

**Keragaman Genetik Beberapa Aksesori Jagung dari Nusa Tenggara Timur Berdasarkan Profil Inter Short Sequence Repeat (ISSR)
(Genetic Diversity of Several Accessions of Maize from East Nusa Tenggara Based on Inter Short Sequence Repeat (ISSR) profiles)**

Kusumadewi Sri Yulita & BP Naiola

Bidang Botani, Pusat Penelitian Biologi- LIPI, Jl. Raya Bogor Km 46, Cibinong 16911, Jawa Barat, Indonesia.
Tel. +62-21-8765056, Fax: +62-21-8765063, **Email:** yulita.kusumadewi@gmail.com

Memasukkan: Maret 2013, **Diterima:** Juni 2013

ABSTRACT

Maize (*Zea mays* L.) has become second most important cereal crops after rice in Indonesia. Maize is a staple food and the main crop in subsistence dry land farming system in Nusa Tenggara Timur (NTT). Previous survey suggested that NTT may have contained considerable amount of local landraces of maize that have not been well recorded. Traditional farmers prefer to use traditional landraces than popular hybrid maize due to their superior features such as less susceptible to weevil attack and well adapted to local environment. Hence, farmers were continuously grow local landraces to meet the demand for their food security. Information on diversity of local landraces is very important for improving landrace germ plasm. The objective of this study is to assess genetic and phenotypic diversity of 15 accessions of maize from nine putative landraces collected from six locations in NTT based on Inter Short Sequence Repeat (ISSR) fingerprints and few morphological characters. Five ISSR's primers (UBC 809, 822, 834, 876 and 892) were initially screened and two (UBC 809 and 834) were selected for the analysis. These primers generated 16 scorable bands with two monomorphic bands, i.e. UBC 809 at 700 bp and UBC 834 at 900 bp. Clustering analysis was performed based on ISSR profiles using the UPGMA method. The range of genetic similarity value among accessions was 0.30-0.80 suggesting sufficient variation of gene pool existed among accessions. Combined data set of ISSR and morphological data suggested a higher diversity with a coefficient of distance range from 0.52 to 1.25. Same as a single data set deduced from ISSR profile, none of the accessions were clustered according to their landraces nor their progeny.

Keywords: Maize, NTT, ISSR, genetic diversity

ABSTRAK

Di Indonesia, Jagung (*Zea mays* L.) merupakan sumber biji-bijian kedua terpenting setelah beras. Jagung bahkan telah menjadi makanan pokok wilayah Nusa Tenggara Timur (NTT) yang terkenal dengan sistem pertanian lahan keringnya. Survai terdahulu menunjukkan bahwa di NTT terdapat beberapa jagung ras lokal yang belum terekam sepenuhnya. Petani-petani tradisional lebih suka menggunakan jagung ras lokal dibandingkan jagung hibrid yang lebih populer karena jagung ras lokal sudah terbukti tahan terhadap serangan sejenis kumbang dan juga sudah teradaptasi dengan baik pada lingkungan yang kering. Oleh karena itu petani-petani lokal secara terus menerus menggunakan jagung ras lokal untuk memenuhi kebutuhan pangan mereka. Informasi mengenai keragaman plasma nutfah jagung ras lokal sangat penting untuk pengembangan plasma nutfah jagung. Tujuan dari penelitian ini adalah untuk memperkirakan keragaman genetik dan fenotipik dari 15 aksesori jagung yang berasal dari sembilan ras yang dikoleksi dari enam lokasi di NTT berdasarkan sidik Inter Short Sequence Repeat (ISSR) dan beberapa karakter morfologi. Lima primer ISSR (UBC 809, 822, 834, 876 dan 892) diskriminasi dan dua diantaranya (UBC 809 dan 834) terseleksi untuk analisis. Primer ini menghasilkan 16 pita yang dapat diskor dengan dua pita monomorfik, yaitu UBC 809 pada ukuran 700 bp dan UBC 834 pada ukuran 900 bp. Analisis pengelompokan dibuat berdasarkan profil ISSR menggunakan metoda UPGMA. Jarak genetik berkisar antara 0.30-0.80 menunjukkan adanya keragaman genetik yang cukup luas antar aksesori jagung. Analisis yang menggabungkan profil ISSR dan karakter morfologi menghasilkan keragaman genetik yang lebih tinggi yang ditunjukkan lewat koefisien jarak genetik yang lebih luas, yaitu antara 0.52-1.25. Sebagaimana halnya dengan data dari profil ISSR, data gabungan juga menunjukkan bahwa seluruh aksesori tidak mengelompok berdasarkan rasnya atau progeninya.

