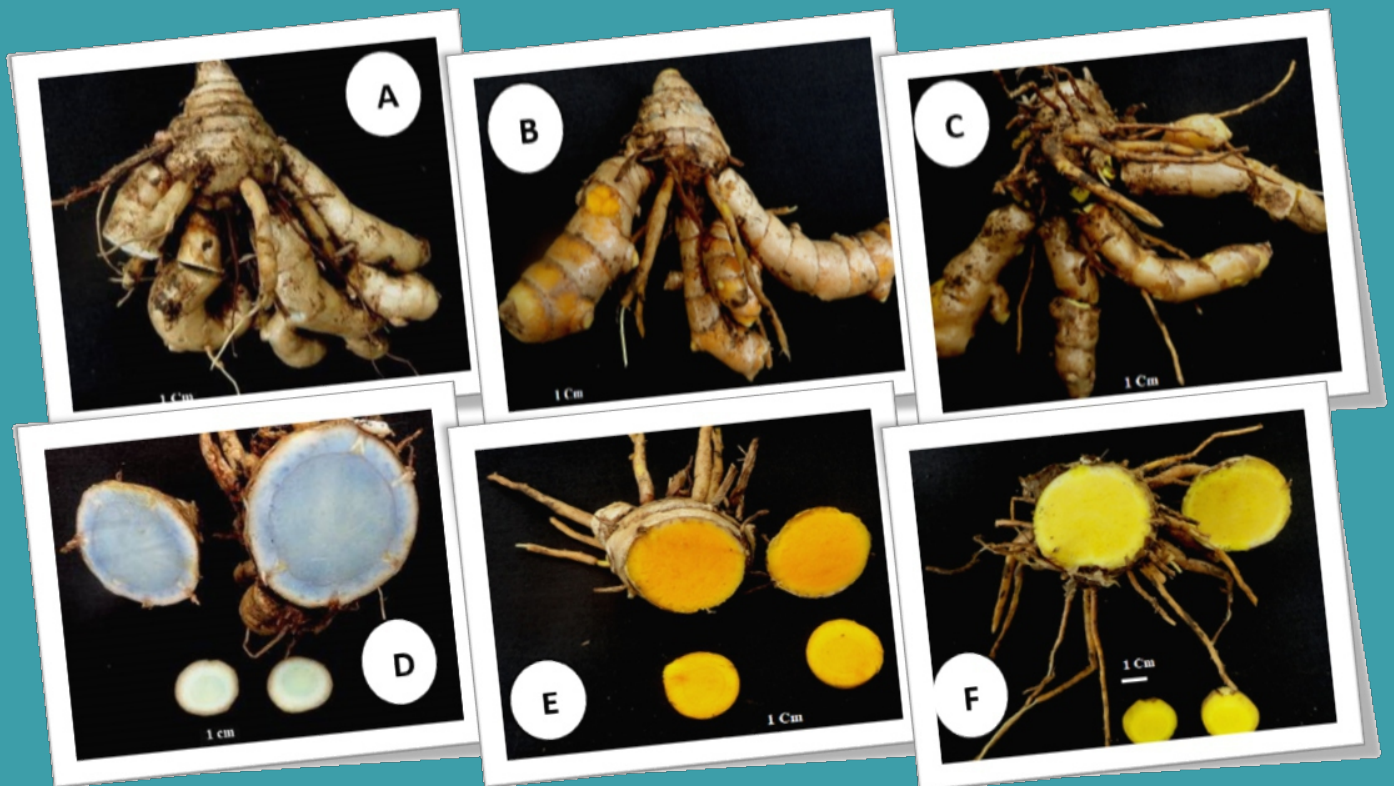


# Berita Biologi

Jurnal Ilmu-ilmu Hayati



# BERITA BIOLOGI

Vol. 17 No. 2 Agustus 2018

Terakreditasi Berdasarkan Keputusan Kepala Lembaga Ilmu Pengetahuan Indonesia  
No. 21/E/KPT/2018, Tanggal 9 Juli 2018

---

## **Tim Redaksi (*Editorial Team*)**

Andria Agusta (Pemimpin Redaksi, *Editor in Chief*)  
(Kimia Bahan Alam, Pusat Penelitian Biologi - LIPI)

Kusumadewi Sri Yulita (Redaksi Pelaksana, *Managing Editor*)  
(Sistematika Molekuler Tumbuhan, Pusat Penelitian Biologi - LIPI)

Gono Semiadi  
(Mammalogi, Pusat Penelitian Biologi - LIPI)

Atit Kanti  
(Mikrobiologi, Pusat Penelitian Biologi - LIPI)

Siti Sundari  
(Ekologi Lingkungan, Pusat Penelitian Biologi - LIPI)

Evi Triana  
(Mikrobiologi, Pusat Penelitian Biologi - LIPI)

Kartika Dewi  
(Taksonomi Nematoda, Pusat Penelitian Biologi - LIPI)

Dwi Setyo Rini  
(Biologi Molekuler Tumbuhan, Pusat Penelitian Biologi - LIPI)

## **Desain dan Layout (*Design and Layout*)**

Muhamad Ruslan, Fahmi

## **Kesekretariatan (*Secretary*)**

Nira Ariasari, Enok, Budiarto, Liana

## **Alamat (*Address*)**

Pusat Penelitian Biologi-LIPI  
Kompleks Cibinong Science Center (CSC-LIPI)  
Jalan Raya Jakarta-Bogor KM 46,  
Cibinong 16911, Bogor-Indonesia  
Telepon (021) 8765066 - 8765067  
Faksimili (021) 8765059  
Email: [berita.biologi@mail.lipi.go.id](mailto:berita.biologi@mail.lipi.go.id)  
[jurnalberitabiologi@yahoo.co.id](mailto:jurnalberitabiologi@yahoo.co.id)  
[jurnalberitabiologi@gmail.com](mailto:jurnalberitabiologi@gmail.com)

---

Keterangan foto cover depan: Struktur Morfologi Rimpang. (A, D) *Curcuma aeruginosa*, (B, E) *C. longa*, dan (C, F) *C. heyneana*. (*Morphological structure of rhizome (A, D) Curcuma aeruginosa, (B, E) C. longa, dan (C, F) C. heyneana*) sesuai dengan halaman 123. (*as in page 123*).



**P-ISSN 0126-1754**  
**E-ISSN 2337-8751**  
**No. 21/E/KPT/2018, Tanggal 9 Juli 2018**  
Volume 17 Nomor 2, Agustus 2018

# **Berita Biologi**

Jurnal Ilmu-ilmu Hayati

Berita Biologi	Vol. 17	No. 2	Hlm. 91 – 223	Bogor, Agustus 2018	ISSN 0126-1754
----------------	---------	-------	---------------	---------------------	----------------

**Pusat Penelitian Biologi - LIPI**

Ucapan terima kasih kepada  
Mitra Bebestari nomor ini  
17(2) – Agustus 2018

Prof. Dr. Ir. Yohanes Purwanto  
(Etnobotani, Pusat Penelitian Biologi - LIPI)

Ir. Siti Susiarti  
(Etnobotani, Pusat Penelitian Biologi - LIPI)

Dr. Sunaryo  
(Morfologi, Pusat Penelitian Biologi - LIPI)

Dr. Andria Augusta  
(Kimia Bahan Alam, Pusat Penelitian Biologi - LIPI)

Dr. Kusumadewi Sri Yulita  
(Sistematika Molekuler Tumbuhan, Pusat Penelitian Biologi - LIPI)

Dr. Dwi Astuti  
(Genetika, Pusat Penelitian Biologi - LIPI)

Mohammad Irham M.Sc  
(Ekologi & taksonomi, Pusat Penelitian Biologi - LIPI)

Dr. Amir Hamidy  
(Herpetologi, Pusat Penelitian Biologi LIPI)

Dr. Ir. Maya Melati, MS, MSc  
(Argonomi, Departemen Agronomi dan Hortikultura - IPB)

Dr. Yuyu Suryasari M.Sc.  
(Genetika, Pusat Penelitian Biologi - LIPI)

Dr. Iman Hidayat  
(Mikrobiologi, Pusat Penelitian Biologi - LIPI)

Dra. Djamhuriyah S. Said M.Si.  
(Limnologi, Pusat Penelitian Limnologi- LIPI)

Prof. Dr. I Made Sudiana, M.Sc.  
(Mikrobiologi, Pusat Penelitian Biologi - LIPI)

Dr. Ireng Darwati  
(Fisiologi tanaman, Balai Penelitian Rempah dan Obat - Badan Litbang Pertanian)

Ir. Yadi Suryadi, MSc.  
(Hama dan Penyakit Tanaman BB Biogen, Badan Litbang Pertanian)

Dr. Ir. Chaerani, MSc.  
(Hama dan Penyakit Tanaman, BB Biogen, Badan Litbang Pertanian)

Dr. Darkam Mussadad  
(Teknologi Pascapanen, Balai Pengkajian Teknologi Pertanian Bengkulu)

Ir. Sulusi Prabawati, MS  
(Pascapanen, Pusat Penelitian dan Pengembangan Hortikultura– Badan Litbang Pertanian)

# KARAKTERISASI KERAGAMAN GENETIK 27 GENOTIPE CABAI BERDASARKAN MARKA SSR (SIMPLE SEQUENCE REPEAT)

[Genetic Diversity Characterization of 27 Chili Pepper Genotypes Based on SSR (*Simple Sequence Repeat*) Markers]

Rerenstradika Tizar Terryana✉, Kristianto Nugroho, Habib Rijzaani dan Puji Lestari

Balai Besar Penelitian dan Pengembangan Bioteknologi dan Sumber Daya Genetik Pertanian, Jl. Tentara Pelajar 3A, Bogor 16111  
email: re2n\_terryana@ymail.com

## ABSTRACT

Chili pepper (*Capsicum annuum*) is one of the high economical horticultural commodity in Indonesia and its genetic diversity contributes to the success of breeding programs. Simple sequence repeat (SSR) markers can be used to analyze genetic diversity among chili pepper genotypes. The aim of this research was to analyze the genetic diversity of twenty-seven genotypes of chili pepper by using 24 SSR markers. The collected data was analyzed using cluster analysis and principle coordinate analysis (PCoA). The result showed that high allele variation (4–17 alleles) was observed among chili pepper genotypes tested, with an average allele number and Polymorphism Information Content (PIC) value was 7.708 and 0.758 (0.598–0.920) respectively. All of SSR markers showed PIC value >0.5 which indicated that these markers were suitable for chili pepper diversity studies with a high differentiation and with the average value of genetic diversity was 0.78. The clustering and principle coordinate analysis showed that twenty-seven genotypes of chili pepper were divided into two groups (coefficient of similarity 0.74 in cluster analysis) indicating a high genetic variability among them. Genetic diversity analysis in this study will be useful as an initial basis of selection for appropriate parents with desired traits to assist the breeding program of chili pepper in Indonesia.

