang sangat jauh (Arifin dan Mulliadi, 2010).

Tabel 5. Jarak Genetik sampel Tanaman Padi Berdasarkan Nei (1978)

	Sokan	Suntiong	Kuniong	Korea	Jungguik	Cupak Tinggi	Cupak Putio	Coku
<b>Sokan</b>	0.00							
<b>Suntiong</b>	0.26	0.00						
<b>Kuniong</b>	0.23	0.15	0.00					
<b>Korea</b>	0.26	0.08	0.15	0.00				
<b>Jungguik</b>	0.26	0.13	<b>0.06</b>	0.13	0.00			
<b>Cupak Tinggi</b>	0.34	0.26	0.13	0.20	0.15	0.00		
<b>Cupak Putio</b>	0.18	0.15	0.18	0.11	0.15	0.23	0.00	
<b>Coku</b>	0.20	0.34	0.31	0.34	0.34	<b>0.37</b>	0.26	0.00

Jarak genetik antar tanaman padi Asal Kabupaten Kampar dalam studi ini adalah berkisar dari 0.06 - 0.37 seperti terlihat pada Tabel 5. Jarak genetik terendah yang diamati adalah padi jungguik dengan padi kuniong yaitu 0.06, sedangkan Jarak genetik tertinggi terlihat pada padi coku dengan padi cupak

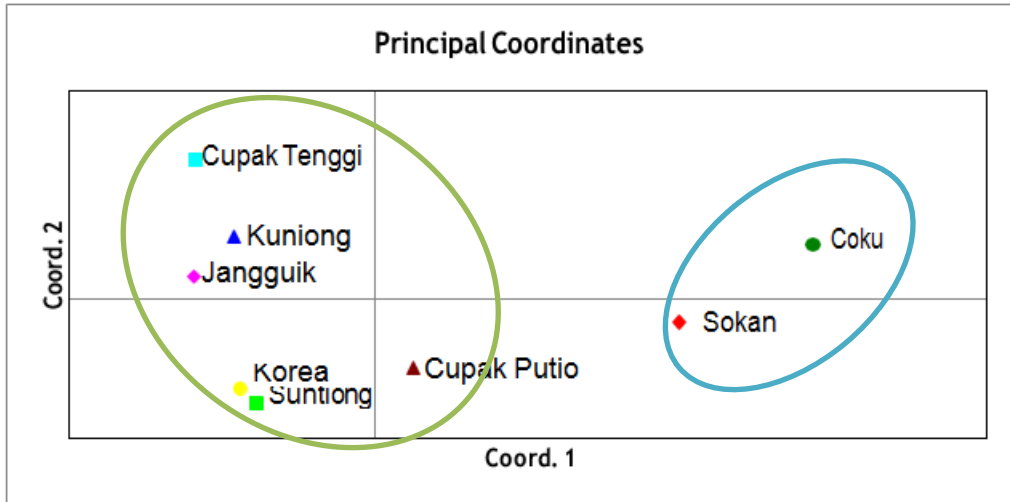
tinggi yaitu 0.37. Hasil jarak genetik berdasarkan delapan primer yang digunakan dapat disimpulkan bahwa padi jungguik dengan padi kuniong memiliki hubungan kekerabatan yang dekat. Sedangkan padi coku dengan padi cupak tinggi memiliki hubungan kekerabatan yang jauh.



Gambar 3. Dendrogram Delapan Sampel Tanaman Padi Asal Kabupaten Kampar yang dihasilkan dari Analisis NTSYS

Hasil Analisis kluster tanaman padi berdasarkan *Unweighted Pair-Group Method Arithmetic* (UPGMA) menggunakan *software NTSYS (Numerical Taxonomy and Multivariate System)* versi 2.00 dapat dilihat pada gambar 3. Berdasarkan hasil dendrogram menunjukkan bahwa pada jarak genetik 0.79, tanaman padi dapat dikelompokkan menjadi dua yaitu kelompok pertama terdiri dari padi sokan dan padi coku. Kelompok kedua terdiri dari padi suntiong, padi korea, padi cupak putio, padi kuniong, padi jungguik, dan padi cupak tinggi. Sedangkan pada jarak genetik 0,84 tanaman padi dapat dikelompokkan menjadi empat kelompok. Kelompok pertama yaitu padi

