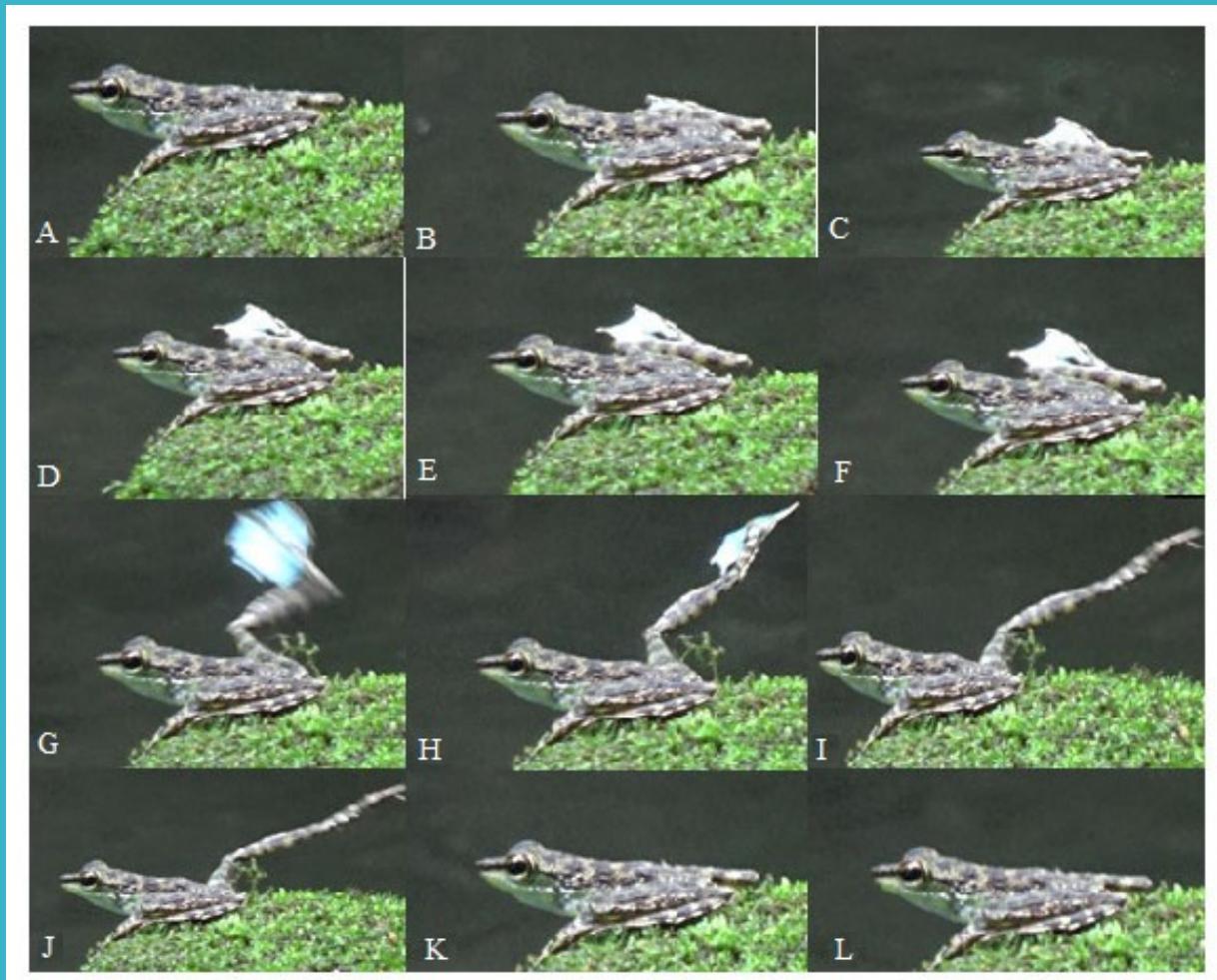


Berita Biologi

Jurnal Ilmu-ilmu Hayati



BERITA BIOLOGI

Vol. 19 No. 3B Desember 2020
Terakreditasi Berdasarkan Keputusan Direktur Jendral Penguanan Riset dan
Pengembangan, Kemenristekdikti RI
No. 21/E/KPT/2018

Tim Redaksi (*Editorial Team*)

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

Arif Nurkanto
(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*)

Liana Astuti

Kesekretariatan (*Secretary*)

Nira Ariasari, Budiarjo

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
jurnalberitabiologi@yahoo.co.id
jurnalberitabiologi@gmail.com

Keterangan foto cover depan: *Sequence* gerakan yang ditunjukkan selama *foot-flagging* pada katak jantan (*S. guttatus*); (A) saat istirahat; (B) angkat kaki; (C-F) ekstensi kaki parsial; (G-J) ekstensi kaki penuh; (K-L) istirahat, sesuai dengan halaman 385

(Notes of cover picture): (*Sequence of movements shown during foot-flagging in male frogs (*S. guttatus*)*; (A) at rest; (B) leg lift; (C-F) partial leg extension; (G-J) full leg extension; (K-L) rest), as in page 385)



P-ISSN 0126-1754

E-ISSN 2337-8751

Terakreditasi Peringkat 2

21/E/KPT/2018

Volume 19 Nomor 3B, Desember 2020

Berita Biologi

Jurnal Ilmu-ilmu Hayati

Berita Biologi	Vol. 19	No. 3B	Hlm. 361 – 489	Bogor, Desember 2020	ISSN 0126-1754
----------------	---------	--------	----------------	----------------------	----------------

Ucapan terima kasih kepada
Mitra Bebestari nomor ini
19(3B) – Desember 2020

Dr. Satya Nugroho
(Biologi Molekuler/Rekayasa Genetika Tanaman, Pusat Penelitian Bioteknologi - LIPI)

Dr. Surono, S.P., M.Agr.
(Microbial Ecology/Dark septate endophytic fungi, Balai Penelitian Tanah - Badan Litbang
Pertanian)

Dr. Mirza Dikari Kusrini, M.Si.
(Herpetologi, Ekologi Satwaliar, Fakultas Kehutanan, Institut Pertanian Bogor)

Prof. Dr. Dewi Malia Prawiradilaga
(Ekologi Burung, Pusat Penelitian Biologi - LIPI)

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

Dr. Adi Santoso
(Bioteknologi, Pusat Penelitian Bioteknologi - LIPI)

Ir. Endang Purwaningsih
(Taksonomi Nematode pada vertebrata liar, Pusat Penelitian Biologi - LIPI)

Gloria Animalesto S.Si.
(Taksonomi Trematoda pada vertebrata liar, Pusat Penelitian Biologi - LIPI)

Arif Nurkanto, M.Si.
(Mikrobiologi, Pusat Penelitian Biologi - LIPI)

Dr. Bambang Sunarko
(Mikrobiologi, Pusat Penelitian Biologi - LIPI)

Dr.rer.nat.Dwi Setyo Rini M.Si.
(Biologi Molekuler Tumbuhan, Pusat Penelitian Biologi - LIPI)

Dr. Novik Nurhidayat
(Mikrobiologi, Pusat Penelitian Biologi - LIPI)

Dr. Achmad Dinoto M.Sc.
(Mikrobiologi, Pusat Penelitian Biologi - LIPI)

Prof. Dr. Mulyadi
(Biosistematika Copepoda, Pusat Penelitian Biologi - LIPI)

Dr. Conni Margaretha Sidabalok M. App. Sc.
(Biosistematika Isopoda, Pusat Penelitian Biologi - LIPI)

ANALISIS KERAGAMAN GENETIK AKSESİ KEDELAI INTRODUKSI DARI WILAYAH SUBTROPIS BERBASIS MORFOLOGI DAN MOLEKULER

[Morphological and Molecular Based Genetic Diversity Assessment Among Soybean Accessions Introduced from Subtropical Areas]

Rerenstradika Tizar Terryana^{1*}, Nickita Dewi Safina², Suryani², Kristianto Nugroho¹, dan Puji Lestari³

¹Balai Besar Penelitian dan Pengembangan Bioteknologi dan Sumber Daya Genetik Pertanian, Jl. Tentara Pelajar 3A, Bogor 16111

²Institut Pertanian Bogor, Kampus Dramaga, JL. Raya Dramaga, Bogor 16680.

³Balai Besar Penelitian Tanaman Padi, Jl. Raya 9, Sukamandi, Subang 41256.

email: re2n_terryana@ymail.com

ABSTRACT

Genetic diversity information on soybean germplasm greatly affects the success of soybean breeding program. In the present study, four qualitative morphological traits information collected from Germplasm Resources Information Network (GRIN), United States Department of Agriculture (USDA) database (www.ars-grin.gov) and 10 microsatellite markers were used to analyze the relationship among 45 accessions of subtropical introduced soybean. The morphological characters of introduced soybean accessions contributed to support the result of molecular characterization. The introduced soybean accessions used in this study were diverse based on morphological and molecular characters. Based on principal component analysis, the flower color, pod color, and growth habit contributed most of the total genetic diversity. All introduced accessions were overlapped into four quadrants based on principal coordinate analysis. All microsatellite primers showed polymorphism on total accession observed. Allele variation (9–27 alleles) was observed among tested accessions, with an average allele number of 20.7 and Polymorphic Information Content (PIC) value of 0.95 with range numbers 0.92–0.97. All microsatellite markers showed PIC value >0.7 indicating that these markers were suitable for soybean diversity studies with high differentiation. The phylogenetic analysis revealed that 45 soybean accessions could be divided into two major groups. Soybean accessions belonging to the same area did not always occupy the same group. The results confirmed that both morphology and molecular genetic diversity in a combined way could efficiently evaluate the variation present in different soybean accessions in any breeding program.

Key words: Genetic Diversity, Microsatellite, Morphology, Soybean

ABSTRAK

Informasi keanekaragaman genetik plasma nutbah kedelai akan menentukan keberhasilan program pemuliaan kedelai. Pada penelitian ini, data empat karakter morfologi kualitatif diperoleh dari basis data *Germplasm Resources Information Network* (GRIN), *United States Department of Agriculture* (USDA) (www.ars-grin.gov) dan sepuluh marka mikrosatelit digunakan untuk menganalisis jarak genetik di antara 45 aksesi kedelai introduksi dari wilayah subtropis. Karakter morfologis dari setiap aksesi kedelai introduksi berkontribusi dalam mendukung hasil karakterisasi molekuler. Hasil penelitian menunjukkan keragaman antar aksesi kedelai introduksi yang diuji berdasarkan karakter morfologis dan molekuler. Berdasarkan analisis komponen utama, karakter warna bunga, warna polong, dan tipe pertumbuhan berkontribusi besar terhadap keragaman genetik total. Seluruh aksesi kedelai introduksi tumpang tindih ke dalam empat kuadran berdasarkan hasil analisis koordinat utama. Berdasarkan marka mikrosatelit, pola pita polimorfisme ditunjukkan oleh seluruh primer. Variasi alel (9-27 alel) diamati di antara aksesi kedelai yang diuji dengan rerata jumlah alel sebesar 20,7 dan nilai *Polymorphism Information Content* (PIC) sebesar 0,95 dengan rentang nilai 0,92-0,97. Seluruh marka mikrosatelit menunjukkan nilai $PIC > 0,7$, sehingga marka tersebut sesuai untuk studi keragaman genetik kedelai berdiferensiasi tinggi. Hasil analisis filogenetik menunjukkan bahwa 45 aksesi kedelai dapat dibagi menjadi dua kelompok utama. Aksesi kedelai yang diintroduksi dari wilayah daerah yang sama tidak selalu berada dalam kelompok yang sama. Hasil ini mengkonfirmasi bahwa keragaman genetik berdasarkan gabungan morfologi dan molekuler dapat secara efisien mengevaluasi keragaman genetik pada aksesi kedelai yang berbeda dalam program pemuliaan.