Kata Kunci: Jagung, NTT, ISSR, keragaman genetik.

PENDAHULUAN

Jagung merupakan sumber pangan biji-bijian kedua terpenting setelah beras, pemerintah Indonesia bahkan telah mencanangkan swasembada jagung pada tahun 2007 (Swastika *et al.* 2004; Azrai 2006). Jagung telah menjadi sumber karbohidrat utama di beberapa provinsi di Indonesia, yaitu Jawa Timur, NTT, Sulawesi Utara, Sulawesi Tenggara dan Papua. Saat ini ada lima provinsi di Indonesia penghasil jagung terbesar, yaitu Propinsi Jawa Timur, Lampung, Sulawesi Utara, Sulawesi Selatan dan Nusa Tenggara Timur (Rachman, 2003). Produksi jagung di Indonesia mengalami kenaikan rata-rata 4.07% per tahun sejak tahun 1970 hingga 2001 (Swastika *et al.* 2004) dan mencapai 1.4 juta ton pada tahun 2006 (AFSIS 2009). Kenaikan produksi ini terutama disebabkan oleh berkembangnya teknologi dalam merakit varietas unggul, termasuk jagung hibrida. Penanaman jagung hibrida dinyatakan lebih menguntungkan daripada menanam jagung bersari bebas atau varietas lokal (Suhariyanto, 2000). Di Indonesia hingga saat ini telah dilepas 33 varietas unggul dan menyebar cukup luas di Indonesia. Dengan banyaknya penggunaan varietas unggul oleh petani maka ras lokal (*landraces*) bisa terdesak atau bahkan musnah. Padahal gen-gen yang terdapat pada ras lokal yang saat ini kelihatan tidak berguna, akan berguna di masa mendatang yang diperlukan untuk membentuk varietas unggul baru. Selain itu kemungkinan pada gen-gen yang terdapat di ras lokal mengandung gen-gen unggul untuk ketahanan terhadap penyakit tertentu misalnya jagung ras lokal NTT yang menurut petani rentan terhadap serangan serangga kumbang tertentu (Hosang *et al.* 2010), umur genjah, dan tahan terhadap cekaman lingkungan yang cukup ekstrim (misalnya kekeringan, salinitas dan genangan).

Keragaman genetik plasma nutfah merupa-

kan pondasi dasar dalam program pemuliaan untuk menghasilkan varietas unggul. Pada prinsipnya varietas unggul atau hibrida unggul dirakit dengan melalui tahapan evaluasi plasma nutfah dan pemilihan tetua, pembentukan galur-galur baru yang murni, pengujian multi lingkungan, pelepasan varietas baru dan perbanyakan benih (Febriani *et al.* 2008). Koleksi plasma nutfah jagung telah dilakukan sejak akhir abad 19 di Lembaga Pertanian Bogor dan saat ini dilanjutkan oleh Balai Besar Penelitian dan Pengembangan Bioteknologi dan Sumber Daya Genetik (BB Biogen) Bogor dan Balai Penelitian Tanaman Serelia Maros. Jumlah koleksi plasma nutfah jagung nasional di kedua Lembaga tersebut masing-masing 886 dan 660 aksesi. Hal ini sangat jauh dibandingkan dengan Lembaga International Penelitian Jagung Mexico (CIMMYT) yang memiliki koleksi sebanyak 11,000 aksesi dan Amerika Serikat yang memiliki lebih dari 15,000 aksesi (Sutoro dan Zuraida). Untuk wilayah NTT sendiri, koleksi plasma nutfah jagung baru dilakukan sejak setahun yang lalu oleh BB Biogen (Bora, 2013 pers. comm.) dan sejak dua tahun lalu oleh Puslit Biologi-LIPI (Naiola *et al.* 2011, 2012).

Keberhasilan upaya pemuliaan tanaman jagung ditentukan oleh ketersediaan informasi dari beberapa parameter misalnya keragaman genetik, fenotipik dan kekerabatan genetik (Febriani *et al.* 2008). Oleh karena itu sebelum ras lokal ini secara genetik tergusur oleh varietas unggul yang populer ditanam oleh petani, sangat penting untuk dilakukan koleksi plasma nutfah dan melakukan karakterisasi genetik dan fenotipiknya. Keragaman genetik dan fenotipik yang luas akan memudahkan para pemulia untuk melakukan seleksi secara efektif. Sedangkan informasi kekerabatan diantara aksesi plasma nutfah akan memudahkan penentuan galur-galur yang akan dijadikan sebagai tetua pembentuk populasi baru

(Ruswandi *et al.* 2005). Selain itu, karakterisasi molekuler berupa sidik DNA diperlukan dalam perlindungan galur elit pemulia dari pencurian (klaim) oleh pihak yang tidak bertanggung jawab. Dengan demikian efisiensi pemuliaan dapat ditingkatkan melalui seleksi secara terarah dan efisien.