**Keywords:** Chili Pepper, SSR Marker, Genetic Diversity

## ABSTRAK

Cabai merupakan salah satu komoditas hortikultura yang memiliki nilai ekonomis tinggi. Tersedianya sumber keragaman genetik merupakan syarat keberhasilan program pemuliaan tanaman. Marka SSR (Simple Sequence Repeat) dapat digunakan sebagai penanda molekuler untuk menganalisis keragaman genetik antar genotipe cabai. Tujuan dari penelitian ini ialah untuk menganalisis keragaman genetik 27 genotipe cabai menggunakan 24 marka SSR. Analisis data dilakukan dengan menggunakan analisis kluster dan analisis koordinat utama (PCoA). Hasil penelitian menunjukkan terdapat variasi alel yang cukup tinggi (4–17 alel) di antara genotipe cabai dengan rerata jumlah alel 7,708, sedangkan rerata nilai *Polymorphism Information Content* (PIC) sebesar 0,758 (0,598–0,920). Seluruh marka SSR memiliki nilai PIC >0,5 yang menunjukkan bahwa marka tersebut memiliki informasi yang tinggi untuk penelitian keragaman genetik cabai dengan rerata nilai diversitas gen sebesar 0,78. Hasil analisis kluster dan analisis koordinat utama menunjukkan bahwa 27 genotipe cabai tersebut mengelompok menjadi dua kelompok utama pada koefisien kemiripan 0,74 dari hasil analisis pengelompokan yang mengindikasikan keragaman genetik yang tinggi. Informasi keragaman genetik ini akan bermanfaat sebagai langkah awal untuk kegiatan seleksi tetua persilangan dengan sifat yang diinginkan dalam membantu program pemuliaan cabai di Indonesia.

## PENDAHULUAN

Cabai (*Capsicum annuum* L.) merupakan salah satu komoditas hortikultura unggulan yang memiliki peranan strategis dalam struktur pembangunan perekonomian nasional. Hal ini disebabkan nilai ekonomi cabai yang sangat menjanjikan dan dapat beradaptasi secara luas. Nilai ekonomi komoditas cabai tercermin dari luas areal tanam yang menempati urutan pertama di antara komoditas hortikultura lainnya. Menurut Badan Pusat Statistik (2015) produktivitas cabai di Indonesia pada tahun 2014 adalah 8,35 ton per hektar. Sebenarnya Indonesia surplus produksi cabai, akan tetapi fluktuasi produksi sepanjang tahun telah menjadi masalah utama dalam pengembangan cabai di Indonesia dan mengakibatkan lonjakan harga yang

berimbas pada inflasi. Hasil penelitian Boga (2014) menunjukkan bahwa lonjakan harga cabai berkorelasi positif dengan tingginya curah hujan yang menjadi faktor penyebab peningkatan serangan organisme pengganggu tanaman (OPT) yang pada akhirnya menyebabkan terjadinya penurunan produktivitas. Salah satu cara meningkatkan produktivitas cabai dalam upaya menuju swasembada cabai di Indonesia ialah melalui perakitan varietas unggul baru berdaya hasil tinggi serta tahan terhadap cekaman biotik dan abiotik (Deviona *et al.*, 2013; Syukur *et al.*, 2010).

Karakterisasi plasma nutfah merupakan tahap awal program perakitan varietas dalam pemuliaan (Chakravarthi dan Naravaneni, 2006). Melalui karakterisasi, sifat unggul yang dimiliki plasma

nutfah dapat diidentifikasi dengan baik sehingga untuk selanjutnya akan diperoleh varietas yang potensial untuk dikembangkan lebih lanjut (Surahman *et al.*, 2009). Selama ini karakterisasi varietas cabai di Indonesia lebih banyak didasarkan pada karakter morfologi yang membutuhkan observasi yang intensif dan seringkali sulit untuk membedakan individu dengan tingkat kekerabatan cukup dekat (Costa *et al.*, 2006). Selain itu karakter morfologi atau fenotipe merupakan hasil interaksi antara genotipe dengan lingkungannya, sehingga seringkali sulit untuk membedakan apakah suatu karakter tersebut bersifat genetik atau lebih banyak dipengaruhi oleh faktor lingkungan tumbuh (Hartati *et al.*, 2010).

Karakterisasi berdasarkan marka molekuler merupakan salah satu solusi untuk mengatasi masalah tersebut, karena dapat langsung menandai gen tertentu sehingga dapat membantu dalam seleksi sifat yang diinginkan serta memberikan hasil yang lebih presisi dan tidak dipengaruhi lingkungan (Risliawati *et al.*, 2015). Pemanfaatan teknologi berupa marka molekuler merupakan pendekatan yang lebih efisien dalam analisis keragaman genetik. Teknologi marka molekuler berbasis PCR dapat digunakan untuk menjawab pertanyaan yang berhubungan dengan keragaman genetik, klasifikasi, dan filogeni yang berhubungan dengan pengelolaan plasma nutfah, serta menjadi alat bantu dalam pemuliaan dan seleksi berbasis penanda gen (Pabendon *et al.*, 2011).

Salah satu teknologi marka molekuler yang dapat dikembangkan dan diaplikasikan dalam karakterisasi tanaman adalah marka SSR (*Simple Sequence Repeat*). SSR merupakan sekuen pendek (2 – 4 nukleotida) berulang yang keberadaannya melimpah dalam genom organisme eukariotik (Ting *et al.*, 2010), bersifat kodominan (Chiang *et al.*, 2012; Surapaneni *et al.*, 2013), serta mudah dalam aplikasinya (Prasetyono dan Tasliah, 2004). Di luar negeri, marka SSR telah banyak digunakan untuk mengidentifikasi keragaman genetik plasma nutfah cabai (Kwon *et al.*, 2005; Hanáček *et al.*, 2009; Nicholai *et al.*, 2013; Dhaliwal *et al.*, 2014; Carvalho *et al.*, 2015; Jiaowen *et al.*, 2016; Wu *et al.*, 2016; Pachecolvera *et al.*, 2012). Penelitian mengenai analisis keragaman genetik cabai telah dilakukan

sebelumnya di Indonesia oleh Rosyadi (2007), tetapi marka yang digunakan masih terbatas hanya pada marka morfologi dan biokimia serta genotipe yang digunakan merupakan genotipe koleksi IPB.

Penelitian ini bertujuan untuk menganalisis keragaman genetik 27 genotipe cabai menggunakan marka SSR. Informasi keragaman genetik yang diperoleh dalam penelitian ini dapat dimanfaatkan sebagai informasi awal dalam kegiatan pemuliaan tanaman cabai di Indonesia.

## **BAHAN DAN CARA KERJA**

### **Sampel**

Sampel yang digunakan dalam kegiatan penelitian ini terdiri atas 27 genotipe plasma nutfah cabai besar (Tanjung 1, Tanjung 2, Lembang 1, Lingga, Ciko, Kencana, 0207, T5, T6, T8, T9, T10, YK-TK 1, YK-TK 2, YK-TK 3, YK-TK 4, YK-TK 5, YK-TK 6, YK-TK 7, NG-1, NG-2, NG-3, NG-4, NG-5, NG-6, NG-7, dan NG-8) koleksi Balai Penelitian Tanaman Sayuran (Balitsa), Lembang, Jawa Barat. Terdapat 24 marka SSR yang digunakan dalam penelitian ini yang didesain berbasis genom cabai hasil resikuen genom total enam genotipe cabai (Tanjung-2, Perisai, Lembang-1, 6719, 6741 dan 7588) (Tabel 1).

### **Ekstraksi, uji kualitas dan kuantitas DNA**

DNA diekstraksi dari daun muda dengan prosedur ekstraksi DNA menggunakan buffer CTAB (*Cetyl Trimethyl Ammonium Bromide*) dengan mengacu pada metode Doyle and Doyle (1990) yang dimodifikasi dengan penambahan 2% (w/v) PVP (*Polyvinylpyrrolidone*). Selanjutnya dilakukan uji kuantitatif dan kualitatif larutan stok DNA untuk mengetahui konsentrasi DNA beserta tingkat kemurniannya. Uji kuantitatif larutan stok DNA dilakukan dengan menggunakan alat nanodrop spektrofotometer (ThermoScientific™, USA). Uji kualitatif larutan stok DNA cabai dilakukan dengan teknik elektroforesis pada gel agarosa dengan konsentrasi 1% pada tangki berisi buffer 1x TAE (*Tris-Acetate-EDTA*) dengan tegangan alat 90 volt selama 30 menit. Hasil elektroforesis kemudian diamati di bawah sinar UV di dalam *UV Transilluminator* (UVP, UK).

**Tabel 1.** Daftar primer SSR beserta sekuennya yang digunakan dalam penelitian. (*List of SSR primers sequences used in this research*)

Lokus (Locus)	Sekuen primer SSR (SSR primers sequences)	
	Forward	Reverse
CaSSRBio 1.1	CAGAAATTGTAGTCATTTGC	TGCTTTCCGTGTATCATTACT
CaSSRBio 1.2	CAAGACGCGTGAATATTTAGT	CTTTGATGCAATTTT TGTGA
CaSSRBio 2.1	GGCATGGTACTGTATTGAAAC	CAAATAAAAAGTTTACCGCTCA
CaSSRBio 2.2	GTGAATAAAAAGATCTGCTCCA	ATTTCAATGTCCCTCAACTTT
CaSSRBio 3.1	CCATCAGATGATTTCTTTGAA	GAAGAAGGTCTGCTATCAACA
CaSSRBio 3.2	AGCAAGCTTAAAAGTGTGTTG	GAATAGCATTAATGGCCAAAT
CaSSRBio 4.1	TCTGAAGAGTCTGAGCAACAT	CCACTGAAATGAAGACAAAGA
CaSSRBio 4.2	ACCCACTCATCAGATTTTAC	TTGAGCTAGCTTTGCTAGAGA
CaSSRBio 5.1	GGGTTTGAGGAAAGAGTAAAA	GATGGATCTAGACGTGTTCAA
CaSSRBio 5.2	TTAGAGTCATGGGACCAGTAA	GTCTATCGGAAACAACCTCTC
CaSSRBio 6.1	ACGAACAAGAAAAACACGATA	CATTATACTCGCCTGTCACTT
CaSSRBio 6.2	TGGGTACTGCAGCTATAAAGA	TGGGTGAAATACAATGG
CaSSRBio 7.1	TGCTCTTCTCTACACAGCACT	AAGCCAATAACAGAACTCTCC
CaSSRBio 7.2	CCTTCTCCAAAATAATA	CAATGAGAAATCGACAAACTC
CaSSRBio 8.1	AGTAGGAAAACAACAGCCATC	GGGTTTCAGTCTCTCTCTCTC
CaSSRBio 8.2	ACCTTAAAATCTCTCGCTCTG	GAAGAAAGAAGCTGAACCTGT
CaSSRBio 9.1	TCAGATTCCTCTTTTCTTCCT	AACACAAACACATTTTCCCTA
CaSSRBio 9.2	AATCATTTCTCCTTCAAGTCC	ATTAGCCATGAGATTTTCTCTC
CaSSRBio 10.1	TGAGAGGTTGAAGAGAATTGA	CTTCTTCTCCTTTTTCGTCTT
CaSSRBio 10.2	CTAGCTTTTGGTGTGCGAGTTA	GTCACCTCTAGCAAACAAGTG
CaSSRBio 11.1	GGATGTAGATGTGGACAAGAA	CATAAGTAGCAGAGAGCAAGC
CaSSRBio 11.2	TCCATTTATCTGGGAGTATGA	CAATTTCTAAGCAGGAAATCA
CaSSRBio 12.1	ATAGGGACTGGTATTGTCGTC	GCCTCACACATAACAAATCTC
CaSSRBio 12.2	ATAGGGACTGGTATTGTCGTC	GCCTCACACATAACAAATCTC

\*Primer SSR dapat diakses di <http://genom.litbang.pertanian.go.id>

### Analisis PCR dan elektroforesis

Analisis PCR sampel DNA cabai dilakukan dengan menggunakan 24 primer SSR (Tabel 1). DNA setiap sampel di amplifikasi dalam total reaksi 10 µl yang mengandung 10 ng DNA *template* 1 µl; Kapa2G Fast ReadyMix (Kapa Biosystems, USA) 5 µl; primer *Forward* dan *Reverse* dengan konsentrasi 10 µM, dan ddH<sub>2</sub>O steril. Reaksi PCR dilakukan dalam mesin PCR *TI Thermocycler* (Biometra, Germany) dengan profil PCR sebagai berikut: denaturasi awal dilakukan pada suhu 95 °C selama 3 menit, diikuti oleh sebanyak 35 siklus proses denaturasi pada suhu 95 °C selama 15 detik, tahap penempelan primer pada suhu 52 °C selama 15 detik, dan tahap perpanjangan basa pada suhu 72 °C selama 15 detik. Reaksi PCR diakhiri dengan siklus tahap akhir perpanjangan basa pada suhu 72 °C selama

1 menit. Hasil PCR kemudian dielektroforesis pada gel poliakrilamid 8% untuk analisis lebih lanjut.