Kata kunci: Kedelai, Keragaman Genetik, Mikrosatelit, Morfologi

PENDAHULUAN

Kedelai (*Glycine max* L.) merupakan salah satu komoditas tanaman pangan penting bagi penduduk Indonesia sebagai sumber protein nabati, bahan baku industri dan pakan ternak, sehingga kebutuhan kedelai nasional semakin meningkat setiap tahunnya sejalan dengan pertambahan jumlah penduduk dan peningkatan permintaan bahan industri pangan. Hingga saat ini di Indonesia masih terjadi kesenjangan antara tingkat produksi dan konsumsi kedelai, yaitu sebanyak rata-rata 2,2 juta ton kedelai

dibutuhkan untuk pemenuhan kedelai nasional setiap tahunnya, namun hanya sebesar 44,68% (982.967 ton) yang mampu dipenuhi oleh produksi dalam negeri sehingga 53,32% sisanya dipenuhi dari kebijakan impor kedelai dari Amerika dan Cina (Hidayatullah, Zubaidah, dan Kuswantoro, 2017; Kementerian Pertanian Direktorat Jenderal Tanaman Pangan, 2016). Pemerintah telah mencanangkan program pencapaian swasembada kedelai guna mengurangi ketergantungan terhadap kedelai impor dengan dua strategi yaitu percepatan peningkatan

*Kontributor Utama

*Diterima: 7 Juli 2020 - Diperbaiki: 20 November 2020 - Disetujui: 28 Desember 2020

produktivitas kedelai dan perluasan areal tanam. Kedua strategi tersebut memerlukan varietas unggul yang dapat dihasilkan melalui kegiatan persilangan, mutasi iradiasi, pemurnian varietas lokal, dan varietas introduksi (Asadi, 2014).

Pendayagunaan aksesi introduksi merupakan salah satu cara peningkatan produktivitas kedelai melalui perbaikan varietas karena cenderung memiliki kelebihan adaptabilitas tinggi dengan penampilan agronomis baik dan produksi hasil tinggi sehingga berpeluang untuk dilepas menjadi varietas unggul nasional dan sumber gen atau tetua persilangan selain itu dapat memperkaya koleksi plasma nutfafah (Asadi, 2014). Kedelai diduga berasal dari daratan pusat dan utara Cina dan telah dibudidayakan sejak abad 11 SM, namun penyebaran kedelai di kawasan Asia khususnya baru dimulai sejak abad 15-16 SM (Hymowitz, 1970). Saat ini tanaman kedelai telah berkembang di banyak negara, bahkan di negara Amerika dan sebagian Amerika Selatan yang saat ini merupakan produsen kedelai utama di dunia. Aksesi kedelai yang diintroduksi dari wilayah atau negara lain, seperti Amerika berpotensi sebagai sumber gen dalam program pemuliaan seleksi. Dari 83 varietas unggul kedelai yang telah dilepas di Indonesia sejak 1918 hingga 2015, sebanyak 20 varietas diantaranya merupakan hasil introduksi dari luar negeri, misalnya varietas Tambora dan Bromo yang berasal dari Filipina, Argomulyo dari Thailand, serta Dempo dari Kolombia (Hermanto, Sadikin, dan Hikmat, 2009; Susanto dan Nugrahaeni, 2017). Beberapa peneliti di Indonesia juga telah melakukan analisis lanjut pada level fenotip dan genotip pada aksesi kedelai introduksi (Asadi, 2014; Lestari *et al.*, 2019; Nugroho, Terryana, dan Lestari, 2017; Terryana *et al.*, 2017) yang penting dalam pra pemuliaan dan sumber materi genetik pemuliaan.

Kegiatan perakitan varietas unggul baru nasional yang berasal dari aksesi introduksi dilakukan secara bertahap mulai dari seleksi, uji daya hasil hingga uji multilokasi (Tasma, 2017). Aksesi introduksi cenderung memiliki karakter morfoagronomi yang sesuai dengan iklim dan agrosistem di negara asalnya (Asadi, 2014). Oleh karena itu, karakterisasi aksesi introduksi secara morfologi maupun molekuler perlu dilakukan.

Karakter morfologi merupakan wujud nyata keragaman fenotipik, namun merupakan hasil interaksi antara genotipe dan lingkungannya sehingga seringkali sulit untuk membedakan apakah karakter tersebut bersifat genetis atau lebih banyak dipengaruhi oleh lingkungan tumbuh (Surahman, Santosa, dan Nisyah, 2009). Sementara itu, karakterisasi molekuler dapat memberikan hasil yang lebih cepat jika dibandingkan dengan karakterisasi morfologi, tidak bersifat destruktif, mampu membedakan individu dengan tingkat kekerabatan dekat serta tidak dipengaruhi oleh faktor lingkungan (Yono, Wahyu, Sobir, dan Toruan-Mathius, 2017). Informasi hasil karakterisasi molekuler dapat dilakukan guna melengkapi informasi karakter morfologi pada analisis keragaman genetik.

Marka mikrosatelit merupakan salah satu marka molekuler yang banyak digunakan dalam kegiatan analisis keragaman genetik. Marka mikrosatelit merupakan sekuen pendek berulang yang keberadaannya melimpah pada genom organisme eukariotik, bersifat kodominan, dan mudah dalam aplikasinya (Siqi Wang *et al.*, 2014). Marka mikrosatelit juga dapat dimanfaatkan sebagai alternatif uji BUSS (Baru, Unik, Seragam, dan Stabil) dalam upaya perlindungan varietas tanaman (Moeljopawiro, 2010). Marka mikrosatelit telah banyak digunakan sebelumnya oleh peneliti di berbagai negara untuk analisis keragaman genetik kedelai (Bisen, Khare, Nair, dan Tripathi, 2014; Dawei *et al.*, 2012; Kumawat *et al.*, 2014; Tantasawat, Trongchuen, Prajongjai, Jenweerawat, dan Chaowiset, 2011; L. Wang *et al.*, 2008). Beberapa peneliti di Indonesia juga diketahui telah memanfaatkan marka mikrosatelit untuk analisis karakterisasi molekuler pada kedelai (Chaerani, Hidayatun, dan Utami, 2011; Lestari *et al.*, 2016; Nugroho *et al.*, 2017; Risliawati, Riyanti, Lestari, Utami, dan Silitonga, 2015; Santoso, Utami, dan Septiningsih, 2006; Terryana *et al.*, 2017). Penelitian ini bertujuan untuk menganalisis keragaman genetik 45 aksesi kedelai introduksi berdasarkan karakter morfologi kualitatif dan marka mikrosatelit. Informasi keragaman genetik kedelai introduksi asal wilayah subtropis yang diperoleh diharapkan dapat bermanfaat dalam program pemuliaan kedelai di Indonesia.

BAHAN DAN CARA KERJA

Materi genetik

Materi genetik yang digunakan dalam penelitian ini meliputi 45 akses kedelai yang diintroduksi dari Korea Selatan, Cina, Jepang dan beberapa negara bagian di Amerika Serikat yang telah diketahui informasi deskripsi beberapa karakter morfologi kualitatifnya berdasarkan basis data *Germplasm Resources Information Network* (GRIN), *United States Department of Agriculture* (USDA) (www.ars-grin.gov) (Tabel 1). Seluruh aksesi kedelai introduksi tersebut ditanam di Kebun Percobaan Muara, Bogor, Jawa Barat. Sampel daun kedelai yang muda dan sehat selanjutnya diambil setelah tanaman berumur satu bulan untuk diisolasi DNA genomiknya. Kegiatan analisis molekuler dilaksanakan di Laboratorium Biologi Molekuler, Balai Besar Penelitian dan Pengembangan Bioteknologi dan Sumberdaya Genetik Pertanian, Badan Penelitian dan Pengembangan Pertanian.

Ekstraksi, uji kuantitas dan kualitas DNA genomik

Total DNA genomik kedelai diisolasi dari daun muda dengan menggunakan metode *Cetyl trimethyl ammonium bromide* (CTAB) (Doyle 1990) yang telah dimodifikasi. Pelet DNA yang diperoleh kemudian dikeringkan dengan *SpeedVac™ Concentrator* (ThermoFisherScientific, USA) untuk menghilangkan sisa etanol. Pelet DNA yang telah kering kemudian dilarutkan dalam 100 µl larutan TE (10 mM Tris pH 8,0 dan 1 mM EDTA) serta ditambahkan 2 µl RNase (10 mg/ml), selanjutnya diinkubasi selama 1 jam pada suhu 37 °C dan disimpan pada suhu -20°C hingga siap digunakan.

Larutan DNA stok selanjutnya diuji secara kuantitatif dan kualitatif untuk mengetahui konsentrasi DNA serta tingkat kemurniannya. Uji kuantitatif dilakukan menggunakan *NanoDrop™ 2000 Spectrophotometer* (ThermoFisherScientific, USA), sedangkan uji kualitatif dilakukan dengan teknik elektroforesis pada gel agarosa 1% dalam tangki berisi bufer 1x TAE (*Tris-acetate-EDTA*) dengan tegangan alat 90 volt selama 30 menit. Hasil elektroforesis kemudian diamati dibawah sinar UV dalam UV *Transilluminator* (UVP, UK).

Amplifikasi DNA dan elektroforesis

DNA diamplifikasi dengan marka mikrosatelit (Tabel 2) menggunakan mesin PCR (*Polymerase chain reaction*) T1 *Thermocycler* (Biometra, Germany). Amplifikasi dilakukan dalam total reaksi 10 µl yang mengandung 1 µl *template* DNA 10 ng, 5 µl *Kapa2G Fast ReadyMix* (Kapa Biosystems, USA), 10 µM primer *forward* dan *reverse* masing-masing sebanyak 0,5 µl dan 3 µl ddH₂O steril. Adapun program PCR yang digunakan yaitu denaturasi awal pada suhu 95 °C selama 3 menit, diikuti oleh 35 siklus proses denaturasi pada suhu 95 °C selama 15 detik, *annealing* (tahap penempelan primer) pada suhu 52 °C selama 15 detik, dan elongasi pada suhu 72 °C selama 15 detik. Reaksi PCR diakhiri dengan siklus final *extension* (tahap akhir perpanjangan basa) pada suhu 72 °C selama 1 menit. Hasil PCR kemudian dielektroforesis menggunakan gel poliakrilamid 8% pada tangki berisi bufer 1x TBE (Tris-Borate-EDTA) dengan tegangan 90 Volt selama 100 menit untuk analisis lebih lanjut.