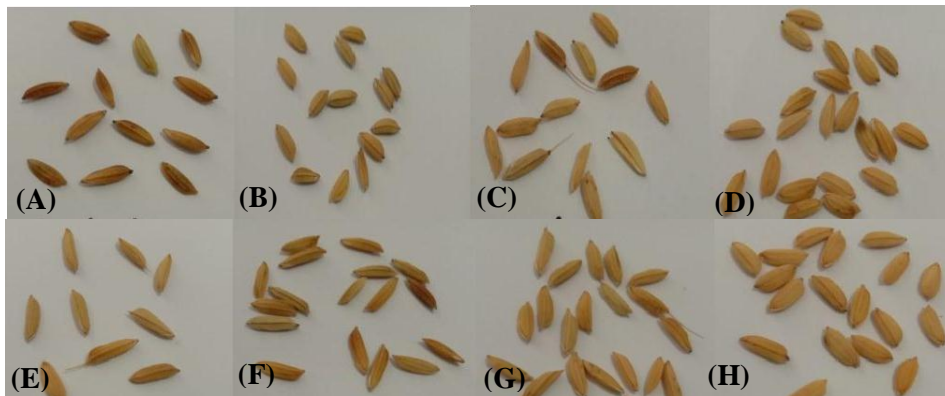
sokan, kelompok kedua yaitu padi coku, kelompok ketiga terdiri dari padi suntiong, padi korea, padi cupak putio sedangkan kelompok keempat terdiri dari padi kuniong, padi jungguik, dan padi cupak tinggi. Analisis keragaman ini menunjukkan adanya keragaman genetik yang cukup tinggi antara padi coku dan cupak tinggi yaitu 37%. Keragaman genetik yang muncul diduga dipengaruhi oleh asal tetua. Genotipe padi yang memiliki kedekatan genetik, diduga berasal dari tetua yang berkerabat dekat. Sedangkan genotipe padi yang jarak genetiknya relatif tinggi, diduga berasal dari tetua yang jauh hubungannya.



Gambar 4. Jarak Genetik delapan tanaman Padi berdasarkan analisis *PCoA*

Berdasarkan hasil analisis *PcoA* (*Principal Coordinate Analysis*) menggunakan *software* GenAlex 6.1. dapat diperoleh informasi sebaran masing-masing genotipe padi asal Kabupaten Kampar (Gambar 3). Hasil dendrogram menunjukkan kesesuaian dengan hasil analisis *PcoA* yang

mengelompokkan tanaman padi menjadi dua yaitu kelompok pertama terdiri dari padi sokan dan padi coku. Kelompok kedua terdiri dari padi suntiong, padi korea, padi cupak putio, padi kuningong, padi jangguik, dan padi cupak tinggi.



Gambar 5. Bentuk Gabah tanaman padi Asal Kabupaten Kampar (A) Padi Korea, (B) Padi Cupak Tinggi, (C) padi Jangguik, (D) Padi Cupak putio, (E) Padi Sokan, (F) Padi Kuningong, (G) Padi Suntiong, (H) Padi Coku.

Hasil penelitian menunjukkan bahwa genotipe padi Kuningong dengan padi Jangguik memiliki hubungan kekerabatan yang paling dekat dibandingkan dengan tanaman padi lainnya. Karakter morfologi bentuk gabah padi Jangguik dan padi kuningong memiliki bentuk ramping panjang (Gambar 5).

Informasi mengenai hubungan kekerabatan antar genotipe padi asal kabupaten kampar ini dapat digunakan sebagai bahan pertimbangan dalam menyusun strategi pemuliaan tanaman padi di masa mendatang, seperti dalam pemilihan tetua yang akan digunakan dalam persilangan. Untuk meningkatkan heterozigot

suatu jenis tanaman maka persilangan dilakukan pada jenis tanaman yang memiliki jarak genetik jauh dan untuk meningkatkan homozigot suatu tanaman maka persilangan dilakukan pada jenis tanaman yang memiliki jarak genetik dekat.

#### KESIMPULAN

1. Berdasarkan penanda RAPD, Jarak genetik antar tanaman padi Asal Kabupaten Kampar dalam studi ini adalah berkisar dari 0.06 - 0.37.
2. Berdasarkan analisis dengan NTSYS, pada jarak genetik 0.79 tanaman padi dapat dikelompokkan menjadi dua kelompok yaitu



kelompok pertama terdiri dari padi sokan dan padi coku. Kelompok kedua terdiri dari padi suntiong, padi korea, padi cupak putio, padi kuniong, padi janguik, dan padi cupak tenggi.

### Ucapan Terimakasih

Penulis mengucapkan terimakasih kepada Lembaga Penelitian dan Pengabdian Kepada Masyarakat Universitas Islam Negeri Sultan Syarif Kasim Riau yang telah mendanai penelitian ini.