### Analisis data

Analisis data dilakukan berdasarkan skoring terhadap pita DNA yang muncul pada hasil elektroforesis pada gel poliakrilamida 8%. Pita-pita yang terlihat pada gel dianggap sebagai satu alel. Pita-pita DNA yang memiliki laju migrasi yang sama diasumsikan sebagai lokus yang homolog atau sama. Pada laju migrasi yang sama, setiap pita yang tampak diberi skor 1 sedangkan pita yang tidak tampak diberi skor 0 sehingga hasil dari skoring pita berupa data biner. Untuk mempermudah penentuan posisi pita, kegiatan skoring dibantu dengan perangkat lunak *Gel Analyzer*. Data hasil skoring selanjutnya dianalisis dengan menggunakan program *Sequential*

*Agglomerative Hierarchical and Nested* (SAHN)-UPGMA (*Unweighted Pair-Group Method with Arithmetic*) pada perangkat lunak NTSYS versi 2.1. (Rohlf, 2000). Hasil analisis disajikan dalam bentuk dendrogram. Selanjutnya data hasil skoring juga dianalisis menggunakan perangkat lunak PowerMarker 3.25 (Liu dan Muse, 2005) untuk mengetahui nilai jumlah alel dominan dan PIC (*Polymorphic Information Content*) yang dihasilkan oleh marka SSR yang digunakan pada penelitian ini. Data hasil skoring juga dianalisis dengan menggunakan perangkat lunak XLSTAT untuk analisis koordinat utama (*Principal Coordinate Analysis*, PCoA). Analisis PCoA menggambarkan posisi relatif masing-masing individu. Data kodominan dihitung untuk mendapatkan nilai jarak genetik antar individu. Menurut Chae dan Warde (1995), PCoA mampu memberikan hasil yang lebih baik dibandingkan dengan *Principal Component Analysis* (PCA) ketika terdapat data hilang.

## HASIL

### Profil marka SSR

Ringkasan profil 24 marka SSR yang digunakan dalam penelitian ini ditampilkan pada Tabel 2 Berdasarkan hasil analisis, 24 marka SSR tersebut mampu memperlihatkan polimorfisme pada 27 genotipe cabai yang diuji. Hasil Amplifikasi DNA memperoleh pita DNA berukuran 200–500 pasang basa (bp) (Gambar 1). Pita DNA dengan ukuran diatas 500 bp tidak diikuti dalam analisis selanjutnya karena bukan merupakan ukuran ampikon target dari marka tersebut. Cabai termasuk ke dalam tanaman diploid ( $2n=24$ ), sehingga pita yang hasil amplifikasi DNA menggunakan marka SSR yang dihasilkan pada setiap genotipe pada umumnya berjumlah satu atau dua pita (Wang and Bosland, 2006). Hasil tersebut relevan dengan hasil penelitian Dhaliwal *et al.* (2014) yang menghasilkan satu sampai dua pita pada 64 aksesi cabai asal India saat dianalisis dengan menggunakan 50 marka SSR.

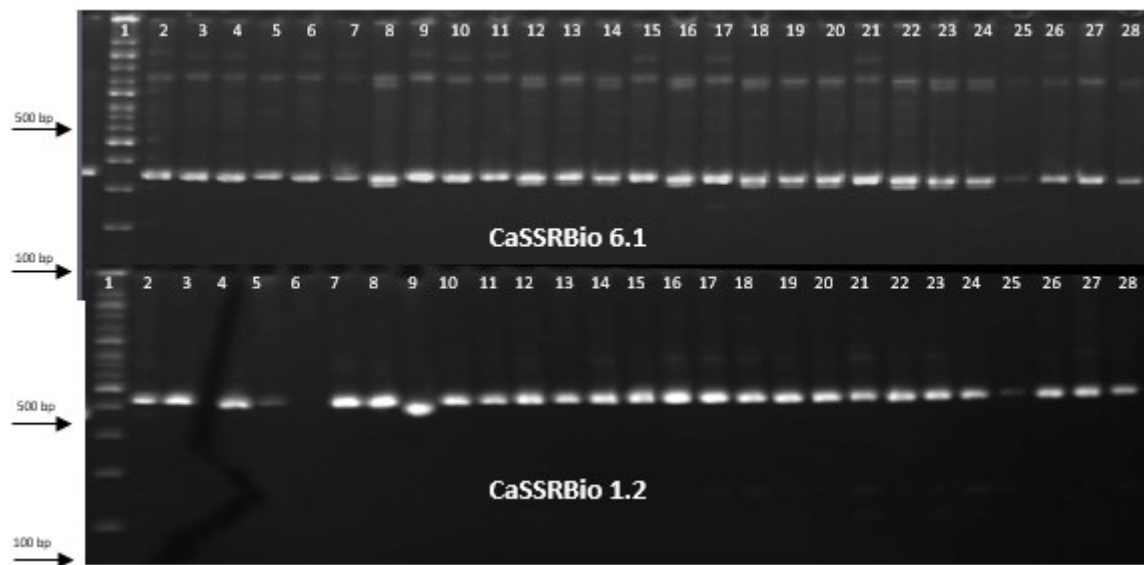
Sebanyak 179 alel terdeteksi oleh 24 marka SSR yang digunakan. Rerata jumlah alel dari marka SSR hasil amplifikasi sebanyak 7 alel per marka dengan kisaran antara 4–17 alel per lokus. Jumlah alel yang terdeteksi pada penelitian ini masih lebih rendah dibandingkan dengan penelitian Nicholai *et*

*al.* (2013) yang berhasil mendeteksi 510 alel berdasarkan 28 marka SSR yang digunakan, dan penelitian Dias *et al.* (2013) yang berhasil mendeteksi 331 alel berdasarkan 41 marka SSR; Hal ini dikarenakan jumlah genotipe dan marka SSR yang digunakan dalam penelitian ini lebih sedikit. Namun demikian jumlah alel yang terdeteksi dalam penelitian ini masih lebih tinggi jika dibandingkan dengan hasil penelitian Carvalho *et al.* (2015) yang mendeteksi 55 alel berdasarkan 19 marka SSR yang digunakan dan Ahmed (2013) yang mendeteksi 87 alel berdasarkan 10 marka SSR. Jumlah alel yang dihasilkan mencerminkan pola pita amplifikasi yang dihasilkan oleh setiap genotipe cabai tersebut. Perbedaan jumlah alel yang diperoleh diduga pula berkaitan dengan tingkat resolusi separasi DNA yang digunakan. Pada penelitian analisis keragaman genetik cabai sebelumnya yang menggunakan marka SSR dengan metode separasi menggunakan gel agarose, jumlah alel yang dihasilkan tidak lebih dari lima alel (Dhaliwal, 2014).

Rerata frekuensi alel utama yang diperoleh sebesar 32% dengan nilai terendah sebesar 12% pada marka CaSSRBio2.1 serta nilai tertinggi 62% pada marka CaSSRBio1.1. Sementara Oh *et al.* (2012) memperoleh kisaran frekuensi alel utama yang lebih besar yaitu antara 41–96%. Sebanyak tujuh marka SSR mampu mendiskriminasi alel heterozigot dalam 27 genotipe cabai dengan nilai heterozigositas berkisar antara 0,222 (CaSSRBio1.1) hingga 1.000 (CaSSRBio4.1 dan CaSSRBio9.1). Nilai diversitas gen menunjukkan tingkat keragaman genetik dalam suatu populasi berkisar dari 0,556 (CaSSRBio1.1) hingga 0,925 (CaSSRBio2.1) dengan rerata 0,785. Nilai diversitas gen hasil penelitian Nicolai *et al.* (2013) berada pada kisaran yang lebih besar dibandingkan dengan hasil penelitian ini yaitu sebesar 0,204 hingga 0,889, dan hasil penelitian Oh *et al.* (2012) dengan kisaran nilai diversitas gen sebesar 0,00 hingga 0,951. Namun kisaran nilai diversitas hasil penelitian ini lebih tinggi dibandingkan dengan hasil penelitian Moses and Umaharan (2012) dengan kisaran nilai diversitas gen sebesar 0,227 hingga 0,423.

Nilai PIC didefinisikan sebagai suatu nilai yang mencerminkan tingkat polimorfisme suatu marka yang digunakan. Kriteria nilai PIC menurut Botstein





**Gambar 1.** Pola pita hasil elektroforesis dengan menggunakan marka CaSSRBio 6.1 dan CaSSRBio 1.2 yang dipisahkan menggunakan gel Akrilamid 8%. 1: 100 bp DNA ladder, 2: Tanjung 1, 3: Tanjung 2, 4: Lembang 1, 5: Lingga, 6: Ciko, 7: Kencana, 8: 0207, 9: T5, 10: T6, 11: T8, 12: T9, 13: T10, 14: YK-TK 1, 15: YK-TK 2, 16: YK-TK 3, 17: YK-TK 4, 18: YK-TK 5, 19: YK-TK 6, 20: YK-TK 7, 21: NG 1, 22: NG 2, 23: NG 3, 24: NG 4, 25: NG 5, 26: NG 6, 27: NG 7, 28: NG 8. (Band pattern results of electrophoresis using CaSSRBio 6.1 and CaSSRBio 7.2 separated by 8% acrylamide gel. 1: 100 bp DNA ladder, 2: Tanjung 1, 3: Tanjung 2, 4: Lembang 1, 5: Lingga, 6: Ciko, 7: Kencana, 8: 0207, 9: T5, 10: T6, 11: T8, 12: T9, 13: T10, 14: YK-TK 1, 15: YK-TK 2, 16: YK-TK 3, 17: YK-TK 4, 18: YK-TK 5, 19: YK-TK 6, 20: YK-TK 7, 21: NG 1, 22: NG 2, 23: NG 3, 24: NG 4, 25: NG 5, 26: NG 6, 27: NG 7, 28: NG 8)

*et al.* (1980) yaitu sangat informatif ( $PIC > 0,5$ ), sedang ( $0,5 > PIC > 0,25$ ) dan kurang informatif ( $PIC < 0,25$ ). Hildebrand *et al.* (1992), memberi batasan kriteria yang berbeda yaitu sangat informatif untuk  $PIC > 0,7$  dan sedang pada kisaran  $PIC 0,44-0,7$ . Nilai  $PIC$  pada penelitian ini berkisar antara 0,598 (CaSSRBio3.1) hingga 0,920 (CaSSRBio2.1) dengan rerata sebesar 0,758. Kisaran nilai  $PIC$  pada penelitian ini lebih tinggi dibandingkan hasil penelitian Oh *et al.* (2012) dengan kisaran 0,061-0,63; Tilahun *et al.* (2013) dengan kisaran 0,00-0,75; dan Chamikara *et al.* (2015) dengan kisaran 0,65-0,88, namun lebih rendah dari hasil penelitian Wu *et al.* (2016) dengan kisaran nilai  $PIC 0,91-0,96$ ; dan Aguilar *et al.* (2016) dengan kisaran 0,14-1,00. Seluruh marka SSR yang digunakan dalam penelitian ini memiliki nilai  $PIC > 0,5$ , sehingga berdasarkan kriteria Botstein *et al.* (1980) keseluruhan marka SSR

tersebut dikategorikan sebagai marka sangat informatif yang bermanfaat untuk karakterisasi genotipe-genotipe cabai kedepannya (Tabel 2).