Studi ini berfokus pada populasi jagung yang ada di NTT, karena berdasarkan survai pendahuluan NTT memiliki keragaman plasma nutfah jagung yang cukup tinggi di Indonesia. Saat ini telah dilakukan koleksi plasma nutfah jagung sebanyak 19 aksesi yang berasal dari sembilan ras dari enam lokasi di Pulau Timor (Naiola *et al.* 2011; Naiola *et al.* 2012). Penelitian ini bertujuan untuk mendapatkan sidik DNA jagung NTT dan mempelajari keragaman genetik dan fenotipiknya berdasarkan marka Inter Simple Sequence Repeats dan Simple Sequence Repeats (ISSR) dan beberapa karakter morfologi. Inter-simple sequence repeats (ISSR) merupakan marka molekuler berbasis PCR, yang mengamplifikasi daerah diantara dua ulangan nukleotida pendek (mikrosatelit) (Zietkiewicz *et al.* 1994). Keuntungan utama dari marka ini adalah dapat menganalisa multiple lokus dalam reaksi tunggal. ISSR telah banyak digunakan untuk mendeteksi keragaman genetik dan kekerabatan genetik (Rucinska & Puchalski 2010; Isshiki *et al.* 2008; Liu *et al.* 2006), identifikasi genotipe (Fracaro & Echeverrigaray 2006; Mattioni *et al.* 2002) serta identifikasi mutan (Campbell *et al.* 2011; Yadav *et al.* 2006).

BAHAN DAN CARA KERJA

Koleksi jagung dari NTT telah dilakukan sejak tahun 2011 dan 2012 (Naiola *et al.* 2011; Naiola *et al.* 2012) di enam lokasi Pulau Timor (Tabel 1), yaitu tiga lokasi di Kupang (Desa Oe-

masi Kecamatan. Nakamese, Desa Neonbesi Kecamatan Amarasi, dan Desa Fatukona, Kecamatan Fatule'u), Desa Ekafalo Kabupaten Timor Tengah Utara dan dua lokasi di Atambua (kota Atambua dan Desa Leosama Kabupaten Belu) (Gambar 1). Material untuk DNA analisis dikoleksi berupa biji jagung yang dikeringkan dibawah terik matahari.

Total DNA genom diisolasi dari biji jagung yang berasal dari tongkol jagung yang memiliki warna seragam. Karena koleksi ini merupakan ras lokal yang bersari bebas maka ada beberapa koleksi yang didapat masih memiliki tongkol yang memiliki biji beragam warna akibat penyerbukan silang. Sebanyak 0,5 gram biji jagung dihancurkan dan diisolasi total genom DNA dengan menggunakan protokol CTAB (Doyle & Doyle 1990) yang dimodifikasi dengan perlakuan RNase 200 µg/mL. Lima µL total DNA genom dielektrophoresis dalam 0.7% gel agarosa dalam larutan penyangga TAE, kemudian diwarnai dengan ethidium bromida dan difoto dengan menggunakan *gel documentation system* (Atto Bioinstrument). DNA yang telah diisolasi disimpan dalam -20°C.

Primer yang digunakan pada penelitian ini adalah primer universal ISSR dari set UBC 809, 822, 834, 876 dan 892. Volume total reaksi PCR adalah 15 ml yang terdiri atas 1x PCR *Master Mix* (Fermentas), 2 µM primer (Promega), dan ~10 ng DNA *template*. Kondisi mesin PCR untuk amplifikasi ISSR adalah sebagai berikut: denaturasi awal pada suhu 94°C selama 5 menit, diikuti oleh 30 siklus yang terdiri dari: fase denaturasi (94°C selama 1 menit); fase penempelan (50°C selama 45 detik) dan fase pemanjangan (72°C selama 2 menit). Setelah 30 siklus selesai, proses amplifikasi PCR diakhiri dengan fase pemanjangan pada suhu 72°C selama 5 menit. Reaksi PCR diulang sebanyak dua kali untuk memastikan keberulan-

Tabel 1. Daftar koleksi material DNA Jagung asal Pulau Timor beserta karakter bulir jagung..