### DAFTAR PUSTAKA

- Arifin, J dan D. Mulliadi. 2010. Pendugaan Keseimbangan Populasi Heterozigositas Menggunakan Pola Protein Albumin Darah Pada Populasi Domba Ekor Tipis (*Javanese thin tailed*) di Daerah Indramayu. *Jurnal Ilmu Ternak*. 10 (2) : 65 – 72.
- Ausubel, F.M., Brent, R., Kingston, R.E., Moore, D.D., Seidman J.G., Smith, J.A dan Stuhl, K. 1994. Current Protocols in Molecular Biology. New York: John Wiley & Sons, inc.
- BPS Provinsi Riau. 2020. Produksi padi di Riau. <https://riau.bps.go.id>. Diakses pada tanggal 18 Juni 2020.
- Chakravarthi BK, Naravaneni R. 2006. SSR marker based DNA fingerprinting and diversity study in rice (*Oryza sativa* L). *Afr. J. Biotechnol.* 5 (9):684–688.
- Chaturvedi R, Fujita Y. 2006. Isolation of enhanced eicosapentaenoic acid producing mutants of *Nannochloropsis oculata* ST-6 using ethyl methane sulfonate induced mutagenesis techniques and their characterization at mRNA transcript level. *Phycological Research*. 54: 208-19.
- Collard, B. C. Y., M. Z. Z. Jahufer, J. B. Brouwer, and E. C. K. Pang. 2005. An introduction to markers, quantitative trait loci (QTL) mapping and marker-assisted selection for crop improvement : The basic concepts. *Euphytica*. 142: 169-196.
- Doyle J. J. and J. L. Doyle. 1990. Isolation of plant DNA from fresh tissue. *Focus*. 12: 13-15.
- Elfianis, R., Zulfahmi, dan Rosmaina. 2017. Kekerabatan genetik antar jenis kantong semar (*nepenthes* spp.) Berdasarkan penanda RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*). *AGROISTA Jurnal Agroteknologi*, 01 (2): 123-139.
- Julisaniah, N. I., L. Sulistyowati., A. N. Sugiharto. 2008. Analisis Kekerabatan Mentimun (*Cucumis Sativum* L) menggunakan metode RAPD-PCR dan isozim. *Biodiversitas*, 9(2): 8-12.
- Karsinah, 1999. Keragaman Genetik Plasma Nutfah Jeruk Berdasarkan Analisis Penanda RAPD. *Tesis*. Bogor : Pasca sarjana, Institut Pertanian Bogor.
- Karsinah, Sudarsono, Setyobudi L, Aswidinnoor H. 2002. Keragaman genetik plasma nutfah jeruk berdasarkan analisis penanda RAPD. *J Biotek Pertanian*7 (1): 8-16.
- Maesaroh, A., A, Amurwanto., dan A, Yuniaty. 2014. Analisis RAPD Kecipir Polong Panjang *Psophocarpus tetragonolobus* (L.) DC Hasil Mutasi Iradiasi Sinar Gamma. *Scripta Biologica*. Vol (1) No (1) hal 1-7.
- Mulyaningsih, E.S., dan Sri, Indrayani. 2014. Keragaman Morfologi dan Genetik Padi Gogo Lokal Asal Banten. *Jurnal Biologi Indonesia* 10(1): 119-128.
- Pandin DS. 2010. Penanda DNA untuk pemuliaan tanaman kelapa (*Cocos nucifera* L.). *Perspektif* 9 (1): 21- 35.
- Pharmawati, M. 2009. Optimalisasi Ekstraksi DNA dan PCR-RAPD pada *Grevillea* spp (Proteaceae). *Jurnal Biologi*, XIII (1) : 12-16.
- Rogers, S.O and A.J. Bendich. 1994. Extraction of total cellular DNA from plants, algae and fungi. *Plant Mol. Biol. Manual*, 01: 1-8.
- Rohlf, F.J. 1999. NTSYS- pc version 2.0.Numerical Taxonomi and Multivariate Analysis System. *Exeter Software, Setauket*. New York.
- Rosmaina and Zulfahmi. 2013. Genetic Diversity of *Eurycoma longifolia* Jack Based on Random Amplified Polymorphic DNA Marker. *Journal of Tropical Forest Management*, XIX (2): DOI: 10.7226/jtfm.19.2.
- Rosmaina. 2003. The Study of Genetic Diversity and Relationship on *Musa* spp By Mean Random Amplified Polimorphic DNA (RAPD). *Skripsi*. Departmen of agronomi faculty of agriculture. Bogor Agriculture University.
- Somantri IH, Santoso TJ, Minantyorini, Ambarwati AD, Sisharmini A, Apriana A. 2002. Karakterisasi Molekuler Plasma Nutfah Tanaman Pangan. *Prosiding Seminar Hasil Penelitian Rintisan dan Bioteknologi Tanaman*. Balai Penelitian Bioteknologi dan Sumberdaya Genetik Pertanian. p. 66–74.
- Weising, K., Nybom, H, Wolff, K, and Kahl, G. (2005). *DNA Fingerprinting in Plants: Principles, Methods, and Applications*. Second Edition. Taylor & Francis Group. Boca Raton.
- Zulfahmi. 2011. Keragaman dan Diferensiasi Genetik Pasak Bumi (*Euricoma longifolia*,

Jack) di provinsi Riau berdasarkan penanda RAPD. *Laporan penelitian LPP*. UIN Suska Riau.