#### Analisis Koordinat Utama dan Analisis Kluster

Analisis koordinat utama (PCoA) sangat berguna untuk menganalisis keragaman genetik antar genotipe tanaman (Shankar *et al.* 2009). Persentase koordinat utama pertama dan kedua dalam diagram dua dimensi menunjukkan bahwa koordinat utama pertama dan kedua telah menjelaskan total keragaman genetik berdasarkan marka SSR masing-masing sebesar 36,11% dan 18,15%, sehingga kedua komponen tersebut telah menjelaskan keragaman genetik seluruh genotipe cabai yang digunakan dalam penelitian sebesar 54,26% (Gambar 2).

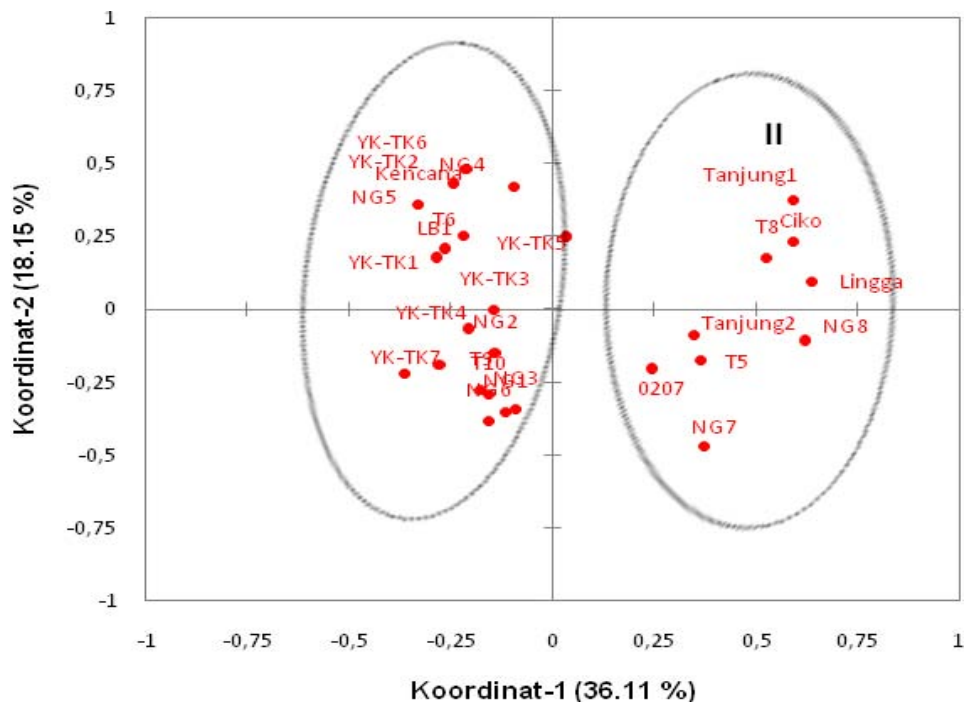
Secara umum berdasarkan hasil analisis koordinat utama yang berasal dari jarak genetik

**Tabel 2.** Karakterisasi 24 marka SSR berdasarkan 27 genotipe cabai (*Characterization of 24 SSR markers based on 27 genotypes of chili pepper*)

Marka SSR (SSR Markers)	Jumlah alel per lokus (Alleles per locus)	Frekuensi alel utama (Major allele frequency)	Diversitas Gen (Gene diversity)	Heterozigositas (Heterozygosity)	PIC (PIC)
CaSSRBio 1.1	4	0,629	0,556	0,222	0,607
CaSSRBio 1.2	6	0,370	0,759	0,000	0,724
CaSSRBio 2.1	17	0,129	0,925	0,555	0,920
CaSSRBio 2.2	8	0,407	0,770	0,000	0,746
CaSSRBio 3.1	4	0,518	0,647	0,000	0,598
CaSSRBio 3.2	8	0,259	0,834	0,000	0,813
CaSSRBio 4.1	10	0,185	0,864	1,000	0,850
CaSSRBio 4.2	6	0,333	0,740	0,000	0,698
CaSSRBio 5.1	7	0,222	0,825	0,000	0,802
CaSSRBio 5.2	8	0,185	0,856	0,000	0,838
CaSSRBio 6.1	6	0,370	0,749	0,000	0,710
CaSSRBio 6.2	7	0,259	0,806	0,000	0,779
CaSSRBio 7.1	9	0,444	0,757	0,000	0,737
CaSSRBio 7.2	8	0,407	0,765	0,000	0,739
CaSSRBio 8.1	6	0,296	0,792	0,000	0,761
CaSSRBio 8.2	8	0,407	0,759	0,000	0,732
CaSSRBio 9.1	10	0,185	0,862	1,000	0,847
CaSSRBio 9.2	6	0,370	0,738	0,000	0,695
CaSSRBio 10.1	6	0,314	0,762	0,111	0,724
CaSSRBio 10.2	12	0,259	0,869	0,555	0,858
CaSSRBio 11.1	8	0,222	0,839	0,000	0,819
CaSSRBio 11.2	9	0,277	0,818	0,296	0,796
CaSSRBio 12.1	6	0,407	0,735	0,000	0,697
CaSSRBio 12.2	6	0,222	0,820	0,000	0,794
Jumlah (Total)	185				
Rerata (Average)	7,708	0,320	0,785	0,155	0,758

dan dihitung dari data biner yang disajikan pada Gambar 2, seluruh genotipe cabai yang digunakan pada penelitian ini cenderung menyebar dan overlap ke dalam empat kuadran dan mengelompok menjadi dua kelompok besar. Kelompok pertama terdiri atas 18 genotipe dan kelompok kedua terdiri atas 9 genotipe. Genotipe dengan nama YK-TK terlihat mengelompok pada kelompok yang sama, begitu pula dengan genotipe Tanjung. Sedangkan genotipe NG tampak sebagian besar berada pada kelompok pertama, kecuali NG-7 dan NG-8 yang berada pada kelompok kedua. Genotipe-genotipe cabai yang terletak pada satu titik koordinat yang berdekatan menunjukkan tingkat keragaman genetik yang rendah.

Analisis kluster dilakukan untuk mengidentifikasi jarak genetik antar genotipe (Utami *et al.*, 2011). Analisis kluster terhadap 27 genotipe cabai berdasarkan marka SSR dilakukan berdasarkan hasil observasi terhadap seluruh frekuensi alel yang muncul dan hasil dendrogram pada *Sequential Agglomerative Hierarchical and Nested (SAHN)-UPGMA (Unweighted Pair-Group Method with Arithmetic)*. Pada tingkat kesamaan 74% terbentuk dua kelompok utama, kelompok pertama terdiri atas 10 genotipe (Tanjung 1, Tanjung 2, LB 1, Lingga, Ciko, NG-7, NG-8, T5, T6, dan 0207) dan kelompok kedua terdiri atas 17 genotipe (Kencana, NG-1, NG-2, NG-3, NG-4, NG-5, NG-6, T8, T9, T10, YK-TK 1, YK-TK 2, YK-



**Gambar 2.** Analisis koordinat utama (PCoA) pada 27 genotipe cabai berdasarkan marka SSR (*Principal Coordinate Analysis on 27 genotypes of chili pepper based on SSR markers*)

TK 3, YK-TK 4, YK-TK 5, YK-TK 6, dan YK-TK 7) (Gambar 3).

Berdasarkan hasil analisis kesamaan genetik yang disajikan pada Tabel 3, terlihat bahwa genotipe cabai Lingga dan Ciko memiliki tingkat kemiripan paling tinggi dengan nilai kesamaan genetik sebesar 88%. Kedua genotipe tersebut diketahui memiliki sifat ketahanan yang sama terhadap cekaman genangan dan kekeringan. Kedua genotipe tersebut memiliki potensi untuk dikembangkan di Indonesia karena memiliki nilai kesamaan genetik yang tinggi. Sementara genotipe yang memiliki jarak kekerabatan paling jauh yaitu genotipe cabai Tanjung 2 dengan T9 serta genotipe Tanjung 2 dengan YK-TK 5 dengan nilai kesamaan genetik sebesar 70%.

**PEMBAHASAN**

Informasi keragaman genetik diantara genotipe-genotipe plasma nutfah sangat bermanfaat untuk proteksi dan konservasi plasma nutfah serta sebagai dasar dalam kegiatan perakitan varietas (Yuzbabyoglu *et al.*, 2006; Tilahun *et al.*, 2013). Sebanyak 24 marka SSR pada penelitian ini

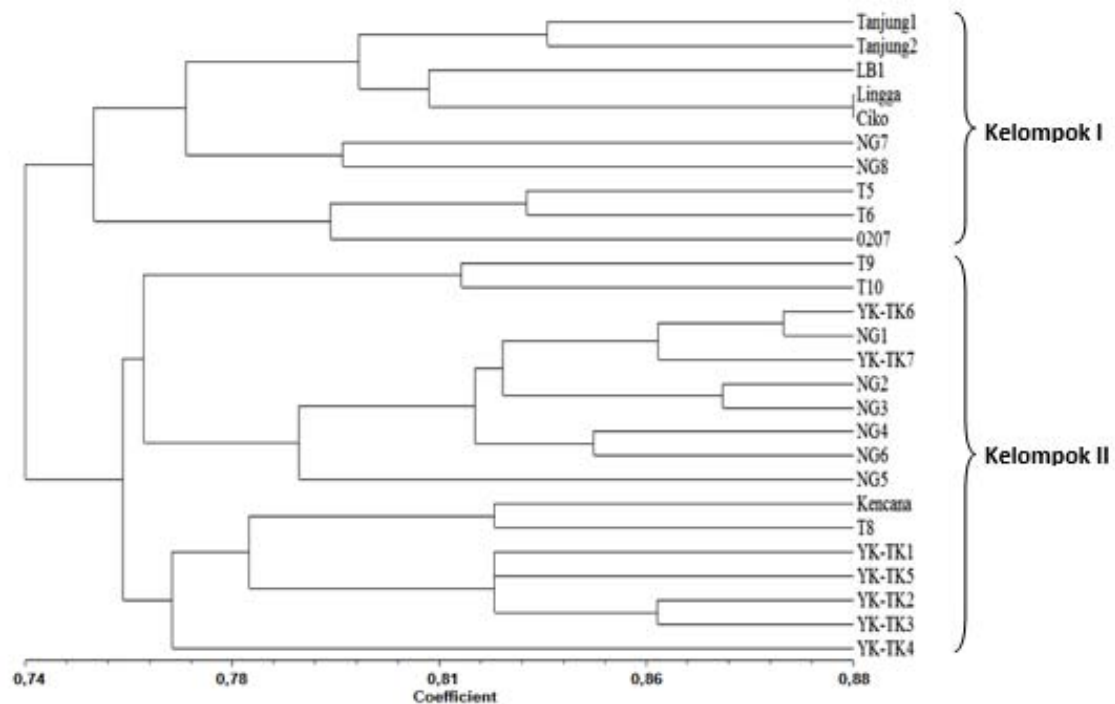
digunakan sebagai marka molekuler untuk mengkarakterisasi dan analisis keragaman genetik 27 genotipe cabai. Nilai PIC yang menggambarkan diversitas dan frekuensi alel antara 27 genotipe cabai menunjukkan adanya variasi antar lokus. Terdapat kecenderungan semakin tinggi nilai PIC maka akan semakin banyak alel yang terdeteksi, yang menunjukkan relevansi dengan hasil penelitian Yu *et al.* (2003). Tingginya nilai rerata PIC merupakan petunjuk tingginya keragaman genetik plasma nutfah yang diuji. Dari 24 marka SSR yang digunakan, seluruh marka menghasilkan nilai PIC lebih besar dari 0,5 dengan kisaran antara 0,598 hingga 0,920 sehingga berdasarkan kriteria Botstein *et al.* (1980), keseluruhan marka SSR tersebut bersifat sangat informatif karena menghasilkan tingkat variasi alel yang tinggi. Keseluruhan marka SSR tersebut selanjutnya dapat bermanfaat untuk digunakan lebih lanjut dalam membedakan genotipe-genotipe cabai besar kedepannya.