Analisis data

Berdasarkan data morfologi kualitatif yang merupakan data sekunder yang diperoleh dari database *Germplasm Resources Information Network* (GRIN), *United States Department of Agriculture* (USDA) *database* (www.ars-grin.gov), dilakukan analisis multivariat untuk mendiskriminasi antar aksesi. Analisis komponen utama (*Principal Component Analysis*, PCA) dihitung untuk mengetahui seberapa besar suatu karakter berkontribusi terhadap keragaman sehingga hasilnya dapat digunakan untuk mengidentifikasi karakter yang menjadi ciri suatu aksesi yang diuji (Ofuape, Ococha, dan Njoku, 2015), sedangkan analisis koordinat utama (*Principal Coordinate Analysis*, PCoA) dilakukan untuk menggambarkan posisi relatif setiap individu aksesi (Shankar, Govindrao, Tukaram, dan More, 2009). Seluruh data deskripsi morfologi kualitatif terlebih dahulu dikonversi menjadi data kuantitatif berdasarkan penentuan nilai skor tertentu (Tabel 3). Baik analisis komponen utama maupun analisis koordinat utama dilakukan dengan bantuan prangkat lunak PAST V3.22 (Hammer, Harper, dan Ryan, 2001).

Tabel 1. Karakter morfologi kualitatif 45 aksesi kedelai introduksi yang digunakan dalam penelitian (www.ars-grin.gov). (*Qualitative morphological characters of 45 introduction soybean accessions used in this research (www.ars-grin.gov)*).

Nama aksesi (Accession name)	Warna(Color)			Tipe pertumbuhan (Growth Type)	Asal (Origin)
	Bunga(Flower)	Polong (Pod)	Kulit biji(Seed Coat)		
Early sunrise	Ungu	Coklat	Kuning	Indeterminate	South Dakota
Houjaku	Ungu	Coklat	Kuning	Determinate	Japan
kuwazu					
Suweon-97	Ungu	Coklat	Kuning	Determinate	Kyonggi
Johnston	Ungu	Tan	Kuning	Determinate	North Carolina
Lawrence	Ungu	Tan	Kuning	Indeterminate	Illinois
Flyer	Ungu	Tan	Kuning	Indeterminate	Ohio
GR-8836	Ungu	Tan	Kuning	Indeterminate	Ohio
D76-8070	Putih	Coklat	Kuning	Determinate	Mississippi
Sprite	Putih	Tan	Kuning	Determinate	Ohio
Ripley	Ungu	Tan	Kuning	Determinate	Ohio
Perrin	Ungu	Tan	Kuning	Determinate	South Carolina
Resnik	Ungu	Tan	Kuning	Indeterminate	Ohio
SS-202	Ungu	Coklat	Kuning	Indeterminate	Iowa
Hobbit	Putih	Tan	Kuning	Determinate	Ohio
Hoyt	Ungu	Tan	Kuning	Determinate	Ohio
Pixie	Ungu	Tan	Kuning	Determinate	Ohio
Gnome-85	Ungu	Tan	Kuning	Determinate	Ohio
Archer	Ungu	Tan	Kuning	Indeterminate	Iowa
L84-307	Ungu	Coklat	Kuning	Indeterminate	Illinois
Hartwig	Putih	Coklat	Hijau muda	Determinate	Missouri
Lee-74	Ungu	Tan	Kuning	Determinate	Mississippi
Cobb	Putih	Tan	Kuning	Determinate	Florida
Manchukota	Ungu	Coklat	Kuning	Semi-Determinate	China
Braxton	Ungu	Tan	Kuning	Determinate	Florida
Dowling	Putih	Tan	Kuning	Determinate	Texas
Brim	Putih	Coklat	Kuning	Determinate	North Carolina
LN 89-5612	Putih	Tan	Kuning	Indeterminate	Illinois
Sandusky	Ungu	Tan	Kuning	Indeterminate	Ohio
Lyon	Putih	Tan	Kuning	Determinate	Mississippi
HC-83193	Putih	Tan	Kuning	Determinate	-
Huang mao bai	Putih	Coklat	Kuning	Semi-Determinate	China
shui dou					
OT93-26	Ungu	Coklat	Kuning	Indeterminate	Korea Selatan
OT93-28	Ungu	Coklat	Kuning	Indeterminate	Korea Selatan
OT94-49	Ungu	Coklat	Kuning	Determinate	Korea Selatan
OT94-51	Ungu	Coklat	Kuning	Determinate	Korea Selatan
OT94-37	Ungu	Coklat	Kuning	Determinate	Korea Selatan
OT94-39	Ungu	Coklat	Kuning	Determinate	Korea Selatan
OT94-41	Ungu	Coklat	Kuning	Indeterminate	Korea Selatan
G939106	Putih	Tan	Kuning	Determinate	Georgia
G939223	Putih	Tan	Kuning	Determinate	Georgia
Savoy	Ungu	Tan	Kuning	Indeterminate	Illinois
Dwight	-	-	-	-	Illinois
TN494	-	-	-	-	Tennessee
Apollo	Ungu	Coklat	Kuning	Indeterminate	Michigan
Stout	Putih	Tan	Kuning	Determinate	Ohio

Tabel 2. Daftar primer mikrosatelite yang digunakan pada penelitian ini (*List of microsatellite primers used in this research*).

Lokus (<i>Locus</i>)	Forward	Reverse	Kromosom (<i>Chromosome</i>)	Motif (<i>Motif</i>)
Satt191	CGCGATCATGTCTCTG	GGGAGTTGGTGTTCCTTG	18	(TAT)19
Satt030	AAAAAGTGAACCAAGCC	TCTTAAATCTTATGTTGATGC	13	(ATA)21
Satt063	AAATGATTAACAATGTTATG AT	ACTTGCATCAGTTAATAACAA	14	(TAA)20
Satt045	TGGTTTCTACTTTCTATAATT ATT	ATGCCTCTCCCTCCT	15	(AAT)18
Satt197	CACTGCTTTCCCCCTCT	AAGATACCCCCAACATTATT GTAA	11	(ATT)20
Satt431	GCGTGGCACCCCTGATAAATA A	GCGCACGAAAGTTTCTGTA ACA	16	(AAT)21
Satt294	GCGGGTCAAATGCAAATTATT TTT	GCGCTCAGTGTGAAAGTTGTT TCTAT	4	(TAT)23
Satt147	CCATCCCTCCTCCAAATAGA T	CTTCCACACCCTAGTTAGTGA CAA	1	(ATA)15
Satt114	GGGTTATCCTCCCCAATA	ATATGGGATGATAAGGTGAAA	13	(AAT)17
Satt308	GCGTTAAGGTTGGCAGGGTG GAAGTG	GCGCAGCTTATACAAAAATC AACAA	7	(TTA)22

*Cregan et al. (1999)

Tabel 3. Kriteria skoring karakter morfologi kualitatif. (*Scoring criteria of qualitative morphological character*)

Karakter (<i>Character</i>)	Skor (<i>Score</i>)
Warna bunga	1 = putih, 2 = ungu
Warna polong	1 = tan, 2 = coklat
Warna kulit biji	1 = kuning, 2 = hijau muda
Tipe pertumbuhan	1 = determinate, 2 = indeterminate, 3 = semi-determinate

Analisis data molekuler dengan marka mikrosatelite dilakukan berdasarkan skoring terhadap pita DNA yang muncul pada hasil elektroforesis dengan gel poliakrilamida 8%. Pita DNA yang terlihat pada gel dianggap sebagai satu alel. Pita DNA dengan laju migrasi yang sama diasumsikan sebagai lokus yang homolog. Pada laju migrasi yang sama, setiap pita yang terlihat diberi skor 1 dan pita yang tidak terlihat diberi skor 0, sedangkan sampel yang tidak teramplifikasi diberikan skor 9 dan dianggap sebagai data hilang. Penentuan posisi pita DNA berdasarkan ukuran alel dilakukan dengan bantuan perangkat lunak *GelAnalyzer*. Data selanjutnya dianalisis dengan menggunakan program *Sequential Agglomerative Hierarchical and Nested-Unweighted Pair Group Method with Arithmetic* (SAHN-UPGMA) pada perangkat lunak *PowerMarker V 3.25* (Liu dan

Muse, 2005) dan *MEGA V 6* (Tamura, Stecher, Peterson, Filipski, dan Kumar, 2013). Hasil analisis disajikan dalam bentuk diagram filogeni. Data ukuran alel juga dianalisis dengan menggunakan *PowerMarker V3.25* (Liu dan Muse 2005) untuk mengetahui statistik nilai frekuensi alel utama, diversitas genetik, heterozigositas dan *Polymorphic Information Content* (PIC) yang dihasilkan oleh marka mikrosatelite. Nilai PIC diperoleh berdasarkan formulasi Hildebrand, Torney, dan Wagner (1992), yaitu:

$$\text{PIC}_j = 1 - \sum_{i=1}^n \text{Pi}^2$$

dengan PIC_j merupakan nilai PIC pada marka ke-j, Pi merupakan frekuensi alel ke-i pada marka ke-j, serta n merupakan jumlah alel pada marka ke-j.

HASIL

Keragaman karakter morfologi kualitatif

Analisis keragaman karakter morfologi kualitatif kedelai introduksi dilakukan menggunakan data sekunder hasil penelusuran dalam databaseUSDA (<http://www.ars-grin.gov/>). Data sekunder tersebut dapat digunakan untuk melengkapi data primer (Johnston, 2014) berupa hasil analisis dengan menggunakan marka molekuler. Karakter morfologi kualitatif yang diperolehdari basis data terdiri atas warna bunga, warna polong, warna kulit biji, serta tipe pertumbuhan tanaman 45 aksesi kedelai introduksi (Tabel 1). Empat karakter ini telah diidentifikasi pada total aksesi dalam database untuk studi ini. Namun terdapat dua aksesi kedelai asal Amerika Serikat yaitu Dwight yang berasal dari negara bagian Illinois dan TN494 yang berasal dari negara bagian TN494 yang tidak diketahui karakter morfologi kualitatifnya dalam basis data, sehingga tidak diikutkan dalam analisis data keragaman.

Berdasarkan data karakter morfologi kualitatif yang diperoleh, diketahui bahwa sebagian besar aksesi memiliki karakter bunga berwarna ungu dan warna polong coklat, sedangkan sebagian aksesi lainnya memiliki bunga berwarna putih dan warna polong tan. Hampir seluruh aksesi memiliki karakter warna kulit biji yang sama yaitu kuning, dan hanya satu aksesi yaitu Hartwig yang memiliki kulit biji berwarna hijau muda. Berdasarkan tipe pertumbuhannya, sebanyak 26 aksesi memiliki karakter tipe pertumbuhan *determinate* (tanaman berbunga hanya sekali dalam satu periode dan pertumbuhan pucuk batang terhenti saat tanaman telah berbunga), 15 aksesi memiliki karakter *indeterminate* (tanaman dapat berbunga lebih dari satu kali dalam satu periode dan pertumbuhan pucuk batang tidak terhenti meskipun tanaman telah berbunga), dan hanya 2 aksesi yang tipe pertumbuhannya semi-determinate(hasil persilangan dengan tipe pertumbuhan mirip *determinate*).