Nomor aksesori	Nama lokal	Lokasi	Panjang Tongkol (cm)	Warna bulir	Rerata ukuran bulir (pxl) (cm)
J1#1	Pena' taume'	Ds. Oemasi, Kec. Nakamese, Kupang	?	Kuning, Putih	10x10
J2#1	Pena' masa'	Ds. Ekafalo, Kab. Timor Tengah Utara	10.2	Kuning (majority), Putih, ungu	8.8x8.4
J4#1	Pena' no' seo'	Dusun Takentade, Ds. Leosama, Atambua	10.6	Putih (majority), Kuning	7.9x8.0
J5#1	Batarlai mean	Dusun Takentade, Ds. Leosama, Atambua	12.3	Putih, Kuning, Ungu	9.0x8.2
J6#1	Pena' pulu'	Desa Oemasi, Kec. Nakamese, Kupang	?	Putih	7.0x8.9
J7#2	Pena' boto'	Ds. Oemasi, Kec. Nakamese, Kupang	10.4	Putih, Kuning, Ungu	8.2x8.3
J8#1	Pena' li'at	Ds. Oemasi, Kec. Nakamese, Kupang	8.3	Putih, Kuning	7.9x8
J8#2	Pena' li'at	Ds. Oemasi, Kec. Nakamese, Kupang	8.0	Putih	6.8x7.3
J9#1	Batarlai mutin	Dusun Takentade, Ds. Leosama, Atambua	10.2	Putih, Kuning, Ungu	8.6x8.4
J9#2	Pena' muti'	Ds. Ekafalo, Kab. Timor Tengah Utara			
J9#3	Puti	Ds. Ekafalo, Kab. Timor Tengah Utara			
J9#5	Pena' muti'	Dusun Takentade, Ds. Leosama, Atambua	11.2	Putih	10.8x10.3
J10#1	Pena' molo'1	Ds. Oemasi, Kec. Nakamese, Kupang	13.5	Kuning, Kecoklatan, Putih	9.2x9.1
J10#2	Pena' molo' 2	Ds. Oemasi, Kec. Nakamese, Kupang	15.6	Kuning, Kuning bercak putih	9.7x9.6
J10#3	Pena' molo'	Ds. Ekafalo, Kab. Timor Tengah Utara	17.75	Kuning, kuning bercak putih,	11.3x9.5

gan dan konsistensi hasil PCR.

Setiap pita ISSR dianggap sebagai satu lokus putatif. Hanya lokus yang menunjukkan pita yang jelas yang digunakan untuk diskor 1 bila ada pita dan 0 bila tidak ada pita. Analisis data dilakukan dengan menggunakan program NTSYS-pc (*Numerical Taxonomy System, version 2.02i*, Rohlf 1998). Data skoring dikelompokkan hingga membentuk matriks binari di program Microsoft Excel. Matriks tersebut kemudian diolah menggunakan program SIMQUAL (*Similarity for qualitative data*) untuk menghitung koefisien kesamaan Jaccard. Matriks kesamaan ini kemudi-

an digunakan untuk membuat dendrogram UP-GMA (*unweighted pair group method with arithmetical average*).

Sementara itu nilai rata-rata dari karakter bulir jagung (panjang tongkol, warna bulir, panjang, dan lebar bulir) diskor sebagai karakter kuantitatif dan secara *multistate* (misalnya 0 1 2 dan seterusnya) dan distandarisasi dengan program STAND (*Standardization*) dalam program NTSYS-pc, hal ini dilakukan untuk menghindari bias dikarenakan kisaran nilai karakter yang terlalu besar atau terlalu kecil. Selain itu, standarisasi perlu dilakukan terutama untuk warna bulir ja-

gung karena pada beberapa aksesori masih ditemukan tongkol jagung dengan beberapa warna sebagai akibat dari penyerbukan silang. Data matriks morfologi dan yang diperoleh melalui program STAND selanjutnya digabungkan dengan data matrix ISSR dan dihitung kesamaannya dengan program SIMINT (*Similarity for Interval Data*) menggunakan koefisien DIST (*Distance*) dalam program NTSYS-pc. Matriks dari program SIMINT kemudian dikelompokkan menjadi dendrogram melalui program SAHN menggunakan metode pengelompokan UPGMA.