Hasil analisis kluster berdasarkan marka SSR menunjukkan pengelompokan 27 genotipe cabai menjadi dua kelompok utama. Jarak genetik

**Tabel 3.** Matriks persentase kesamaan genetik 27 genotipe cabai (*Percentage matrix of genetic similarity of 27 chili pepper genotypes*)

Akresi	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15	16	17	18	19	20	21	22	23	24	25	26
2	83																									
3	80	81																								
4	81	81	81																							
5	79	78	81	88																						
6	77	73	77	77	75																					
7	73	75	72	77	80	74																				
8	75	73	76	75	77	82	83																			
9	77	75	80	78	80	78	81	78																		
10	77	72	75	73	75	82	75	79	75																	
11	74	70	74	71	73	75	73	74	76	77																
12	74	73	72	73	73	73	74	78	75	78	82															
13	72	71	71	71	73	78	75	76	76	81	75	78														
14	72	71	71	71	71	76	74	75	76	80	77	80	83													
15	71	71	71	71	71	75	74	74	72	82	75	80	81	85												
16	75	75	73	77	73	74	72	72	76	78	72	73	76	80	77											
17	72	70	71	73	73	77	75	72	75	77	74	78	82	82	83	76										
18	75	75	75	73	74	74	79	79	74	78	74	80	76	80	80	75	84									
19	73	75	73	76	75	71	77	78	77	79	73	82	77	75	81	75	79	86								
20	77	74	73	75	72	76	73	74	75	79	72	76	70	78	76	78	81	87	84							
21	75	72	75	74	75	74	75	76	75	78	74	80	75	75	78	73	84	86	86	83						
22	78	77	77	78	78	72	77	76	75	77	76	81	76	76	77	77	78	80	82	79	86					
23	76	76	75	72	74	71	75	74	76	75	78	80	76	76	76	75	75	85	83	81	84	83				
24	79	77	72	75	75	72	75	75	73	75	73	76	72	73	79	76	74	80	79	78	79	81	81			
25	74	75	72	72	74	72	75	76	70	75	71	77	73	75	74	71	76	83	81	81	80	79	84	78		
26	78	77	79	79	77	72	74	75	79	75	75	74	74	73	75	73	73	76	79	77	78	82	75	77	76	
27	82	72	73	77	77	75	70	76	76	75	75	71	73	71	71	75	74	76	77	79	77	76	74	75	75	80

Keterangan: 1: Tanjung-1; 2: Tanjung-2; 3: Lembang1; 4: Lingga; 5: Ciko; 6: Kencana; 7: T5; 8: T6; 9: 0207; 10: T8; 11:T9;12: T10; 13: YK-TK1; 14: YK-TK2; 15: YK-TK3; 16: YK-TK4; 17: YK-TK5; 18: YK-TK6; 19: YK-TK7; 20: NG-1; 21: NG-2;22: NG-3; 23: NG-4; 24: NG-5; 25: NG-6; 26: NG-7; 27: NG-8



**Gambar 3.** Diagram UPGMA 27 genotipe cabai berdasarkan marka SSR (*UPGMA dendrogram of 27 chili pepper genotypes based on SSR markers*)

diantara dua kelompok utama tersebut menggambarkan tingkat kekerabatan yang jauh diantara kedua kelompok genotipe cabai, sedangkan secara genetik genotipe yang berada dalam kelompok yang sama lebih dekat jarak kekerabatannya. Hal tersebut selaras dengan kajian Mustofa *et al.* (2013) yang menyimpulkan bahwa semakin tinggi nilai indeks kesamaan, maka akan semakin dekat tingkat hubungan kekerabatannya. Berdasarkan hasil analisis kluster, seluruh genotipe YK-TK berada pada kelompok kedua sementara pada genotipe NG, sebagian besar masuk kedalam kelompok kedua kecuali genotipe NG-7 dan NG-8. Hal tersebut menunjukkan bahwa marka SSR yang digunakan dalam penelitian ini mampu membedakan genotipe yang memiliki nama yang sama namun memiliki nomor kode genotipe yang berbeda.

Matriks hasil analisis kesamaan genetik menunjukkan adanya hubungan kekerabatan paling dekat antara genotipe Lingga dengan Ciko.

Genotipe Lingga dan Ciko merupakan varietas unggul baru (VUB) cabai yang dilepas oleh Balai Penelitian Tanaman Sayuran dengan potensi hasil diatas 10 t/ha (Basuki *et al.*, 2014). Kedua genotipe cabai besar tersebut sama-sama memiliki keunggulan produksi tinggi serta mampu beradaptasi dengan baik di dataran medium dengan ketinggian 510-550 m dpl pada musim kemarau basah (Balitbangtan, 2011), sehingga kedua genotipe tersebut sangat berpotensi untuk dapat dikembangkan di Indonesia. Sementara cabai genotipe Tanjung 2 sangat jauh hubungan kekerabatannya dengan genotipe T9 dan YK-TK 5, sehingga ketiga genotipe tersebut sangat potensial untuk dijadikan calon tetua persilangan. Persilangan antar calon tetua persilangan yang berjauhan jarak genetiknya akan memaksimalkan kesempatan dalam memperoleh segregan transgresif diantara progeni persilangan (Narvel *et al.*, 2000; Rubiyo, 2013). Efek *inbreeding depression* juga dapat di minimalisir jika

hubungan kekerabatan antar tetua persilangan cukup jauh. Hubungan kekerabatan yang cukup jauh antar tetua persilangan selain itu juga dapat menghasilkan keragaman genetik tinggi pada keturunannya.

Genotipe Tanjung 2 merupakan VUB cabai besar yang telah dilepas oleh Balai Penelitian Tanaman Sayuran dengan potensi hasil cukup tinggi yaitu 6-19,9 t/ha, agak peka terhadap hama penghisap daun (thrips) serta agak toleran terhadap penyakit antraknosa. Sedangkan genotipe T9 dan YK-TK merupakan galur atau calon varietas yang saat ini sedang diuji dan dikembangkan oleh Balai Penelitian Tanaman Sayuran. Kedua calon varietas tersebut diharapkan memiliki keunggulan tingkat ketahanan terhadap cekaman biotik maupun abiotik yang lebih baik dibandingkan varietas yang beredar saat ini serta memiliki produktivitas tinggi.

Analisis koordinat utama (*Principle Coordinate Analysis*, PCoA) sangat berguna untuk menganalisis keragaman genetik antar genotipe tanaman (Shankar *et al.* 2009). Analisis PCoA merupakan analisis yang digunakan untuk mengetahui kedekatan individu berdasarkan kemiripan karakter melalui penyederhanaan dimensi (Shankar *et al.*, 2009; Kristamini *et al.*, 2014). Analisis PCoA untuk mempelajari tingkat keragaman genetik cabai berdasarkan marka SSR telah dilakukan pula sebelumnya oleh Oh *et al.* (2012) dan Ved *et al.* (2013). Terdapat kesesuaian hasil analisis PCoA dengan hasil analisis kluster, dimana 27 genotipe cabai yang digunakan dalam penelitian mengelompok menjadi dua kelompok besar. Genotipe dengan nama yang sama yaitu YK-TK terlihat mengelompok pada kelompok yang sama, begitu pula dengan genotipe Tanjung. Sedangkan genotipe NG tampak menyebar ke dalam 2 kelompok yang berbeda. Posisi koordinat dari 27 genotipe cabai yang dianalisis pada ruang dua dimensi hasil analisis PCoA telah memberikan peluang memperketat kegiatan seleksi tanaman, dimana genotipe dengan koordinat yang berdekatan posisinya dihindari untuk dijadikan tetua persilangan agar diperoleh hasil segregasi yang prospektif dalam lingkungan tertentu (Rahman *et al.*, 2011; Salimi *et al.*, 2012; Kumar *et al.*, 2015).

Hasil analisis kluster dan PCoA berdasarkan marka SSR mengindikasikan adanya keragaman yang cukup tinggi dan derajat kesamaan genetik antar 27 genotipe cabai yang digunakan dalam penelitian. Hasil analisis kluster dan PCoA pada penelitian ini memberikan petunjuk bahwa keragaman genetik yang besar pada 27 genotipe cabai penting sebagai informasi awal untuk dapat digunakan sebagai materi genetik tetua persilangan dalam pemuliaan tanaman, karena keragaman yang besar merupakan kunci sukses dalam pemuliaan tanaman.

## KESIMPULAN

Seluruh marka SSR yang digunakan dalam penelitian terbukti cukup informatif dan mampu menganalisis keragaman genetik 27 genotipe cabai dengan tingkat polimorfisme cukup tinggi, sehingga berpotensi dikembangkan selanjutnya sebagai Marker Assisted Selection (MAS) genotipe cabai. Seluruh marka SSR yang digunakan dapat membagi 27 genotipe cabai menjadi dua kelompok utama pada tingkat kemiripan genetik 74%. Informasi keragaman genetik 27 genotipe cabai berdasarkan marka SSR tersebut dapat menjadi dasar awal dalam pemilihan tetua persilangan cabai.

## UCAPAN TERIMA KASIH

Penelitian ini didanai oleh anggaran APBN Balai Besar Penelitian dan Pengembangan Bioteknologi dan Sumber Daya Genetik Pertanian (BB Biogen), Badan Litbang Pertanian Tahun Anggaran 2015. Penulis juga mengucapkan terima kasih kepada Rinda Kirana, SP., MP. atas bantuan penyediaan materi genetik dan Meddy Saputra atas bantuannya selama penelitian.

## DAFTAR PUSTAKA

- Aguilar, R.T., Higinio, L.S., Amalio, S.V., Ernestina, V.M., Pedro, A.L., Victor, H.A.R., Victor, A.G.H. and Humberto, V.H., 2016. Characterization of genetic diversity of native 'Ancho' chili populations of Mexico using microsatellite markers. *Chilean Journal of Agricultural Research*. 76(1), pp. 0718–5839.
- Ahmed, S. M., 2013. Inter-simple sequence repeat (ISSR) markers in the evaluation of genetic polymorphism of Egyptian *Capsicum L.* hybrids. *African Journal of Biotechnology*, 12(7), pp. 665–669.
- [BPS] Badan Pusat Statistik, 2015. Produksi Cabai Besar, Cabai Rawit, dan Bawang Merah Tahun 2014. <http://www.bps.go.id> (accessed 23 Maret 2017).