Hasil analisis komponen utama pada penelitian ini telah mereduksi karakter morfologi kualitatif 43 aksesi kedelai introduksi menjadi dua komponen utama yang memiliki eigenvalue >1 dan mampu menjelaskan keragaman total sebesar 66.28% (Gambar 1A). Komponen utama pertama dengan

eigenvalue sebesar 1,50 berkontribusi terhadap 37,51% keragaman total, sedangkan PC2 dengan eigenvalue sebesar 1,15 berkontribusi terhadap 17,88% keragaman total 43 aksesi kedelai introduksi (Tabel 4). Karakter morfologi kualitatif warna bunga, warna polong dan tipe pertumbuhan diketahui berkontribusi besar terhadap keragaman komponen utama pertama, sedangkan karakter warna kulit biji diketahui berkontribusi besar terhadap keragaman komponen utama kedua.

Analisis koordinat utama (PCoA) sangat berguna untuk menganalisis keragaman genetik antar aksesi plasma nutfah (Shankar *et al.*, 2009). Posisi relatif 43 aksesi kedelai introduksi pada ruang dua dimensi (Gambar 1B) yang diperoleh dari hasil analisis komponen utama telah memberikan peluang memperketat kegiatan seleksi tanaman. Secara umum, berdasarkan hasil analisis komponen utama, seluruh aksesi kedelai introduksi mengelompok menjadi menyebar dan cenderung tumpang tindih kedalam empat kuadran. Hal ini kemungkinan terjadi karena adanya kesamaan karakter morfologi kualitatif antar aksesi kedelai introduksi. Aksesi pada titik koordinat yang sama maupun berdekatan menunjukkan tingkat keragaman yang rendah terkait adanya kesamaan karakter (El-Hashash, 2016; Mahbub, Rahman, Hossain, Nahr, dan Shirazy, 2016; Vianna *et al.*, 2013).

Berdasarkan analisis korelasi Pearson, diketahui bahwa seluruh karakter morfologi kualitatif saling berkorelasi positif nyata kecuali antara warna kulit biji dan warna bunga (Tabel 5). Sementara karakter yang memiliki keterkaitan sangat dekat ditemukan antara karakter warna polong dengan warna bunga dengan nilai korelasi sebesar 0,297. Semakin tinggi nilai matriks korelasi Pearson, maka akan semakin dekat pula keterkaitan antara karakter morfologi kualitatif kedelai yang berkorelasi positif. Nilai korelasi positif berdasarkan 4 karakter morfologi kualitatif kedelai tersebut dapat mempermudah dalam optimalisasi perbaikan genetik kedelai melalui kegiatan persilangan serta introgresi karakter target yang dapat difokuskan pada karakter morfologi kualitatif polong, biji serta tipe pertumbuhan.

Profil marka mikrosatelite

Ringkasan profil 10 marka mikrosatelite yang digunakan pada penelitian ini disajikan pada Tabel 4. Berdasarkan hasil analisis, seluruh marka mikrosatelite tersebut mampu memperlihatkan polimorfisme pada 45 kedelai introduksi yang diuji (Gambar 2). Sebanyak 207 alel terdeteksi oleh 10 marka mikrosatelite yang digunakan. Rerata jumlah alel dari marka mikrosatelite hasil amplifikasi sebanyak 20 alel per marka dengan kisaran antara 9-27 alel per lokus. Jumlah alel yang terdeteksi pada penelitian ini masih lebih tinggi dibandingkan dengan hasil penelitian Nugroho, Terryana, dan Lestari (2017) yang mendeteksi 189 alel pada 35 aksesi kedelai introduksi berdasarkan 15 marka mikrosatelite, namun lebih rendah dibandingkan hasil penelitian Terryana *et al.* (2017) yang berhasil mendeteksi 226 alel pada 48 aksesi kedelai introduksi berdasarkan 15 marka mikrosatelite.

Sebanyak 207 alel terdeteksi oleh 10 marka mikrosatelite yang digunakan. Rerata jumlah alel dari marka mikrosatelite hasil amplifikasi sebanyak 20 alel per marka dengan kisaran antara 9-27 alel per lokus. Jumlah alel yang terdeteksi pada

penelitian ini masih lebih tinggi dibandingkan dengan hasil penelitian Nugroho, Terryana, dan Lestari (2017) yang mendeteksi 189 alel pada 35 aksesi kedelai introduksi berdasarkan 15 marka mikrosatelite, namun lebih rendah dibandingkan hasil penelitian Terryana *et al.* (2017) yang berhasil mendeteksi 226 alel pada 48 aksesi kedelai introduksi berdasarkan 15 marka mikrosatelite.

Rerata frekuensi alel utama yang diperoleh sebesar 8% dengan nilai terendah sebesar 4% pada marka Satt191 dan nilai tertinggi sebesar 13% pada marka Satt147. Sementara itu, Nugroho, Terryana, dan Lestari (2017) memperoleh kisaran frekuensi alel utama yang lebih besar yaitu antara 8-39%. Seluruh marka mikrosatelite mampu mendiskriminasi alel heterozigot pada 45 aksesi kedelai introduksi dengan nilai heterozigositas berkisar antara 0,02 (Satt045) hingga 0,97 (Satt197 dan Satt147). Nilai diversitas gen yang menunjukkan tingkat keragaman genetik dalam suatu populasi berkisar dari 0,93 (Satt045 dan Satt147) hingga 0,97 (Satt191, Satt197 dan Satt431) dengan rerata 0,95. Kisaran nilai diversitas hasil penelitian ini lebih tinggi dibandingkan

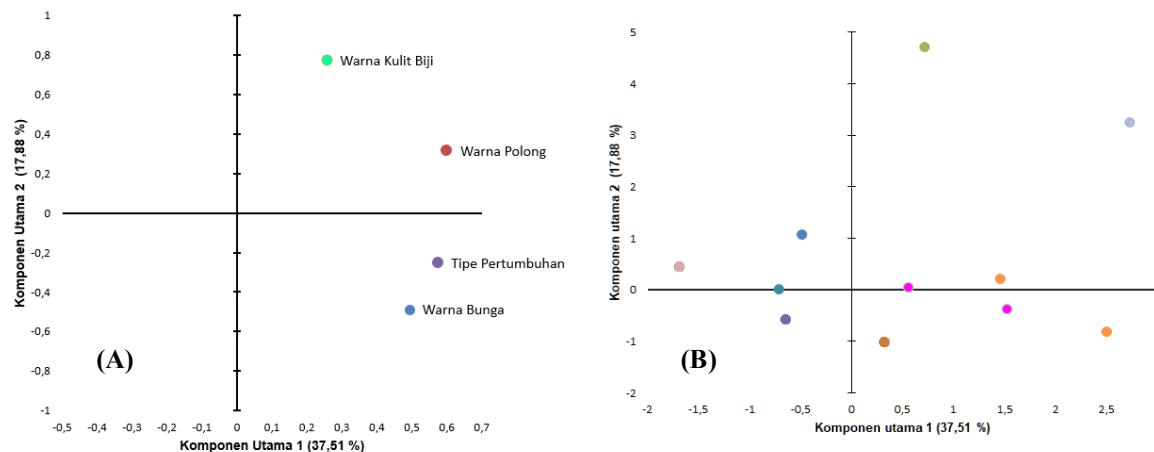
Tabel 4. Analisis komponen utama 43 aksesi kedelai introduksi berdasarkan 4 karakter morfologi kualitatif. (*Principal component analysis of 43 introduced soybean accessions based on 4 qualitative morphological characters*)

Karakter kualitatif (<i>Qualitative character</i>)	PC1	PC2
Warna bunga	0,49	-0,48
Warna polong	0,60	0,31
Warna kulit biji	0,25	0,77
Tipe pertumbuhan	0,57	-0,25

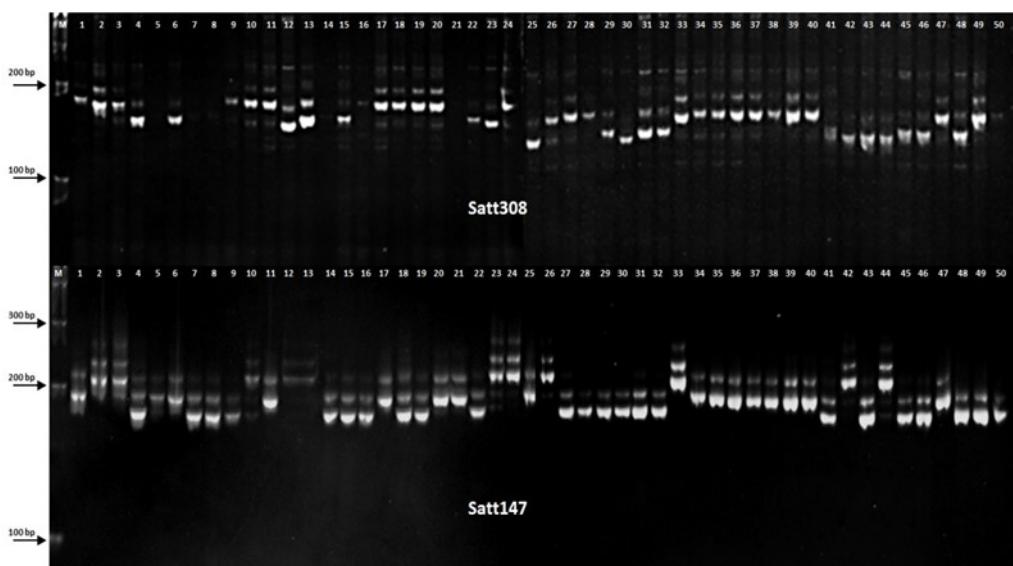
Tabel 5. Matriks korelasi Pearson 4 karakter morfologi kualitatif (*Pearson's correlation matrix of 4 qualitative morphological characters*)

Karakter kualitatif (<i>Qualitative character</i>)	Warna bunga (<i>Flower color</i>)	Warna polong (<i>Pod color</i>)	Warna kulit biji (<i>Seed coat color</i>)
Warna polong	0,297		
Warna kulit biji	-0,082	0,260	
Tipe pertumbuhan	0,261	0,246	0,222

Angka yang bercetak tebal berkorelasi positif dan berbeda nyata pada taraf 5%



Gambar 1. Pola distribusi keragaman karakter morfologi kualitatif hasil analisis komponen utama 43 aksesi kedelai introduksi (A), dan posisi relatif 43 aksesi kedelai introduksi berdasarkan karakter morfologi kualitatif (perbedaan warna menggambarkan asal negara/negara bagian yang berbeda) (B). *(The distribution pattern of qualitative morphological characters diversity of 43 introduced soybean accessions resulted from principal component analysis (A), and relative position of 43 introduced soybean accessions based on qualitative morphological characters (colour differences represent different countries/states) (B).*



Gambar 2. Pola pita DNA hasil elektroforesis dengan menggunakan marka Satt308 dan Satt147 yang dipisahkan menggunakan gel poliakrilamid 8%. M=100 bp DNA ladder. *(DNA band pattern resulted from electrophoresis using Satt308 and Satt147 separated by 8% polyacrylamide gel. M=100 bp DNA ladder).*

Tabel 4. Karakter 10 marka mikrosatelit berdasarkan 45 akses kedelai introduksi. (*Characteristic of 10 microsatellite markers based on 45 introduced soybean accessions*).