HASIL

Profil umum pita ISSR

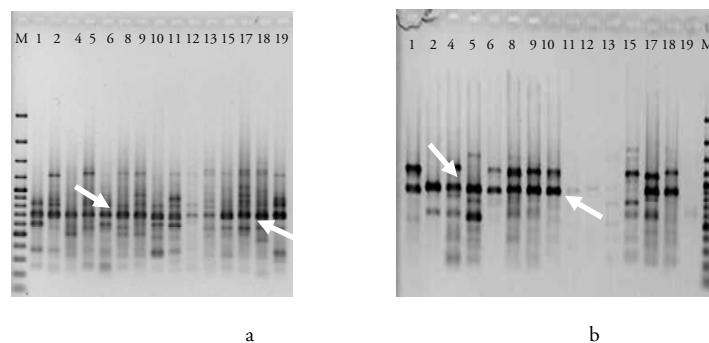
Dari kelima primer yang digunakan, yang menghasilkan produk amplifikasi hanya pada tiga primer, yaitu UBC 809, 822 dan 834. Dan dari ketiga primer ini hanya primer UBC 809 yang menghasilkan produk untuk seluruh sampel. Ada beberapa aksesori yang tidak teramplifikasi, yaitu aksesori 5, 6, 11, 12 dan 13 pada UBC 822 dan 19 pada UBC 834. dengan menggunakan kedua primer ini, terdapat 16 pita yang jelas dan dapat diskor. Sedangkan dari pola pita ISSR yang dihasilkan oleh UBC 809 dan UBC 834, hampir seluruhnya adalah pita polimorfik, kecuali pita ukuran 700 bp pada UBC 809 dan 900 bp pada UBC 834 (Gambar 1). Dengan demikian kedua

pita ini merupakan pita umum yang kemungkinan besar dapat digunakan sebagai sidik pada aksesori jagung NTT pada studi ini.

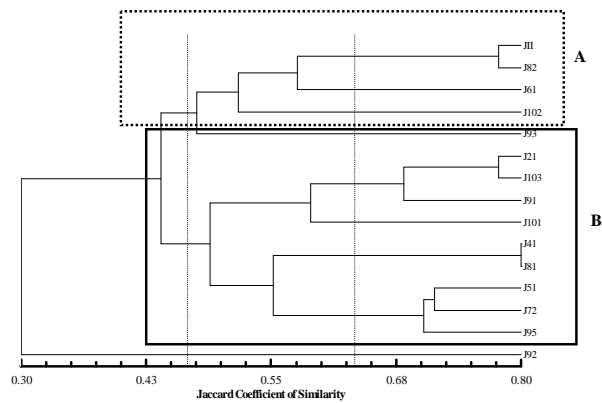
Analisis pengelompokan

Analisis kluster dan ordinasasi dilakukan untuk mengetahui kemiripan profil ISSR antar ras/ aksesori. Pengelompokan aksesori ke dalam satu kluster menandakan adanya tingkat kesamaan yang tinggi di antara lokus DNANYa yang ditunjukkan melalui koefisien kesamaan. Analisis kluster menunjukkan pemisahan aksesori jagung ke dalam kluster yang mengelompok tidak berdasarkan rasnya (Gambar 2). Nilai koefisien kesamaan genetik ke-15 aksesori jagung berkisar antara 30% hingga 80%. Rentang 50% ini menunjukkan keragaman genetik yang sedang. Hasil analisis kluster menunjukkan adanya dua kluster utama (A dan B) dengan satu aksesori yang tidak mengelompok (J92, Pena muti yang berasal dari Ekafalo). Kluster A (koefisien kesamaan ~44%) terdiri lima aksesori yang sebagian besar berasal dari Kupang, sedangkan kluster B (koefisien kesamaan ~49%) terdiri atas delapan aksesori yang sebagian besar berasal dari Ekafalo dan Atambua. Sementara itu terdapat dua aksesori yang paling mirip (koefisien kesamaan 80%), yaitu Pena no 'seo' dari Atambua dan Pena boto dari Ds. Oemasi, Kupang.