- Balitbangtan, 2011. *Lima Tahun Penelitian dan Pengembangan Pertanian*. Unit Kerja Lingkup Badan Litbang Pertanian. Jakarta.
- Basuki, R.S., Arshanti, I.W., Zamzami, L., Khaririyatun, N., Kusandriani, Y. dan Luthfy, 2014. Studi adopsi cabai merah varietas Tanjung-2 hasil penelitian Balai Penelitian Tanaman Sayuran di kabupaten Ciamis provinsi Jawa Barat. *Jurnal Hortikultura*, 24(4), pp. 355–362.
- Boga, A.K., 2014. *Chili Value Chain Assessment in West Java*. AVRDC Report.
- Botstein, D., White, R.L., Skolnick, M. and Davis, R.W., 1980. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphism. *American Journal of Human Genetics*, 32, pp. 314–331.
- Carvalho, S.I.C., Ragassi, C.F., Oliveira, L.B., Amaral, Z.P.S., Reifschneider, F.J.B., Faleiro, F.G. and Buso, G.S.C., 2015. Transferability of microsatellite markers of *Capsicum annuum* L. to *C. frutescens* L. and *C. chinensis* Jacq. *Genetics and Molecular Research*, 14(3), pp. 7937–7946.
- Chae, S.S. and Warde, W.D., 2005. Effect of using principal coordinate and principal components on retrieval of clusters. *Comput. Stat. Data. An.*, 50, pp. 1407–1417.
- Chakravarthi, B.K. and Naravaneni, R., 2006. SSR marker based DNA finger printing and diversity study in rice. *African Journal of Biotechnology*, 5(9), pp. 684–688.
- Chamikara, M.D.M., Ishan, M., Karunadasa, S.S., Perera, M.K.D.I., Rajapaksha, P.I., Lelwala, R.V., Kasthuriarachchi, V.D.W., Jeyakumar, D.T., Weebadde, C.K. and Sooriyapathirana, S.D.S.S., 2015. Morphological and microsatellite marker analysis of fruit size and shape in selected accessions and commercial cultivars of *Capsicum* species in Sri Lanka. *International Journal of Multidisciplinary Studies*, 2(1), pp. 11–32.
- Chiang, Y.C., Tsai, C.M., Chen, Y.K.H., Lee, S.R., Chen, C.H., Lin, Y.S. and Tsai, C.C., 2012. Development and characterization of 20 new polymorphic microsatellite markers from *Mangifera indica* (anacardiaceae). *American Journal of Botany*, pp. 117–119.
- Costa, F.R.D., Pereira, T.N.S., Vitoria, A.P., De Campos, K.P., Rodrigues, R., Da Silva, D.H. and Pereira, M.G., 2006. Genetic diversity among capsicum accessions using RAPD markers. *Crop Breeding and applied Biotechnology*, 6, pp. 18–23.
- Deviona, Syukur, M., Nurbaiti, Zuhry, E. dan Cahya, E.B.N., 2013. Pendugaan Keragaman Genetik 20 Genotipe Cabai (*Capsicum annuum*) di Lahan Gambut. *Seminar Nasional dan Rapat Tahunan Dekan Bidang Ilmu Pertanian BKS-PTN Wilayah Barat Tahun 2013*. Universitas Riau, Riau, pp. 371–377.
- Dhaliwal, M.S., Yadav, A. and Jindal, S.K., 2014. Molecular characterization and diversity analysis in chilli pepper using simple sequence repeats (ssr) markers. *African Journal of Biotechnology*, 13(31), pp. 3137–3143.
- Dias, G.B., Gomes, V.M., Moraes, T.M.S., Zottich, U.P., Rabelo, G.B., Carvalho, A.O., Moulin, M., Goncalves, L.S.A., Rodrigues, R. and Da Cunha, M., 2013. Characterization of capsicum species using an anatomical and molecular data. *Genetics and Molecular Research*, 12(4), pp. 6488–6501.
- Doyle, J.J. and Doyle, J.L., 1990. Isolation of Plant DNA From Fresh Tissue. *Focus*, 12, pp. 13–15.
- Hanáček, R., Vyhnaněk, T., Rohrer, M., Cieslarová, J. and Stavelíková, H., 2009. DNA polymorphism in genetic resources of red pepper using microsatellite markers. *Horticultural Science*, 36(4), pp. 127–132.
- Hartati, Sumadi, Subandriyo and Hartatik, T., 2010. Keragaman morfologi dan differensiasi genetik sapi peranakan ongole di peternakan rakyat. *JITV*, 15(1), pp. 72–80.
- Hildebrand, E., Torney, D.C. and Wagner, R.P., 1992. Informativeness of polymorphic DNA markers. *Los Alamos Science*, 20, pp. 100–102.
- Iqbal, Z., Arsyad, M., Macmood, T. and Waheed, A., 2008. Evaluation of soybean (*Glycine max* (L.) Merrill) germplasm for some important morphological traits using multivariate analysis. *Pakistan Journal of Botany*, 40, pp. 2323–2328.
- Jiaowen, C., Zhao, Z., Li, B., Qin, C., Wu, Z., Diana, L., Saavedra, T., Luo, X., Cui, J., Rivera-bustamante, R.F., Li, S.C. and Hu, K., 2016. A comprehensive characterization of simple sequence repeats in pepper genomes provides valuable resources for marker development in capsicum. *Nature Scientific Reports*, 6, pp. 1–12.
- Kirana, R., Kusmana, Hasyim, A. dan Sutarya, R., 2014. Persilangan cabai merah tahan penyakit antraknosa. *Jurnal Hortikultura*, 24(3), pp. 189–195.
- Kristamtini, Taryono, Basunanda, P. dan Murti, R.H., 2014. Keragaman genetik kultivar padi beras hitam lokal berdasarkan penanda mikrosatelit. *AgroBiogen*, 10(2), pp. 69–76.
- Kumar, A., Pandey, A., Aochen, C. and Pattanayak, A., 2015. Evaluation of genetic diversity and inter-relationship of agro morphological characters in soybean (*Glycine max*) genotype. *Proceedings of the National Academy of Sciences, India Section B: Biological Sciences*, 85(2), pp. 397–405.
- Kwon, Y.S., Lee, J.M., Yi, G.B., Yi, S.I., Kim, K.M., Soh, E.H., Bae, K.M., Park, E.K., Song, I.H. and Kim, B.D., 2005. Use of ssr markers to complement tests of distinctiveness, uniformity, and stability (dus) of pepper (*Capsicum annuum* L.) varieties. *Molecules and Cells*, 3, pp. 428–435.
- Liu, K. and Muse, S.V., 2005. *Power Marker: An Integrated Analysis Environment For Genetic Marker Analysis*. Bioinformatics Research Center of North Carolina State University. Raleigh.
- Liu, M., Zhang, M., Jiang, W., Sun, G., Zhao, H. and Hu, S., 2011. Genetic diversity of Shaanxi soybean landraces based on agronomic traits and SSR markers. *African Journal of Biotechnology*, 10, pp. 4823–4837.
- Moses, M. and Umaharan, P., 2012. Genetic structure and phylogenetic relationships of *Capsicum chinense*. *J. Journal of the American Society for Horticultural Science*, 137(4), pp. 250–262.
- Mustofa, Z., Budiarsa, I.M. dan Samdas, G.B.N., 2013. Variasi genetik jagung (*Zea mays* L.) berdasarkan karakter fenotipik tongkol jagung yang dibudidayakan di desa Jono Oge. *E-Jipbiol*, 1(1), pp. 33–41.
- Narvel, J.M., Chu, W., Fehr, W.R., Cregan, P.B. and Shoemaker, R.C., 2000. Development of multiplex sets of simple sequence repeat dna markers covering the soybean genome. *Molecular Breeding*, 6, pp. 175–183.
- Nicholai, M., Cantet, M., Lefebvre, V., Palloix, A.S. dan Palloix, A., 2013. Genotyping a large collection of pepper (*Capsicum* spp.) with ssr loci brings new evidence for wild origin of cultivated *C. annuum* and the structuring of genetic diversity by human selection of cultivar types. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 60, pp. 2375–2390.
- Oh, S., Song, J., Lee, J., Lee, G., Ko, H., Stoilova, T., Krasteva, L., Kim, Y., Rhee, J., Gwag, J., Ro, N., Hur, O. and Lee, M., 2012. Evaluation of genetic diversity of red pepper landraces (*Capsicum annuum* L.) from bulgaria using SSR markers. *Journal of the Korean Society of International Agriculture*, 24(5), pp. 547–556.
- Pabendon, M.B., Azrai, M., Kasim, F. dan Mejaya, M.J., 2011. Prospek Penggunaan Marka Molekuler Dalam Program Pemuliaan Jagung. <http://pustaka.litbang.deptan.go.id/bppi/lengkap/bpp10236.pdf>. (accessed 20 Februari 2017).
- Pachecolvera, A., Hernandez, S.V., Ramirez, V.R., Rodriguez, A.G. dan Oyama, K., 2012. Genetic