Marka mikrosatelit (<i>Microsatellite markers</i>)	Na	Af	Gd	He	PIC
Satt191	24	0,04	0,97	0,88	0,96
Satt030	22	0,11	0,96	0,67	0,96
Satt063	21	0,08	0,95	0,80	0,95
Satt045	9	0,12	0,93	0,02	0,93
Satt197	27	0,04	0,97	0,97	0,97
Satt431	23	0,05	0,97	0,86	0,97
Satt294	23	0,06	0,96	0,31	0,96
Satt147	17	0,13	0,93	0,97	0,92
Satt114	23	0,10	0,95	0,32	0,95
Satt308	18	0,06	0,96	0,76	0,96
Jumlah	207				
Rerata	20,7	0,08	0,95	0,66	0,95

Na = jumlah alel, Af = frekuensi alel utama, Gd = diversitas gen, He = heterozigositas, PIC = tingkat polimorfisme marka. (*Na = alleles per locus, Af = major allele frequency, Gd = gene diversity, He = heterozygosity, PIC = polymorphic information content*

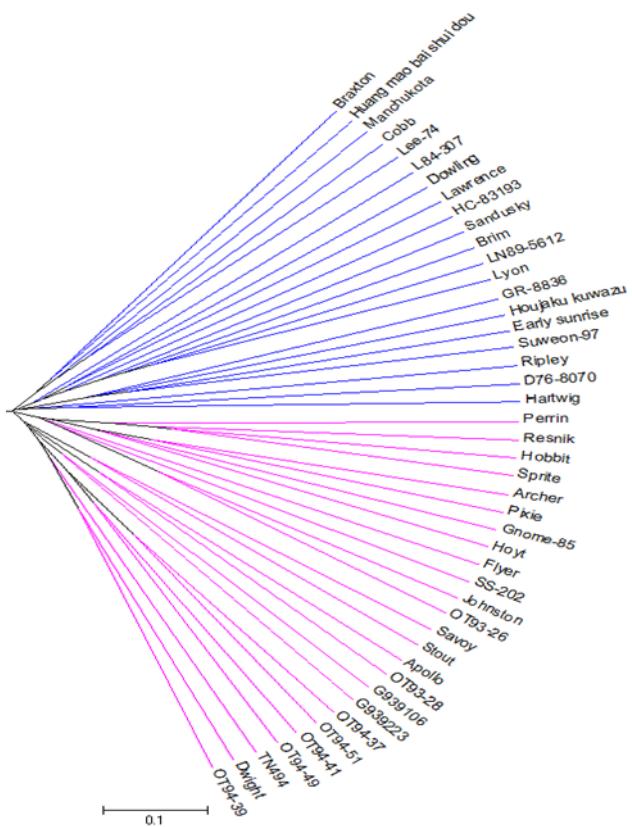
dengan hasil penelitian Bisen *et al.* (2014) dengan kisaran nilai diversitas gen antara 0,05 hingga 0,58, namun sebanding dengan hasil penelitian Terryana *et al.* (2017) dengan kisaran nilai diversitas gen antara 0,85 hingga 0,92.

Nilai PIC didefinisikan sebagai cerminan tingkat polimorfisme marka molekuler yang digunakan. Kriteria nilai PIC menurut Botstein *et al.* (1980) yaitu sangat informatif ($\text{PIC} > 0,5$), sedang ($0,5 > \text{PIC} > 0,25$) dan kurang informatif ($\text{IC} < 0,25$). Hildebrand, Torney, dan Wagner (1992), memberikan batasan kriteria yang berbeda dan lebih tinggi yaitu sangat informatif untuk $\text{PIC} > 0,7$ dan sedang pada kisaran $\text{PIC} 0,4-0,7$. Adapun nilai PIC yang diperoleh pada penelitian ini lebih tinggi dibandingkan hasil penelitian Terryana *et al.* (2017), Nugroho, Terryana, dan Lestari (2017), dan Lestari *et al.* (2016). Tingginya nilai rerata PIC juga merupakan petunjuk tingginya keragaman genetik plasma nutfah yang diuji (Yu *et al.*, 2003). Seluruh marka mikrosatelit yang digunakan dalam penelitian ini memiliki nilai $\text{PIC} > 0,5$ bahkan lebih dari 0,7, sehingga berdasarkan kriteria yang dibuat oleh Botstein *et al.* (1980) dan Hildebrand, Torney, dan Wagner (1992) keseluruhan marka mikrosatelit tersebut dikategorikan sebagai marka yang sangat informatif

untuk karakterisasi aksesi kedelai kedepannya karena menghasilkan tingkat variasi alel yang tinggi.

Analisis filogenetik

Analisis filogenetik bertujuan untuk mengidentifikasi jarak genetik antar aksesi plasma nutfah Utami *et al.* (2011). Hasil analisis filogenetik berdasarkan marka mikrosatelit menunjukkan pengelompokan 45 aksesi kedelai introduksi menjadi dua kelompok utama (Gambar 2). Kelompok pertama terdiri atas 20 aksesi kedelai (Braxton, Huang mao bai shui dou, Manchukota, Cobb, Lee-74, L84-307, Dowling, Lawrence, HC-83193, Sandusky, Brim, LN89-5612, Lyon, GR-8836, Houjamu kuwazu, Early sunrise, Suweon-97, Ripley, D76-8070 dan Hartwig) dan kelompok kedua terdiri atas 25 aksesi kedelai (Perrin, Resnik, Hobbit, Sprite, Archer, Pixie, Gnome-85, Hoyt, Flyer, SS-202, Johnston, OT93-26, Savoy, Stout, Apollo, OT93-28, G939106, G939223, OT94-37, OT94-51, OT94-41, OT94-49, TN494, Dwight dan OT94-39). Kedua kelompok utama tersebut menggambarkan tingkat kekerabatan yang jauh di antara kedua kelompok aksesi kedelai introduksi, namun secara genetik aksesi yang berada dalam kelompok yang sama lebih dekat jarak



Gambar 2. Dendogram 45 aksesori kedelai introduksi berdasarkan 10 marka mikrosatelit (perbedaan warna menggambarkan perbedaan kelompok). (*Dendogram of 45 introduced soybean accessions based on 10 microsatellite markers (different colour represent a different group).*)

kekerabatannya. Berdasarkan hasil analisis filogenetik, seluruh aksesori kedelai yang berasal dari Korea Selatan berada dalam kelompok yang sama, namun berbeda kelompok dengan aksesori kedelai asal Cina dan Jepang. Sedangkan aksesori kedelai asal Amerika Serikat sebagian besar belum dapat mengelompok berdasarkan wilayah negara bagiannya.

PEMBAHASAN

Keragaman genetik plasma nutfah merupakan landasan penting dalam pemuliaan tanaman khususnya perakitan varietas unggul serta sebagai komponen utama dari strategi proteksi dan konservasi plasma nutfah (Thomson *et al.*, 2007; Tilahun, Paramaguru, dan Bapu, 2013; Yuzbaidulu, Ozcan, dan Acik, 2006). Informasi terkait keragaman genetik serta hubungan kekerabatan antar aksesori plasma nutfah sangat bermanfaat dalam

memahami ketersediaan variabilitas genetik dan potensinya dalam pemuliaan tanaman (Kuswandi, Sobir, dan Suwarno, 2014). Marka morfologi maupun molekuler merupakan alat bantu dalam karakterisasi aksesori plasma nutfah guna memperoleh informasi keragaman genetik. Karakterisasi menggunakan marka morfologi dapat menjadi langkah awal yang memegang peranan penting dalam proses identifikasi aksesori tanaman (Wardiana, Towaha, dan Syafaruddin, 2017).

Hasil analisis berdasarkan karakter morfologi kualitatif menunjukkan adanya keragaman warna bunga, warna polong, warna kulit biji serta tipe pertumbuhan pada 43 aksesori kedelai introduksi yang tidak spesifik berdasarkan asal negara atau negara bagian. Gupta *et al.* (2010) serta Ramteke dan Murlidharan (2012) dalam penelitiannya menyatakan bahwa karakter warna bunga, warna polong dan warna kulit biji merupakan karakter

morfologi kualitatif pada kedelai yang kurang dipengaruhi kondisi lingkungan tumbuh sehingga paling stabil meskipun berada di wilayah agroklimat yang berbeda. Pigmentasi warna bunga pada kedelai diketahui dikontrol oleh lokus gen W1, W4 dan Wp (Yang *et al.*, 2010), sedangkan warna kulit biji diketahui dikendalikan secara epistasi oleh alel I, T, W1, R dan O (Palmer, Pfeiffer, Buss, dan Kilen, 2004). Selain itu karakter warna bunga, warna polong dan warna kulit biji menggambarkan potensi tanaman yang secara genetik tentunya berkontribusi dalam penentuan keragaman tanaman secara morfologis (Corte, Moda-Cirino, Arias, de Toledo, dan Destro, 2010).

Analisis komponen utama merupakan metode analisis yang efektif dan sangat berguna untuk mengetahui karakter morfologi yang berkontribusi terhadap keragaman genetik pada suatu populasi (Malek, Rafii, Shahida Sharmin Afroz, Nath, dan Mondal, 2014; S Wang, Zhang, He, Lu, dan Yang, 2013; Yan, Maoying, Wenyu, Weiguo, dan Taiwen, 2011). Sebanyak empat karakter morfologi kualitatif kedelai pada penelitian ini telah tereduksi menjadi dua komponen utama berdasarkan hasil analisis komponen utama dengan akumulasi kontribusi terhadap keragaman total 43 aksesi kedelai introduksi sebesar 55,39%. Komponen utama pertama yang merefleksikan karakter warna bunga, warna polong dan tipe pertumbuhan, berkontribusi sebesar 37,51% terhadap keragaman total, sehingga mengindikasikan potensi ketiga karakter tersebut sebagai pembeda antar aksesi atau varietas kedelai.

Selain analisis komponen utama, analisis koordinat utama digunakan untuk identifikasi keragaman genetik antar aksesi tanaman berdasarkan kemiripan karakter melalui penyederhanaan dimensi yang diperoleh dari hasil analisis komponen utama (Kristamtini, Taryono, Basunanda, dan Murti, 2014; Shankar *et al.*, 2009). Analisis koordinat utama untuk studi keragaman genetik kedelai berdasarkan karakter morfologi kualitatif telah dilakukan sebelumnya oleh Kachare *et al.* (2019) yang menganalisis keragaman genetik 45 genotipe kedelai berdasarkan delapan karakter kualitatif yaitu bentuk daun, warna daun, ukuran daun, tipe pertumbuhan tanaman, warna hilum, warna bunga, warna trikom, warna polong dan

warna kulit biji. Berdasarkan hasil analisis koordinat utama, seluruh aksesi kedelai introduksi menyebar dan tumpang tindih kedalam empat kuadran. Aksesi aksesi yang terletak pada titik koordinat yang berdekatan diduga memiliki jarak genetik yang dekat karena adanya kemiripan karakter sehingga keragaman genetiknya cukup rendah (Mahbub *et al.*, 2016). Aksesi pada posisi yang berdekatan dapat dijadikan tetua persilangan agar diperoleh hasil segregasi pada lingkungan tertentu, namun aksesi yang berasal dari kelompok yang berbeda dapat pula dijadikan tetua persilangan guna memperluas tingkat keragaman genetik (Kumar, Pandey, Aochen, dan Pattanayak, 2015; Mahbub *et al.*, 2016; Suhartina, Hapsari, dan Purwantoro., 2016).