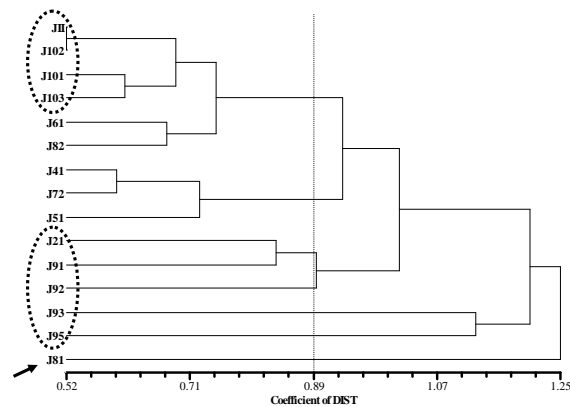
Analisis pengelompokan yang telah meng-



Gambar 1. Foto gel elektroforesis genotipe jagung. a) UBC 809, b) UBC 822, c) UBC 834, M: GeneRuler 100bp Plus (Fermentas). Nomor aksesori jagung sesuai dengan Tabel 1. Anak panah menunjukkan pita monomorfik.



Gambar 2. Diagram pengelompokan UPGMA berdasarkan profil ISSR pada jagung NTT. Nomor aksesori sesuai dengan tabel 1. Garis putus-putus vertikal: garis referensi.



Gambar 3. Diagram pengelompokan UPGMA berdasarkan data ISSR dan morfologi pada jagung NTT. Nomor aksesori sesuai dengan Tabel 1. Garis putus-putus vertikal: garis referensi. Lingkaran menunjukkan pengelompokan yang sama dengan diagram ordinasasi 3-dimensi (Gambar 4). Anak panah menunjukkan aksesori yang terpisah dari kluster utama.

gabungan profil ISSR dan data bulir jagung menghasilkan dendrogram yang berbeda (Gambar 3). Rentang jarak morfologi 0.73 menunjukkan keragaman yang cukup tinggi, lebih tinggi dari profil ISSR. Aksesori J81 (Pena liat dari Desa Oemasi, Kec. Nekamese, Kupang) terpisah dari aksesori lainnya dengan Koefisien Jarak (KJ) morfologi 1.25. Aksesori ini memiliki bulir berwarna putih dengan tongkol yang berukuran relatif pendek. Pada dendrogram ini, aksesori cenderung mengelompok berdasarkan kultivar/groupnya Pena molo (J10.1, J10.2 dan J10.3) mengelompok pada KJ 0.70. Pena molo memiliki bulir

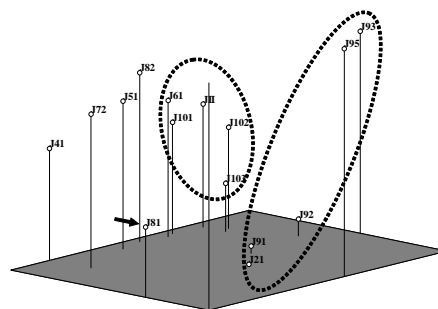
yang didominasi warna kuning tua, kuning ke-coklatan dan kemerahan serta bulir berukuran cukup besar. Kultivar ini memiliki kemiripan dengan Pena Taume (J1.1) yang juga memiliki ukuran bulir cukup besar. Kultivar 'Pena muti/Batarlai mutin' (J9.1, 2, 3 dan 5) walaupun memiliki KJ yang cukup besar (0.8-1.10) juga terletak saling berdekatan (Gambar 3 dan 4). Sedangkan aksesori yang memiliki kesamaan genetik paling tinggi adalah J1.1 (Pena taume dari Ds. Oemasi) dan J10.3 (Pena molo dari ds. Ekafalo), keduanya memiliki ukuran bulir yang cukup besar (>10 cm) dengan dominasi warna kuning.

PEMBAHASAN

Seluruh profil ISSR berupa sekumpulan pita-pita DNA dianggap sebagai lokus putatif dan merupakan sidik DNA aksesori. Keseluruhan profil pita yang dihasilkan dari amplifikasi primer ISSR inilah yang merupakan sidik DNA setiap varietas/ aksesori. Pengamatan terhadap pola pita DNA hasil amplifikasi menunjukkan profil DNA yang berbeda-beda. Perbedaan ini disebabkan oleh perbedaan urutan nukleotida pada keempat primer yang digunakan, sehingga menyebabkan perlekatan primer di sepanjang DNA genom sampel juga berbeda. Pita yang dihasilkan setelah amplifikasi DNA dengan PCR sangat bergantung pada bag-primer mengenal daerah komplemennya pada cetakan (*template*) DNA yang digunakan. Semakin banyak situs penempelan dari primer yang digunakan, semakin banyak jumlah pita DNA yang dihasilkan (Tingey *et al.* 1994). Selanjutnya Cowder (1997) menjelaskan bahwa keragaman genetik terjadi karena adanya segregasi dan interaksi gen. Oleh karena ISSR dan RAPD merupakan marka yang menggunakan primer acak sehingga pita-pita yang dihasilkan dari proses amplifikasi merupakan fragmen DNA di genom yang sifatnya acak, baik berasal dari daerah *coding* atau *non-coding*, dengan kata lain dijumpainya adanya keragaman kedua macam daerah tersebut.