- diversity and structure of pepper (*capsicum annum* l.) from Northwestern Mexico analyzed by microsatellite markers. *Crop Science*, 52, pp. 231–241.
- Prasetyono, J. dan Tasliah, 2004. Marka SSR: marka yang menjanjikan. *Buletin AgroBio*, 6(2), pp. 41–47.
- Rahman, M.M., Rasul, M.G., Bashar, M.K., Syed, M.A., Saleh, S.A. dan Islam, M.R., 2011. Parent selection for transplanted Aman rice breeding by morphological, physiological and molecular diversity analysis. *Libyan Agriculture Research Center Journal International*, 2(7), pp. 26–28.
- Risliawati, A., Riyanti, E.I., Lestari, P., Utami, D.W. dan Silitonga, T.S., 2015. Development of SSR marker set to identify fourty two Indonesian soybean varieties. *Jurnal AgroBiogen*, 11(2), pp. 49–58.
- Rohlf, F.J., 2000. *NTSYSpc: Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System Version: 2.1*. ExeterSoftware. New york.
- Rosyadi, A.M., 2007. Analisis Keanekaragaman Genetik 27 Genotipe Cabai (*Capsicum* spp.) Koleksi IPB. *Skripsi*. Fakultas Pertanian. Institut Pertanian Bogor.
- Rubiyo, 2013. Inovasi teknologi perbaikan bahan tanam kakao di Indonesia. *Buletin RISTR*, 4(3), pp. 199–214.
- Salimi, S., Lahiji, H.S., Abadi, G.M., Salimi, S. and Moradi, S., 2012. Genetic diversity in soybean genotypes under drought stress condition using factor analysis and cluster analysis. *World Applied Sciences Journal*, 16 (4), pp. 474–478.
- Shankar, R., Bagle, B.G. and More, T.A., 2009. Diversity analysis of bitter melon (*Lycopersicon esculentum* Medik): their molecular diversity and possible origin. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 54, pp. 1023–1031.
- Surahman, M., Santosa, E. dan Nisya, F.N., 2009. Karakterisasi dan analisis gerombol plasma nutfah jarak pagar indonesia dan beberapa negara lain menggunakan marka morfologi dan molekuler. *Jurnal Agronomi Indonesia*, 37(3), pp. 256–264.
- Surapaneni, M., Vemireddy, L.R., Begum, H., Reddy, B.P., Neetasi, C., Nagaraju, J., Anwar, S.Y. and Siddiq, E.A., 2013. Population structure and genetic analysis of different utility types of mango (*Mangifera indica* L.) germplasm of Andhra Pradesh state of India using microsatellite markers. *Plant Systematics and Evolution*, 299, pp. 1215–1229.
- Syukur, M., Sujiprihati, S., Yunianti, R. dan Kusumah, D.A., 2010. Evaluasi daya hasil cabai hibrida dan daya adaptasinya di empat lokasi dalam dua tahun. *Jurnal Agronomi*, 38(1), pp. 43–51.
- Tilahun, S., Paramaguru, P. and Bapu, J.R.K., 2013. Genetic diversity in certain genotypes of chilli and paprika as revealed by RAPD and SSR analysis. *Asian Journal of Agricultural Sciences*, 5(2), pp. 25–31.
- Ting, N.C., Noorhariza, M.Z., Rozana, R., Low, L.E.T., Ithnin, M., Cheah, S.C., Tan, S.G. and Singh, R., 2010. SSR mining in oil palm EST database: Application in oil palm germplasm diversity studies. *Journal of Genetics*, 89, pp. 135–145.
- Utami, D.W., Sutoro, Hidayatun, N., Risliawati, A. dan Hanarida, I., 2011. Keragaman genetik 96 aksesi plasma nutfah padi berdasarkan 30 marka SSR terpaut gen pengatur waktu pembungaan (HD genes). *AgroBiogen*, 7(2), pp. 76–84.
- Ved, P.R., Kumar, R., Kumar, S., Rai, A., Kumar, S., Singh, M., Singh, S.P., Rai, A.B. and Paliwal, R., 2013. Genetic diversity in *Capsicum* germplasm based on microsatellite and random amplified microsatellite polymorphism markers. *Physiology and Molecular Biology of Plants*, 19(4), pp. 575–586.
- Wang, D., Bosland, P.W., 2006. The genes of *Capsicum*. *HortScience*, 41(5), pp. 1169–1187.
- Wu, B.D., Fan, R., Hu, L.S., Wu, H.S., and Hao, C.Y., 2016. Genetic diversity in the germplasm of black pepper determined by EST-SSR markers. *Genetics and Molecular Research Journal*, 15(1), pp. 1–9.
- Yan, W., Maoying, Y., Wenyu, Y., Weiguo, L., and Taiwen, Y., 2011. Multivariate analysis on isoflavone content for soybean land races in sichuan basin. *Journal of Animal and Plant Sciences*, 11, pp. 1380–1393.
- Yu, S.B., Xu, W.J., Vijayakumar, Ali, J., Fu, B.Y., Xu, J.L., Jiang, Y.Z., Maghirang, R., Domingo, J., Aquino, C., Virmani, S.S., and Li, Z.K., 2003. Molecular diversity and multilocus organization of the parental lines used in the international rice molecular breeding program. *Theoretical and Applied Genetics*, 108(1), pp. 131–140.
- Yuzbaodlu, E., Ozcan, S. And Acik, L., 2006. Analysis of genetic relationships among turkish cultivars and breeding lines of *Lycopersicon esculentum* using RAPD markers. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 53, pp. 507–514.



# Pedoman Penulisan Naskah Berita Biologi

**Berita Biologi** adalah jurnal yang menerbitkan artikel kemajuan penelitian di bidang biologi dan ilmu-ilmu terkait di Indonesia. Berita Biologi memuat karya tulis ilmiah asli berupa makalah hasil penelitian, komunikasi pendek dan tinjauan kembali yang belum pernah diterbitkan atau tidak sedang dikirim ke media lain. Masalah yang diliput harus menampilkan aspek atau informasi baru.

## Tipe naskah

### 1. Makalah lengkap hasil penelitian (*original paper*)

Naskah merupakan hasil penelitian sendiri yang mengangkat topik yang *up to date*, tidak lebih dari 15 halaman termasuk tabel dan gambar. Pencantuman lampiran seperlunya, namun redaksi berhak mengurangi atau meniadakan lampiran.

### 2. Komunikasi pendek (*short communication*)

Komunikasi pendek merupakan makalah hasil penelitian yang ingin dipublikasikan secara cepat karena hasil temuan yang menarik, spesifik dan baru, agar dapat segera diketahui oleh umum. Artikel yang ditulis tidak lebih dari 10 halaman. Hasil dan pembahasan boleh digabung.

### 3. Tinjauan kembali (*review*)

Tinjauan kembali merupakan rangkuman tinjauan ilmiah yang sistematis-kritis secara ringkas namun mendalam terhadap topik penelitian tertentu. Hal yang ditinjau meliputi segala sesuatu yang relevan terhadap topik tinjauan yang memberikan gambaran '*state of the art*', meliputi temuan awal, kemajuan hingga issue terkini, termasuk perdebatan dan kesenjangan yang ada dalam topik yang dibahas. Tinjauan ulang ini harus merangkum minimal 30 artikel.

## Struktur naskah

### 1. Bahasa

Bahasa yang digunakan adalah Bahasa Indonesia atau Inggris yang baik dan benar.

### 2. Judul

Judul diberikan dalam bahasa Indonesia dan Inggris. Judul harus singkat, jelas dan mencerminkan isi naskah dengan diikuti oleh nama serta alamat surat menyurat penulis dan alamat email. Nama penulis untuk korespondensi diberi tanda amplop cetak atas (*superscript*).

### 3. Abstrak

Abstrak dibuat dalam dua bahasa, bahasa Indonesia dan Inggris. Abstrak memuat secara singkat tentang latar belakang, tujuan, metode, hasil yang signifikan, kesimpulan dan implikasi hasil penelitian. Abstrak berisi maksimum 200 kata, spasi tunggal. Di bawah abstrak dicantumkan kata kunci yang terdiri atas maksimum enam kata, dimana kata pertama adalah yang terpenting. Abstrak dalam Bahasa Inggris merupakan terjemahan dari Bahasa Indonesia. Editor berhak untuk mengedit abstrak demi alasan kejelasan isi abstrak.

### 4. Pendahuluan

Pendahuluan berisi latar belakang, permasalahan dan tujuan penelitian. Perlu disebutkan juga studi terdahulu yang pernah dilakukan terkait dengan penelitian yang dilakukan.

### 5. Bahan dan cara kerja

Bahan dan cara kerja berisi informasi mengenai metoda yang digunakan dalam penelitian. Pada bagian ini boleh dibuat sub-judul yang sesuai dengan tahapan penelitian. Metoda harus dipaparkan dengan jelas sesuai dengan standar topik penelitian dan dapat diulang oleh peneliti lain. Apabila metoda yang digunakan adalah metoda yang sudah baku cukup ditulis sitasinya dan apabila ada modifikasi maka harus dituliskan dengan jelas bagian mana dan hal apa yang dimodifikasi.

### 6. Hasil

Hasil memuat data ataupun informasi utama yang diperoleh berdasarkan metoda yang digunakan. Apabila ingin mengacu pada suatu tabel/grafik/diagram atau gambar, maka hasil yang terdapat pada bagian tersebut dapat diuraikan dengan jelas dengan tidak menggunakan kalimat 'Lihat Tabel 1'. Apabila menggunakan nilai rata-rata maka harus menyertakan pula standar deviasinya.

### 7. Pembahasan

Pembahasan bukan merupakan pengulangan dari hasil. Pembahasan mengungkap alasan didapatkannya hasil dan arti atau makna dari hasil yang didapat tersebut. Bila memungkinkan, hasil penelitian ini dapat dibandingkan dengan studi terdahulu.

### 8. Kesimpulan

Kesimpulan berisi informasi yang menyimpulkan hasil penelitian, sesuai dengan tujuan penelitian, dan penelitian berikutnya yang bisa dilakukan.

### 9. Ucapan terima kasih

Bagian ini berisi ucapan terima kasih kepada suatu instansi jika penelitian ini didanai atau didukung oleh instansi tersebut, ataupun kepada pihak yang membantu langsung penelitian atau penulisan artikel ini.

### 10. Daftar pustaka

Pada bagian ini, tidak diperkenankan untuk mensitasi artikel yang tidak melalui proses *peer review*. Apabila harus menyitir dari "laporan" atau "komunikasi personal" dituliskan '*unpublished*' dan tidak perlu ditampilkan di daftar pustaka. Daftar pustaka harus berisi informasi yang *up to date* yang sebagian besar berasal dari *original papers* dan penulisan terbitan berkala ilmiah (nama jurnal) tidak disingkat.

## Format naskah

- Naskah diketik dengan menggunakan program Microsoft Word, huruf New Times Roman ukuran 12, spasi ganda kecuali Abstrak. Batas kiri-kanan atas-bawah masing-masing 2,5 cm. Maksimum isi naskah 15 halaman termasuk ilustrasi dan tabel.
- Penulisan bilangan pecahan dengan koma mengikuti bahasa yang ditulis menggunakan dua angka desimal di belakang koma. Apabila menggunakan Bahasa Indonesia, angka desimal ditulis dengan menggunakan koma (,) dan ditulis dengan menggunakan titik (.) bila menggunakan bahasa Inggris. Contoh: Panjang buku adalah 2,5 cm. Length of the book is 2.5 cm. Penulisan angka 1-9 ditulis dalam kata kecuali bila bilangan satuan ukur, sedangkan angka 10 dan seterusnya ditulis dengan angka. Contoh lima orang siswa, panjang buku 5 cm.
- Penulisan satuan mengikuti aturan international system of units.
- Nama takson dan kategori taksonomi ditulis dengan merujuk kepada aturan standar yang diakui. Untuk tumbuhan menggunakan *International Code of Botanical Nomenclature* (ICBN), untuk hewan menggunakan *International Code of Zoological Nomenclature* (ICZN), untuk jamur *International Code of Nomenclature for Algae, Fungi and Plant* (ICFAFP), *International Code of Nomenclature of Bacteria* (ICNB), dan untuk organisme yang lain merujuk pada kesepakatan Internasional. Penulisan nama takson lengkap dengan nama author hanya dilakukan pada bagian deskripsi takson, misalnya pada naskah taksonomi. Penulisan nama takson untuk bidang lainnya tidak perlu menggunakan nama author.
- Tata nama di bidang genetika dan kimia merujuk kepada aturan baku terbaru yang berlaku.
- Ilustrasi dapat berupa foto (hitam putih atau berwarna) atau gambar tangan (*line drawing*).
- Tabel  
Tabel diberi judul yang singkat dan jelas, spasi tunggal dalam bahasa Indonesia dan Inggris, sehingga Tabel dapat berdiri sendiri. Tabel diberi nomor urut sesuai dengan keterangan dalam teks. Keterangan Tabel diletakkan di bawah Tabel. Tabel tidak dibuat tertutup dengan garis vertikal, hanya menggunakan garis horisontal yang memisahkan judul dan batas bawah. Paragraf pada isi tabel dibuat satu spasi.
- Gambar  
Gambar bisa berupa foto, grafik, diagram dan peta. Judul gambar ditulis secara singkat dan jelas, spasi tunggal. Keterangan yang menyertai gambar harus dapat berdiri sendiri, ditulis dalam bahasa Indonesia dan Inggris. Gambar dikirim dalam bentuk .jpeg dengan resolusi minimal 300 dpi, untuk *line drawing* minimal 600dpi.