Untuk meningkatkan presisi hasil analisis keragaman genetik yang diperoleh berdasarkan karakter morfologi, maka perlu dilengkapi pula dengan penggunaan marka molekuler yang telah diketahui lebih efektif, stabil dan meyakinkan dalam mendiskriminasi individu tanaman karena tidak dipengaruhi oleh faktor lingkungan (Reflinur, Lestari, dan Lee, 2016; Santoso *et al.*, 2006). Sebanyak 10 marka mikrosatelite pada penelitian ini digunakan untuk menganalisis keragaman genetik 45 aksesi kedelai introduksi. Adapun nilai PIC marka mikrosatelite sangat penting diketahui karena marka molekuler yang polimorfis antar individu aksesi adalah lebih baik dibandingkan marka molekuler yang bersifat monomorfis sehingga tidak dapat membedakan antar individu aksesi atau varietas (Rohaeni, Susanto, Yunani, Usyati, dan Satoto, 2016). Nilai PIC juga menggambarkan diversitas dan frekuensi alel, sehingga terdapat kecenderungan semakin tinggi nilai PIC maka akan semakin banyak alel yang terdeteksi (Yu *et al.*, 2003). Berdasarkan hasil analisis PIC, seluruh marka mikrosatelite yang digunakan pada penelitian ini menghasilkan nilai PIC lebih besar dari 0,7 dengan kisaran antara 0,92 hingga 0,97 sehingga berdasarkan kriteria Botstein *et al.* (1980), keseluruhan marka mikrosatelite tersebut bersifat sangat informatif karena menghasilkan tingkat variasi alel yang tinggi sehingga mampu mendeteksi polimorfisme pada populasi 45 aksesi kedelai introduksi sebesar 92-97%. Keseluruhan

marka mikrosatelite yang bersifat informatif tersebut selanjutnya dapat bermanfaat untuk digunakan lebih lanjut dalam membedakan aksesi kedelai di kedepannya. Chung, Moon dan Cho (2006) dalam penelitiannya telah berhasil mendiskriminasikan 82 dari 91 aksesi kedelai yang tidak dapat dibedakan karakter morfologisnya dengan menggunakan lima marka SSR yaitu Sat043, Sat_022, Sat_036, Sat_088, dan Satt045, selain itu Hwang *et al.* (2020) juga telah berhasil mendiskriminasi 172 aksesi kedelai dengan menggunakan enam marka SSR (Sat_076, Sat_417, Sat_043, Satt197, Satt434, dan Satt179) yang bersifat informatif dengan nilai PIC lebih besar dari 0,8.

Hasil analisis filogenetik berdasarkan marka mikrosatelite menunjukkan pengelompokan 45 aksesi kedelai introduksi menjadi dua kelompok utama. Perbedaan kelompok utama tersebut menggambarkan tingkat kekerabatan yang jauh diantara kedua kelompok aksesi kedelai introduksi, sedangkan secara genetik aksesi kedelai introduksi yang berada dalam kelompok yang sama lebih dekat jarak kekerabatannya(Mustofa, Budiarso, dan Samdas, 2013). Berdasarkan hasil analisis filogenetik,sebagian besar aksesi kedelai introduksi asal Korea Selatan berada dalam kelompok yang sama, namun berbeda kelompok dengan seluruh aksesi kedelai asal Cina dan Jepang meskipun sama-sama berasal dari benua Asia.Seluruh aksesi kedelai asal Cina dan Jepang berada pada kelompok kedua. Sedangkan aksesi kedelai yang berasal dari Amerika Serikat tersebar dalam dua kelompok namun tidak selalu berdasarkan dengan asal negara bagiannya, kecuali aksesi asal negara bagian Mississippi yaitu D76-8070, Lee-74 dan Lyon yang seluruhnya berada pada kelompok pertama, serta aksesi asal negara bagian Iowa (SS-202 dan Archer) dan aksesi asal negara bagian Georgia (G939106 dan G939223) yang berada pada kelompok kedua. Hal tersebut menunjukkan bahwa marka mikrosatelite yang digunakan dalam penelitian ini belum relatif mampu mengelompokkan aksesi berdasarkan asal negara atau negara bagiannya.

Hasil karakterisasi molekuler akan sangat membantu dalam efisiensi program pemuliaan seleksi tanaman kedelai (Chauhan *et al.*, 2015).

Hasil pengelompokan aksesi kedelai introduksi menggunakan 10 marka mikrosatelite tersebut sesuai dengan data karakter morfologis yang diperoleh, misalnya seluruh aksesi asal Korea Selatan memiliki kesamaan karakter warna bunga, warna polong dan warna kulit biji serta sebagian besar aksesi asal negara bagian Ohio memiliki kesamaan karakter warna bunga, warna polong dan warna biji. Aksesi asal Korea Selatan yaitu OT93-28 dan OT94-41 diduga memiliki hubungan kekerabatan yang sangat dekat dengan persentase kesamaan genetik hingga 98,6%. Oleh karena itu kedua pasang aksesi tersebut tidak disarankan untuk dijadikan tetua persilangan karena dapat menyebabkan terjadinya fenomena *inbreeding depression*. Kedelai merupakan tanaman menyerbuk sendiri sehingga penyerbukan sendiri secara terus menerus dapat meningkatkan kemungkinan terjadinya penurunan nilai karakter akibat penggabungan gen yang sama sehingga genotipe yang dihasilkan akan semakin homozigot (Furstenau dan Cartwright 2017). Apabila gen tersebut merupakan gen resesif yang mengendalikan sifat kurang baik, maka dalam kondisi homozigot sifat tersebut akan muncul dan mendorong terjadinya *inbreeding depression* (Charlesworth dan Willis, 2009). Fenomena tersebut dapat diminimalkan dengan penyerbukan silang antar tetua persilangan yang memiliki hubungan kekerabatan cukup jauh.

Berdasarkan hasil analisis, tidak terdapat kesesuaian antara pengelompokan aksesi kedelai introduksi berdasarkan karakter morfologis hasil analisis koordinat utama dan pengelompokan berdasarkan marka mikrosatelite hasil analisis filogenetik dalam penelitian ini. Hasil yang diperoleh dalam penelitian ini tidak sejalan dengan penelitian Nugroho, Terryana dan Lestari (2017), Sulistyo *et al.* (2019) maupun Terryana *et al.* (2017) yang memperoleh kesesuaian hasil antara analisis pengelompokan aksesi kedelai introduksi berdasarkan karakter morfologi dan analisis pengelompokan berdasarkan marka mikrosatelite. Ketidaksesuaian tersebut diduga disebabkan karena perbedaan marka mikrosatelite serta aksesi kedelai yang digunakan serta perbedaan karakter morfologi kualitatif yang diuji. Meskipun demikian, hasil

pengelompokan berdasarkan marka mikrosatelite dapat menjadi informasi awal yang penting dalam program pemuliaan kedelai serta menjadi pendukung hasil karakterisasi secara morfologi.

KESIMPULAN

Keragaman genetik aksesi kedelai introduksi dari wilayah subtropis berdasarkan karakter morfologi dan molekuler menggunakan marka mikrosatelite termasuk dalam kategori sedang. Analisis komponen utama telah menghasilkan dua komponen utama dengan akumulasi kontribusi karakter morfologi kualitatif terhadap keragaman total sebesar 55,39%. Karakter warna bunga, warna polong dan tipe pertumbuhan merupakan karakter morfologi kualitatif yang berkontribusi signifikan terhadap keragaman total. Analisis keragaman genetik berdasarkan 10 marka mikrosatelite menunjukkan dua pengelompokan utama namun belum berdasarkan asal negara atau negara bagiannya melainkan latar belakang genetik dengan karakter morfologi kualitatif tertentu. Kelompok utama pertama terdiri atas 20 aksesi dan kelompok utama kedua terdiri atas 25 aksesi. Seluruh marka mikrosatelite yang digunakan menunjukkan tingkat polimorfisme yang tinggi sehingga dapat dimanfaatkan untuk studi keragaman genetik yang merupakan kunci utama dalam program pemuliaan kedelai.

UCAPAN TERIMA KASIH

Penulis menyampaikan terima kasih kepada Meddy Saputra atas bantuan teknis di laboratorium selama penelitian.

DAFTAR PUSTAKA

- Asadi, 2014. Pendayagunaan kedelai introduksi dalam perbaikan varietas. *Warta Biogen*, 10(1), pp. 8–10.
- Bisen, A., Khare, D., Nair, P. and Tripathi, N., 2014. SSR analysis of 38 genotypes of soybean (Glycine Max (L.) Merr.) genetic diversity in India. *Physiology and Molecular Biology of Plants*, 21(1), pp. 109–115. <https://doi.org/10.1007/s12298-014-0269-8>.
- 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.
- Chaerani, C., Hidayatun, N. and Utami, D. W., 2011. Keragaman genetik 50 aksesi plasma nutnfah kedelai berdasarkan sepuluh penanda mikrosatelite. *Jurnal AgroBiogen*, 7(2), pp. 96–105. <https://doi.org/10.21082/jbio.v7n2.2011.p96-105>.
- Charlesworth, D. and Willis, J. H., 2009. The genetics of inbreeding depression. *Nature Reviews Genetics*, 10(11), pp. 783–796. <https://doi.org/10.1038/nrg2664>.
- Chauhan, D. K., Bhat, J. A., Thakur, A. K., Kumari, S., Hussain, Z. and Satyawathi, C. T., 2015. Molecular characterization and genetic diversity assessment in soybean (Glycine max (L.) Merr.) varieties using SSR markers. *Indian Journal of Biotechnology*, 14, pp. 504–510.
- Chung, J., Moon, J. and Cho, Y., 2006. Discrimination of Korean soybean cultivars by SSR markers. *Korean Journal of Crop Science*, 51(7), pp. 658–668.
- Corte, A. D., Moda-Cirino, V., Arias, C., de Toledo, J. and Destro, D., 2010. Genetic analysis of seed morphological traits and its correlations with grain yield in common bean. *Brazilian Archives of Biology and Technology*, 53 (2), pp. 27–34.
- Cregan, P., Jarvik, T., Bush, A., Shoemaker, R., Lark, K., Kahler, A. and Specht, J., 1999. An integrated genetic linkage map of the soybean. *Crop Science*, 39, pp. 1464–1490.
- Dawei, X., Chen, J., Sun, J., Wang, H., Jiang, G., Hu, C. and Liu, Q., 2012. Identification and characterization of SSRs from soybean (Glycine max) ESTs. *Molecular Biology Reports*, 39(9), pp. 9047–9057. <https://doi.org/10.1007/s1033-012-1776-8>.
- El-Hashash, E., 2016. Genetic diversity of soybean yield based on cluster and principal component analyses. *Journal of Advances in Biology & Biotechnology*, 10(3), 1–9. <https://doi.org/10.9734/jabb/2016/29127>.
- Furstenu, T. N. and Cartwright, R. A., 2017. The impact of self-incompatibility systems on the prevention of biparental inbreeding. *PeerJ*, 5(e4085), pp. 1–21. <https://doi.org/10.7717/peerj.4085>.
- Gupta, A., Mahajan, V., Khati, P. and Srivastava, A., 2010. Distinctness in Indian soybean (Glycine max) varieties using DUS characters. *Indian Journal of Agricultural Sciences*, 80(12), pp. 1081–1084.
- Hammer, Ø., Harper, D.A.T. and Ryan, P.D., 2001. PAST: Paleontological statistics software package for education and data analysis. *Palaeontologia Electronica*, 4(1), pp. 1–9.
- Hermano, Sadikin, D. and Hikmat, E., 2009. *Deskripsi Varietas Unggul Palawija 1918–2009*. Bogor: Pusat Penelitian dan Pengembangan Tanaman Pangan.
- Hidayatullah, A. F., Zubaidah, S. and Kuswantoro, H., 2017. Karakter morfologi polong galur kedelai hasil persilangan varietas introduksi dari Korea dengan varietas Indonesia. In *Prosiding Seminar Pendidikan IPA Pascasarjana UM* 2, pp. 381–389.
- Hildebrand, C.E., Torney, D.C. and Wagner, R.P., 1992. Informativeness of polymorphic DNA markers. *Los Alamos Science*, 30. Retrieved from <https://fas.org/sgp/othergov/doe/lanl/pubs/00326695.pdf>.
- Hwang, T.Y., Gwak, B.S., Sung, J. and Kim, H.S., 2020. Genetic diversity patterns and discrimination of 172 korean soybean (Glycine max (L.) merrill) varieties based on SSR analysis. *Agriculture*, 10(3). <https://doi.org/10.3390/agriculture10030077>.
- Hymowitz, T., 1970. On the domestication of the soybean. *Econ. Bot*, 23, pp. 408–421.
- Johnston, M.P., 2014. Secondary data analysis: A method of which the time has come. *Qualitative and Quantitative Methods in Libraries*, 3, pp. 619–626.
- Kachare, S., Tiwari, S., Tripathi, N. and Thakur, V.V., 2019. Assessment of genetic diversity of soybean (Glycine max) genotypes using qualitative traits and microsatellite markers. *Agricultural Research*, 9, pp. 23–34.
- Kementerian Pertanian Direktorat Jenderal Tanaman Pangan. 2016. Data produksi padi, jagung, kedelai 2015 naik dibandingkan tahun 2014. Retrieved February 8, 2020, from <http://tanamanpangan.pertanian.go.id/berita/123>.
- Kristamini, Taryono, Basunanda, P. and Murti, R.H., 2014. Keragaman genetik kultivar padi beras hitam lokal