Perbedaan hasil analisis antara data dari

profil ISSR dan data set gabungan adalah pada rentang jarak genetik yang lebih luas yang ditemukan pada data gabungan. Dengan demikian variasi karakter bulir jagung juga memberi kontribusi terhadap keseluruhan variasi. Menurut Febriani *et al.* (2008) keragaman genetik dan fenotipik yang luas dapat menunjukkan kondisi lingkungan tumbuh yang optimal yang ditunjukkan dari hasil penelitian mereka pada 39 galur murni jagung dengan menggunakan 19 karakter morfologi dan agronomi. Namun pada penelitian ini hanya digunakan sejumlah kecil karakter morfologi sehingga rentang jarak genetik yang lebih luas ini kemungkinan besar hanya disebabkan oleh lebih banyaknya jumlah karakter yang digunakan dalam analisis. Untuk analisis pengelompokkan, gabungan data set cenderung menghasilkan pengelompokkan secara acak yang tidak bergantung pada ras maupun provenans. Hal ini secara tidak langsung menunjukkan bahwa aksesori jagung yang diamati kemungkinan telah mengalami kawin silang dengan intensitas yang cukup tinggi hasil budidaya lokal yang cukup lama berlangsung sehingga isi genom merupakan campuran dari berbagai indukkan dan progeni. Berdasarkan data ISSR, aksesori J92, yaitu Pena muti yang berasal dari Ekafalo Kab. TTU merupakan aksesori yang paling berbeda secara genetik dari aksesori lainnya. Aksesori ini kemungkinan telah mengalami differensiasi genetik terpisah dari pena



Gambar 4. Diagram 3-dimensi PCA pada jagung NTT. Nomor aksesori sesuai dengan tabel 1. Lingkaran menunjukkan pengelompokkan yang sesuai dengan diagram pengelompokkan pada Gambar 3. Anak panah menunjukkan aksesori yang terpisah dari kluster utama.

muti lainnya, baik yang sama-sama yang berasal dari TTU (J9.3) maupun dari Atambua (J91 dan J9.5). Hasil yang berbeda diperoleh dari penggabungan kedua data, dimana Pena liat yang berasal dari Desa Oemasi Kupang yang paling berbeda.

Hasil analisis pengelompokkan dan ordinasasi menggambarkan kesamaan genotipe antar aksesori jagung yang terukur dari jarak genetik. Tanaman yang memiliki jarak genetik yang dekat menggambarkan tingginya kesamaan genetik yang apabila dikawinsilangkan akan menghasilkan individu tanaman dengan memiliki keragaman genetik yang rendah. Keragaman genetik yang rendah akan berimplikasi terhadap kesintasan individu yang juga cukup rendah karena kurang beragamnya gen yang diturunkan dari indukan. Dengan demikian identifikasi molekuler dan analisis pengelompokkan terhadap individu target sangat penting untuk dilakukan untuk mengetahui properti genetik suatu tanaman sebelum melakukan proses budidaya lebih lanjut.

KESIMPULAN DAN SARAN

Identitas aksesori jagung NTT yang digunakan pada studi ini bisa dilacak dari keberadaan pita ukuran 700 bp pada UBC 809 dan 900 bp pada UBC 834. tetapi tidak ada pita spesifik yang menunjukkan identitas kultivar. Identitas yang lebih akurat bisa ditanggulangi dengan penggunaan marka molekuler dan sampel jagung yang lebih banyak. Rentang keragaman genetik berdasarkan profil ISSR dan gabungan ISSR dan karakter buli jagung sebesar 50-73% pada studi ini menunjukkan keragaman genetik yang sedang. Hasil analisis pengelompokkan dan ordinasasi menunjukkan bahwa aksesori jagung yang digunakan pada studi ini mengelompok secara acak dan tidak berdasarkan ras ataupun progeni.