9. Daftar Pustaka

Sitasi dalam naskah adalah nama penulis dan tahun. Bila penulis lebih dari satu menggunakan kata 'dan' atau et al. Contoh: (Kramer, 1983), (Hamzah dan Yusuf, 1995), (Premachandra *et al.*, 1992). Bila naskah ditulis dalam bahasa Inggris yang menggunakan sitasi 2 orang penulis maka digunakan kata 'and'. Contoh: (Hamzah and Yusuf, 1995). Penulisan daftar pustaka, sebagai berikut:

a. **Jurnal**

Nama jurnal ditulis lengkap.

Agusta, A., Maehara, S., Ohashi, K., Simanjuntak, P. and Shibuya, H., 2005. Stereoselective oxidation at C-4 of flavans by the endophytic fungus *Diaporthe* sp. isolated from a tea plant. *Chemical and Pharmaceutical Bulletin*, 53(12), pp.1565-1569.

b. **Buku**

Merna, T. and Al-Thani, F.F., 2008. *Corporate Risk Management*. 2nd ed. John Welly and Sons Ltd. England.

c. **Prosiding atau hasil Simposium/Seminar/Lokakarya.**

Fidiana, F., Triyuwono, I. and Riduwan, A., 2012. Zakah Perspectives as a Symbol of Individual and Social Piety: Developing Review of the Meadian Symbolic Interactionism. *Global Conference on Business and Finance Proceedings. The Institute of Business and Finance Research*, 7(1), pp. 721 - 742

d. **Makalah sebagai bagian dari buku**

Barth, M.E., 2004. Fair Values and Financial Statement Volatility. Dalam: Borio, C., Hunter, W.C., Kaufman, G.G., and Tsatsaronis, K. (eds.) *The Market Discipline Across Countries and Industries*. MIT Press. Cambridge.

e. **Thesis, skripsi dan disertasi**

Williams, J.W., 2002. Playing the Corporate Shell Game: The Forensic Accounting and Investigation Industry, Law, and the Management of Organizational Appearance. *Dissertation*. Graduate Programme in Sociology. York University. Toronto. Ontario.

f. **Artikel online.**

Artikel yang diunduh secara online ditulis dengan mengikuti format yang berlaku untuk jurnal, buku ataupun thesis dengan dilengkapi alamat situs dan waktu mengunduh. Tidak diperkenankan untuk mensitasi artikel yang tidak melalui proses peer review misalnya laporan perjalanan maupun artikel dari laman web yang tidak bisa dipertanggung jawabkan kebenarannya seperti wikipedia.

Himman, L.M., 2002. A Moral Change: Business Ethics After Enron. San Diego University Publication. <http://ethics.sandiego.edu/LMH/oped/Enron/index.asp>. (accessed 27 Januari 2008) bila naskah ditulis dalam bahasa inggris atau (diakses 27 Januari 2008) bila naskah ditulis dalam bahasa indonesia

**Formulir persetujuan hak alih terbit dan keaslian naskah**

Setiap penulis yang mengajukan naskahnya ke redaksi Berita Biologi akan diminta untuk menandatangani lembar persetujuan yang berisi hak alih terbit naskah termasuk hak untuk memperbanyak artikel dalam berbagai bentuk kepada penerbit Berita Biologi. Sedangkan penulis tetap berhak untuk menyebarkan edisi cetak dan elektronik untuk kepentingan penelitian dan pendidikan. Formulir itu juga berisi pernyataan keaslian naskah yang menyebutkan bahwa naskah adalah hasil penelitian asli, belum pernah dan tidak sedang diterbitkan di tempat lain.

**Penelitian yang melibatkan hewan**

Setiap naskah yang penelitiannya melibatkan hewan (terutama mamalia) sebagai obyek percobaan / penelitian, wajib menyertakan 'ethical clearance approval' terkait animal welfare yang dikeluarkan oleh badan atau pihak berwenang. Penelitian yang menggunakan mikroorganisme sebagai obyek percobaan, mikroorganisme yang digunakan wajib disimpan di koleksi kultur mikroorganisme dan mencantumkan nomor koleksi kultur pada makalah.

**Lembar ilustrasi sampul**

Gambar ilustrasi yang terdapat di sampul jurnal Berita Biologi berasal dari salah satu naskah yang dipublikasi pada edisi tersebut. Oleh karena itu, setiap naskah yang ada ilustrasinya diharapkan dapat mengirimkan ilustrasi atau foto dengan kualitas gambar yang baik dengan disertai keterangan singkat ilustrasi atau foto dan nama pembuat ilustrasi atau pembuat foto.

**Proofs**

Naskah *proofs* akan dikirim ke penulis dan penulis diwajibkan untuk membaca dan memeriksa kembali isi naskah dengan teliti. Naskah *proofs* harus dikirim kembali ke redaksi dalam waktu tiga hari kerja.

**Naskah cetak**

Setiap penulis yang naskahnya diterbitkan akan diberikan 1 eksemplar majalah Berita Biologi dan *reprint*. Majalah tersebut akan dikirimkan kepada *corresponding author*

**Pengiriman naskah**

Naskah dikirim secara online ke website berita biologi: [http://e-journal.biologi.lipi.go.id/index.php/berita\\_biologi](http://e-journal.biologi.lipi.go.id/index.php/berita_biologi)

**Alamat kontak**

Redaksi Jurnal Berita Biologi, Pusat Penelitian Biologi-LIPI  
Cibinong Science Centre, Jl. Raya Bogor Km. 46 Cibinong 16911  
Telp: +61-21-8765067, Fax: +62-21-87907612, 8765063, 8765066,  
Email: [berita.biologi@mail.lipi.go.id](mailto:berita.biologi@mail.lipi.go.id), [jurnalberitabiologi@yahoo.co.id](mailto:jurnalberitabiologi@yahoo.co.id) atau  
[jurnalberitabiologi@gmail.com](mailto:jurnalberitabiologi@gmail.com)

# BERITA BIOLOGI

Vol. 17 (2)

Isi (*Content*)

Agustus 2018

P-ISSN 0126-1754  
E-ISSN 2337-8751

## TINJAUAN ULANG (REVIEW)

- Pichia pastoris*: SEL RAGI UNTUK PRODUKSI PROTEIN REKOMBINAN [*Pichia pastoris*: Cell Yeast for Production of Recombinant Proteins]  
Neng Herawati, Arizah Kusumawati dan Adi Santoso ..... 91 – 102

## MAKALAH HASIL RISET (ORIGINAL PAPERS)

- PAKET PEMUPUKAN WORTEL PADA TANAH LEMPUNG LIAT BERPASIR DATARAN RENDAH DI PALANGKA RAYA - KALIMANTAN TENGAH [The Fertilizer Packages of Carrots in Sandy Clay Loam of Lowland Areas Palangka Raya of Central Kalimantan]  
M. Anang Firmansyah, Wiwik Rahayu dan Twenty Liana ..... 103 – 114
- KERAGAMAN GENETIK ALANG-ALANG (*Imperata cylindrica* (L.) Beauv.) BERDASARKAN MARKA INTER-SIMPLE SEQUENCE REPEATS (ISSR) [Genetic Diversity of Alang-alang (*Imperata cylindrica* (L.) Beauv.) Based on Inter-Simple Sequence Repeats (ISSR) Markers]  
Dyah Subositi dan Harto Widodo ..... 115 – 122
- MORFOLOGI, ANATOMI DAN UJI HISTOKIMIA RIMPANG *Curcuma aeruginosa* Roxb; *Curcuma longa* L. DAN *Curcuma heyneana* Valetton dan Zijp. [Morphology, Anatomical and Histochemical Rhizome of *Curcuma aeruginosa* Roxb; *Curcuma longa* L. and *Curcuma heyneana* Valetton and Zijp.]  
Trimanto, Dini Dwiyaniti dan Serafinah Indriyani ..... 123 – 133
- KERAGAMAN BEBERAPA TUMBUHAN CIPLUKAN (*Physalis* spp.) DI LERENG GUNUNG KELUD, JAWA TIMUR [Diversity of Ciplukan (*Physalis* spp.) on the Gradient of Mt. Kelud, East Java]  
Nugraheni Hadiyanti, Supriyadi dan Pardono ..... 135 – 146
- PERTUMBUHAN DAN PRODUKSI TEBU (*Saccharum officinarum*; Poaceae) PADA BERBAGAI PAKET PEMUPUKAN DI LAHAN KERING BERPASIR [Sugarcane (*Saccharum officinarum*; Poaceae) Growth and Production on Several Fertilizer Packages in Sandy Upland]  
Supriyadi, Nunik Eka Diana dan Djumali ..... 147 – 156
- PROFITABILITAS DAN KERAGAAN PERTUMBUHAN BENIH IKAN *Tor tambroides* DENGAN FREKUENSI PEMBERIAN PAKAN YANG BERBEDA [Profitability and Growth Performance of *Tor tambroides* with Different Feeding Frequency]  
Jojo Subagja dan Deni Radona ..... 157 – 164
- BARKODING DNA BURUNG ELANG (FAMILI ACCIPITRIDAE) DI INDONESIA [DNA Barcoding of the Eagles (Family Accipitridae) in Indonesia]  
Moch Syamsul Arifin Zein ..... 165 – 173
- STUDI ETNOBOTANI JENIS REMPAH YANG DIGUNAKAN DALAM BUMBU MASAKAN TRADISIONAL ADAT DI KERAJAAN ROKAN KABUPATEN ROKAN HULU, RIAU [The Ethnobotanical Study of Spices on Traditional Food at Rokan Palace, Rokan Hulu Riau]  
Melly Tribudiarti, Nurainas dan Syamsuardi ..... 175 – 182
- KARAKTERISASI KERAGAMAN GENETIK 27 GENOTIPE CABAI BERDASARKAN MARKA SSR (SIMPLE SEQUENCE REPEAT) [Genetic Diversity Characterization of 27 Chili Pepper Genotypes Based on SSR (Simple Sequence Repeat) Markers]  
Rerenstradika Tizar Terryana, Kristianto Nugroho, Habib Rijzaani dan Puji Lestari ..... 183 – 194
- HUBUNGAN PANJANG DAN BERAT, FAKTOR KONDISI, FEKUNDITAS, DAN PERKEMBANGAN TELUR IKAN TENGADAK (*Barbonymus schwanenfeldii*) DARI SAROLANGUN, JAMBI DAN ANJONGAN, KALIMANTAN BARAT, INDONESIA [The Length and Weight Relationship, Factor Conditions, Fecundity and Egg Development of Tinfoil Barb (*Barbonymus schwanenfeldii*) from Sarolangun, Jambi and Anjongan, West Kalimantan, Indonesia]  
Irin Iriana Kusmini, Jojo Subagja dan Fera Permata Putri ..... 195 – 203
- FISILOGI PERTUMBUHAN, POTENSI AKTIFITAS PRODUKSI N<sub>2</sub>O DAN GEN FUNGSIONAL PENYANDINYA PADA BEBERAPA ISOLAT BAKTERI DENITRIFIKASI [Physiological Growth, Potential Activity of N<sub>2</sub>O Production and Their Functional Gen of Some Isolat of Denitrifying Bacteria]  
Dwi Agustiyani, Nur Laili dan Sarjiya Antonius ..... 205 – 214

## KOMUNIKASI PENDEK (SHORT COMMUNICATION)

- HUBUNGAN KARAKTER FENOTIPIK DAN HASIL BIJI PLASMA NUTFAH KACANG TUNGGAK [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] MENURUT ANALISIS LINTASAN [The Relationships between Phenotypic Characters and Seed Yield of Cowpea [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] Germplasm Using Path Analysis]  
Mastur, Mamik Setyowati, dan Dwi N. Susilowati ..... 215 – 221

CORRIGENDUM ..... 223