- berdasarkan penanda mikrosatellit. *Jurnal AgroBiogen*, 10(2), pp. 69–76. <https://doi.org/10.21082/jbio.v10n2.2014.p69-76>.
- Kumar, A., Pandey, A., Aochen, C. and Pattanayak, A., 2015. Evaluation of genetic diversity and interrelationships of agro-morphological characters in soybean (*Glycine max*) genotypes. *Proceedings of the National Academy of Sciences, India Section B: Biological Sciences*, 85(2), pp. 397–405. <https://doi.org/10.1007/s40011-014-0356-1>.
- Kumawat, G., Singh, G., Gireesh, C., Shivakumar, M., Arya, M., Agarwal, D.K. and Husain, S.M., 2014. Molecular characterization and genetic diversity analysis of soybean (*Glycine max* (L.) Merr.) germplasm accessions in India. *Physiology and Molecular Biology of Plants*, 21(1), pp. 101–107. <https://doi.org/10.1007/s12298-014-0266-y>.
- Kuswandi, Sobir, and Suwarno, W., 2014. Keragaman genetik plasma nutfah rambutan di Indonesia berdasarkan karakter morfologi (genetic variation of rambutan germplasm in Indonesia based on morphological characters). *Jurnal Hortikultura*, 24(4), pp. 289–298.
- Lestari, P., Nugroho, K., Terryana, R.T., Sustiprijatno, Mastur, Cahyono, A.A. and Saptadi, D., 2019. Assessment of genetic variability in introduced and Indonesian soybean genotypes using morphological and SNAP markers. *Journal of Advanced Agricultural Technologies*, 6(1), pp. 1–8. <https://doi.org/10.18178/jaat.6.1.1-8>.
- Lestari, P., Risliawati, A., Utami, D.W., Hidayatun, N., Santoso, T.J. and Chaerani, 2016. Pengembangan identitas spesifik berbasis marka SSR pada 29 varietas kedelai lokal Indonesia. *Jurnal Biologi Indonesia*, 12(2), pp. 219–230.
- Liu, K. and Muse, S.V., 2005. PowerMarker: An integrated analysis environment for genetic marker analysis. *Bioinformatics*, 21(9), pp. 2128–2129. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bti282>.
- Mahbub, M.M., Rahman, M.M., Hossain, M.S., Nahr, L. and Shirazy, B.J., 2016. Morphophysiological variation in soybean (*Glycine max* (L.) Merrill). *American-Eurasian Journal of Agriculture and Environmental Sciences*, 16(2), pp. 234–238. <https://doi.org/10.5829/idosiaejaes.2016.16.2.12687>.
- Malek, M.A., Rafii, M.Y., Shahida Sharmin Afroz, M., Nath, U. K. and Mondal, M.M.A., 2014. Morphological characterization and assessment of genetic variability, character association, and divergence in soybean mutants. *Scientific World Journal*. <https://doi.org/10.1155/2014/968796>.
- Moeljopawiro, S., 2010. Marka mikrosatellit sebagai alternatif uji BUSS dalam perlindungan varietas tanaman padi. *Buletin Plasma Nutfah*, 16(1), pp. 1–7.
- Mustofa, Z., Budarsa, I. M. and Samdas, G., 2013. Variasi genetik jagung (*Zea mays* L.) berdasarkan karakter fenotipik tongkol jagung yang dibudidaya di desa Jono Oge. *E-Jipbiol*, 1, pp. 33–41.
- Nugroho, K., Terryana, R.T., and Lestari, P., 2017. Analisis keragaman genetik kedelai introduksi menggunakan marka mikrosatellit. *Informatika Pertanian*, 26(2), pp. 121–132.
- Ofuape, S.O., Ococha, P.I., and Njoku, D., 2015. Multivariate assessment of the agromorphological variability and yield components among sweetpotato (*Ipomoea batatas* (L.) Lam) landraces. *African Journal of Plant Sciences*, 5(2), pp. 123–132. <https://doi.org/10.1007/s10722-015-0229-3>.
- Palmer, R., Pfeiffer, T., Buss, G. and Kilen, T., 2004. Qualitative genetics. In H. Boerma & J. Specht (Eds.), *Soybeans: improvement, production, and uses* (pp. 137–214). Madison (WI): ASA, CSSA, and SSA.
- Ramteke, R. and Murlidharan, P., 2012. Characterization of soybean (*Glycine max*) varieties as per DUS guidelines. *Indian Journal of Agricultural Sciences*, 82(7), pp. 572–577.
- Reflinur, Lestari, P. and Lee, S.-H., 2016. The potential use of SSR markers to support the morphological identification of indonesian mungbean varieties. *Indonesian Journal of Agricultural Science*, 17(2), pp. 65–74.
- Risliawati, A., Riyanti, E.I., Lestari, P., Utami, D.W. and Silitonga, T.S., 2015. Development of SSR marker set to identify fourty two Indonesian soybean varieties. *AgroBiogen*, 11(2), pp. 49–58.
- Rohaeni, W.R., Susanto, U., Yunani, N., Usyati, N. and Satoto. 2016. Kekerabatan beberapa akses padi lokal tahan hama penyakit berdasarkan analisis polimorfisme marka SSR. *AgroBiogen*, 12(2), pp. 81–90.
- Santoso, T.J., Utami, D.W. and Septiningsih, E.M., 2006. Analisis sidik jari DNA plasma nutfah kedelai menggunakan markah SSR. *Jurnal AgroBiogen*, 2(1), pp. 1–7. <https://doi.org/10.21082/jbio.v2n1.2006.p1-7>
- Shankar, R., Govindrao, B., Tukaram, B. and More, A. 2009. Diversity analysis of bitter gourd (*Momordica charantia* L.) germplasm from tribal belts of India. *The Asian and Australasian Journal of Plant Science and Biotechnology*, 3(1), pp. 21–25.
- Suhartina, Hapsari, R.T. and Purwantoro. 2016. Keragaman karakter morfo-agronomis (diversity of soybean germplasm based on morpho-agronomical characters). *Buletin Plasma Nutfah*, 22(2), pp. 109–118.
- Sulistyo, A., Indriani, F.C., Mejaya, M.J., Sugiharto, A.N. and Agranoff, J., 2019. Genetic diversity of Indonesian soybean (*Glycine max* L. Merrill) germplasm based on morphological and microsatellite markers. In *IOP Conference Series: Earth and Environmental Science* 293, <https://doi.org/10.1088/1755-1315/293/1/012006>
- Surahman, M., Santosa, E. and Nisyah, 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(November 2008), pp. 256–264.
- Susanto, G.W.A.S. and Nugrahaeni, N., 2017. Pengenalan dan karakteristik varietas unggul kedelai. In *Bunga Rampai: Teknik Produksi Benih Kedelai* (pp. 17–28). IAARD Press. Retrieved from <http://balitkabi.litbang-pertanian.go.id/publikasi/monografi/bunga-rampai-teknik-produksi-benih-kedelai/>
- Tamura, K., Stecher, G., Peterson, D., Filipski, A. and Kumar, S., 2013. MEGA6: molecular evolutionary genetics analysis version 6.0. *Molecular Biology and Evolution*, 30(12), pp. 2725–2729.
- Tantasawat, P., Trongchuen, J., Prajongjai, T., Jenweerawat, S. and Chaowiset, W., 2011. SSR analysis of soybean (*Glycine max* (L.) Merr.) genetic relationship and variety identification in Thailand. *Australian Journal of Crop Science*, 5(3), pp. 283–290.
- Tasma, I. M., 2017. Pendekatan bioteknologi dan genomika untuk perbaikan genetik tanaman jarak pagar sebagai penghasil bahan bakar nabati. *Jurnal AgroBiogen*, 13(2), pp. 123–136.
- Terryana, R.T., Nugroho, K., Reflinur, R., Mulya, K., Dewi, N. and Lestari, P., 2017. Keragaman genotipik dan fenotipik 48 akses kedelai introduksi asal Cina. *Jurnal AgroBiogen*, 13(1), pp. 1–16. <https://doi.org/10.21082/jbio.v13n1.2017.p1-16>.
- Thomson, M.J., Septiningsih, E.M., Suwardjo, F., Santoso, T. J., Silitonga, T.S. and McCouch, S.R., 2007. Genetic diversity analysis of traditional and improved Indonesian rice (*Oryza sativa* L.) germplasm using microsatellite markers. *Theoretical and Applied Genetics*, 114, pp. 559–568. <https://doi.org/10.1007/s00122-006-0457-1>.
- 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.
- Utami, D.W., Hidayatun, N., Risliawati, A. and Hanarida, I., 2011. Keragaman genetik 96 akses plasma nutfah padi berdasarkan 30 marka SSR terpaut gen pengatur waktu

- pembungan (HD genes). *AgroBiogen*, 7(2), pp. 76–84. <https://doi.org/10.21082/jbio.v7n2.2011.p76-84>.
- Vianna, V.F., Unêda-trevisoli, S.H., Desidério, J.A., Santiago, S. De, Charnai, K., Júnior, J.A.F. and Mauro, A.O., 2013. The multivariate approach and influence of characters in selecting superior soybean genotypes. *African Journal of Agricultural Research*, 8(30), pp. 4162–4169. <https://doi.org/10.5897/AJAR2013.7064>.
- Wang, L., Fuang, R., Li, Y., Lin, F., Luan, W., Li, W. and Qiu, L., 2008. Genetic diversity of Chinese spring soybean germplasm revealed by SSR markers. *Plant Breeding*, 127(1), pp. 56–61. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0523.2007.01429.x>.
- Wang, S., Liu, Y., Liying, M., Liu, H., Tang, Y., Wu, L. and Pang, X., 2014. Isolation and characterization of microsatellite markers and analysis of genetic diversity in Chinese jujube (*Ziziphus jujuba* Mill.). *PLoS ONE*, 9 (6). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0099842>.
- Wang, S., Zhang, S., He, J., Lu, G. and Yang, Z. 2013. The principal component analysis and cluster analysis of Coix resource characteristics. *Journal of Yunnan Agricultural University*, 28, pp. 157–162.
- Wardiana, E., Towaha, J. and Syafaruddin. 2017. Pengelompokan 33 akses kakao berdasarkan karakter morfologi komponen buah. *Jurnal Tanaman Industri Dan Penyegar*, 4(2), pp. 67–78.
- 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 & Plant Sciences*, 11(2), pp. 1380–1393. Retrieved from <http://m.elewa.org/JAPS/2011/11.2/1.pdf>
- Yang, K., Jeong, N., Moon, J.-K., Lee, Y.-H., Lee, S.-H., Kim, H. M. and Jeong, S.-C., 2010. Genetic analysis of genes controlling natural variation of seed coat and flower colors in soybean. *Journal of Heredity*, 101(6), pp. 757–768. <https://doi.org/10.1093/jhered/esq078>.
- Yono, D., Wahyu, Y., Sobir, and Toruan-Mathius, N., 2017. Identifikasi penanda SSR yang berasosiasi dengan bobot tandan buah kelapa sawit (*Elaeis guineensis* Jacq.). *Jurnal Agronomi Indonesia*, 45(1), pp. 79–85.
- Yu, S., Xu, W., Vijayakumar, C., Ali, J., Fu, B., Xu, J. and Li, Z., 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.
- Yuzbaiodlu, E., Ozcan, S. and Acik, L., 2006. Analysis of genetic relationships among turkish cultivars and breeding lines of *Lens culinatis* mestile 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 atau baru, agar dapat segera diketahui oleh umum. Hasil dan pembahasan dapat 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 ditulis dalam huruf tegak kecuali untuk nama ilmiah yang menggunakan bahasa latin, 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*). Jika penulis lebih dari satu orang bagi pejabat fungsional penelitian, pengembangan agar menentukan status sebagai kontributor utama melalui penandaan simbol dan keterangan sebagai kontributor utama dicatatkan kaki di halaman pertama artikel.

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 metode 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 infomasi yang menyimpulkan hasil penelitian, sesuai dengan tujuan penelitian, implikasi dari hasil 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 didukungan oleh instansi tersebut, ataupun kepada pihak yang membantu langsung penelitian atau penulisan artikel ini.

10. Daftar pustaka

Tidak diperkenankan untuk mensitis 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

1. Naskah diketik dengan menggunakan program Microsoft Word, huruf New Times Roman ukuran 12, spasi ganda kecuali Abstrak spasi tunggal. Batas kiri-kanan atas-bawah masing-masing 2,5 cm. Maksimum isi naskah 15 halaman termasuk ilustrasi dan tabel.

2. 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.

3. Penulisan satuan mengikuti aturan *international system of units*.

4. Nama takson dan kategori taksonomi ditulis dengan merujuk kepada aturan standar yang diajui. 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* (ICAFP), *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.

5. Tata nama di bidang genetika dan kimia merujuk kepada aturan baku terbaru yang berlaku.

6. Untuk range angka menggunakan en dash (-), contohnya pp.1565–1569, jumlah anakan berkisar 7–8 ekor. Untuk penggabungan kata menggunakan hyphen (-), contohnya: masing-masing.

7. Ilustrasi dapat berupa foto (hitam putih atau berwarna) atau gambar tangan (*line drawing*).

8. 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 horizontal yang memisahkan judul dan batas bawah.

8. 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
Situs 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). Jika sitasi beruntun maka dimulai dari tahun yang paling tua, jika tahun sama maka dari nama penulis sesuai urutan abjad. Contoh: (Anderson, 2000; Agusta *et al.*, 2005; Danar, 2005). Penulisan daftar pustaka, sebagai berikut:
 - a. **Jurnal**
Nama jurnal ditulis lengkap.
Agusta, A., Maehara, S., Ōhashi, 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**
Anderson, R.C. 2000. *Nematode Parasites of Vertebrates, Their Development and Transmission*. 2nd ed. CABI Publishing. New York. pp. 650.
 - c. **Prosiding atau hasil Simposium/Seminar/Lokakarya.**
Kurata, H., El-Samad, H., Yi, T.M., Khammash, M. and Doyle, J., 2001. Feedback Regulation of the Heat Shock Response in *Escherichia coli*. *Proceedings of the 40th IEEE Conference on Decision and Control*. Orlando, USA. pp. 837–842.
 - d. **Makalah sebagai bagian dari buku**
Sausan, D., 2014. Keanekaragaman Jamur di Hutan Kabungolor, Tau Lumbis Kabupaten Nunukan, Kalimantan Utara. Dalam: Irham, M. & Dewi, K. eds. *Keanekaragaman Hayati di Beranda Negeri*. pp. 47–58. PT. Eaststar Adhi Citra. Jakarta.
 - e. **Thesis, skripsi dan disertasi**
Sundari, S., 2012. Soil Respiration and Dissolved Organic Carbon Efflux in Tropical Peatlands. *Dissertation*. Graduate School of Agriculture. Hokkaido University. Sapporo. Japan.
 - 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 mensitis artikel yang tidak melalui proses peer review misalnya laporan perjalanan maupun artikel dari laman web yang tidak bisa dipertangung 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 memperbaik artikle 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 serta bebas dari konflik kepentingan.

Penelitian yang melibatkan hewan dan manusia

Setiap naskah yang penelitiannya melibatkan hewan (terutama mamalia) dan manusia sebagai obyek percobaan/penelitian, wajib menyertakan ‘ethical clearance approval’ yang dikeluarkan oleh badan atau pihak berwenang.

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.

Pengiriman naskah

Naskah dikirim secara online ke website 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 atau
jurnalberitabiologi@yahoo.co.id atau
jurnalberitabiologi@gmail.com

BERITA BIOLOGI

Vol. 19(3B)

Isi (*Content*)

Desember 2020

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

TINJAUAN ULANG (*REVIEW*)

TEKNOLOGI PIRAMIDA GEN TANAMAN PADI DALAM MENGHADAPI PERUBAHAN IKLIM GLOBAL

[Pyramiding Gene Technology in Rice to Anticipate the Impact of Global Climate Change]

Fatimah, Joko Prasetyono, dan Sustiprijatno

361 – 371

MEKANISME RESPON TANAMAN TERHADAP CEKAMAN KEKERINGAN

[The Mechanism of Plant Response to Drought Stress]

Dwi Setyo Rini, Budiarjo, Indra Gunawan, Radi Hidayat Agung, dan Rina Munazar

373 – 384

MAKALAH HASIL RISET (*ORIGINAL PAPERS*)

PERILAKU SINJAL AKUSTIK DAN VISUAL DARI KATAK JANTAN *Staurois guttatus* DI GUNUNG

POTENG KALIMANTAN BARAT

[Behavior of Acoustic and Visual Signals From the Male Frog *Staurois guttatus* at Mountain Poteng West Kalimantan]

Mohamad Jakaria, Junardi, dan Riyandi

385 – 391

MONITORING KEANEKARAGAMAN JENIS BURUNG PADA BERBAGAI TUTUPAN LAHAN DI CIBINONG SCIENCE CENTER (CSC), JAWA BARAT

[Monitoring of Bird Diversity in Various Land Cover in Cibinong Science Center (CSC), West Java]

Yohanna

393 – 409

Efektivitas Dosis Karbon Tetraklorida (CCl₄) Terhadap Tikus (*Rattus norvegicus* L.) Sebagai Model Fibrosis Hati

[The Effectiveness Of Carbon Tetrachloride (CCl₄) Dosage On Rats As Animal Model Liver Fibrosis]

Fahri Fahrudin, Sri Ningsih, Hajar Indra Wardhana, Dinda Rama Haribowo, dan Fathin Hamida

411 – 422

LARVA TREMATODA PADA SIPUT AIR TAWAR DI AREAL PERSAWAHAN DAERAH ISTIMEWA YOGYAKARTA

[Trematode Larvae in Freshwater Snail on Rice Fields Area in Special Region of Yogyakarta]

Soenarwan Hery Poerwanto, Dian Antika Kusuma Dewi, dan Giyantolin

423 – 431

THE FUNCTIONAL CHARACTER OF *Auricularia auricula* CRUDE POLYSACCHARIDES: ANTIOXIDANT AND ANTIBACTERIAL ACTIVITY

[Karakter Fungsional dari Ekstrak Kasar Polisakarida *Auricularia auricula*: Aktivitas Antioksidan dan Antibakteri]

Rizki Rabeca Elfirta dan Iwan Saskiawan

433 – 440

ISOLASI DAN KARAKTERISASI ISOLAT BAKTERI RESISTEN TEMBAGA DARI SUNGAI CISADANE

[Isolation and Characterization of Copper Resistant Bacteria from Cisadane River]

Wahyu Irawati dan Candra Julius Tahya

441 – 450

ANALISIS KERAGAMAN GENETIK AKSESI KEDELAI INTRODUKSI DARI WILAYAH SUBTROPIS BERBASIS MORFOLOGI DAN MOLEKULER

[Morphological and Molecular Based Genetic Diversity Assessment Among Soybean Accessions Introduced from Subtropical Areas]

Rerenstrandika Tizar Terryana, Nickita Dewi Safina, Suryani, Kristianto Nugroho, dan Puji Lestari

451 – 465

EFEK SELENIUM OKSIKLORIDA TERHADAP AKTIVITAS IMUNOMODULATOR DARI EKSOPOLISAKARIDA *Lactobacillus plantarum*

[Effect of Selenium Chloride on Immunomodulatory Activity of Exopolysaccharide by *Lactobacillus plantarum*]

Fifi Afifiati, D.C. Agustina, S. Wirayowidagdo, Kusmiati, dan Atit Kanti

467 – 475

FLUKTUASI KEPADATAN MEGABENTOS DI PERAIRAN KENDARI, SULAWESI TENGGARA

[Density Fluctuation of Megabenthic Fauna in Kendari Waters, South-East Sulawesi]

Ucu Yanu Arbi, Paiga Hanurin Sawonua, dan Hendrik A.W. Cappenberg

477 – 489