DAFTAR PUSTAKA

- AFSIS. 2009. ASEAN Food Security Information and Training (AFSIT) Project, AFSIS, Bangkok.
- Azrai, M. 2006. Sinergi teknologi marka molekuler dalam pemuliaan tanaman jagung. *Jurnal litbang Pertanian* 25(3): 81-89
- Campbell, BC., S. LeMare, G. Piperidis, & ID. Godwin. 2011. IRAP, a retrotransposon-based marker system for the detection of somaclonal variation in barley. *Molecular Breeding* 27(2): 193-206.
- Doyle, JJ. & JL. Doyle. 1990. Isolation of plant DNA from fresh tissue. *Focus* 12: 13-15.
- Fracaro, F. & S. Echeverrigaray. 2006. Genetic variability in *Hesperozygis ringens* Benth. (Lamiaceae), an endangered aromatic and medicinal plant of Southern Brazil. *Biochem genet* 44(11/12). DOI: 10.1007/s10528-006-9044-z
- Febriani, Y., S. Ruswandi, M. Rachmady, & D. Ruswandi. 2008. Keragaman galur-galur murni elite baru jagung Unpad di Jatinangor-Indonesia. *Zuriat* 19(1): 104-115.
- Hosang, EY., MW. Shuterland, NP. Dalgliesh, JPM. Whish. 2010. Agronomic performance of landrace and certified seeds of maize in West Timor, Indonesia. *In*: H. Dove and RA. Culvenor. Proceeding of the 5th Agronomy confrence 2010. 15-18 Nov 2010. Lincoln, New Zealand. (http://regional.org.au/au/asa/2010/farming-systems/International/7190_hosangey.htm#TopOfPage)
- Isshiki, S., N. Iwata, & MMR. Khan. 2008. ISSR variation in eggplant (*Solanum melongena* L.) and related *Solanum* species. *Sci. Hort.* 117: 186-190

- Liu, J., L. Wang, Y. Geng, Q. Wang, L. Luo, & Y. Zhong. 2006. Genetic diversity and population structure of *Lamiophlomis rotata* (Lamiaceae), an endemic species of Qinghai-Tibet Plateau. *Genetica* 28:385-394.
- Mattioni, C., M. Casasoli, M. Gonzales, & R. Ipinza. 2002. Comparison of ISSR and RAPD markers to characterise three Chilean *Notofagus* species. *Theor. Appl. Genet.* 104: 1064-1070.
- Naiola BP, T Murningsih, W Widiyono, Saefudin, SB. Sulianti, & F Syarif. 2011. Pengembangan Model Usahatani Berbasis Energi Matahari dan Embung pada Tanaman Jagung dan Hortikultura di Kabupaten Kupang, NTT. *Laporan Akhir Program Insentif Peneliti Dan Perekayasa LIPI Tahun 2011*. LIPI dan Kementerian Riset dan Teknologi.
- Naiola BP, T Murningsih, Kusumadewi S. Yulita, Saefudin, & SB. Sulianti. 2012. Penyediaan Kebutuhan Pakan Ternak Berbasis Limbah Tanaman Jagung Varietas Lokal NTT untuk Mendukung Program Sejuta Sapi Nasional. *Laporan Akhir Insentif Peningkatan Kemampuan Peneliti dan Perekayasa*. Insentif Peningkatan Kemampuan Peneliti dan Perekayasa. Lembaga Ilmu Pengetahuan Indonesia dan Kementerian Riset dan Teknologi.
- Rachman, B. 2003. Dinamika harga dan perdagangan komoditas jagung. *Socio-economic Agri. Agribus. (SOCA) J.* 3(1): 1-15.
- Rohlf, FJ. 1998. NTSYS-PC. Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis. Version 2.02i. New York: Exeter Software.
- Rucinska, A., & J. Pulchaski. 2010. Comparative molecular studies on the genetic diversity of an ex situ garden collections and its source population of the critically endangered polish endemic plant *Cochlearia polonica* E. Froehlich. *Biodivers Conserv* DOI: 10.1007/s10531-010-9965-z
- Ruswandi, D. N. Wicaksana, MB Pabendon, M. Azrai, M. Rachmadi, A. Ismail, N. Carsono, F. Damayanti, & F. Kasim. 2005. Molecular characterization of quality protein maize and downy mildew resistance lines based on simple sequence repeats (SSRs). *Zuriat* 16(1): 21-37.
- Suhariyanto, K. 2000. Maize production and cost structure in Indonesia. Presented at the third annual workshop of the Asian Maize Socio Economics Working Group in Ho Chin Minh City, Vietnam, 26-29 June 2000.
- Sutoro & N. Zuraida. Pengelolaan Plasma Nutfah Jagung. [Http://pustaka.litbang.deptan.go.id/bppi/lengkap/bppi10252.pdf](http://pustaka.litbang.deptan.go.id/bppi/lengkap/bppi10252.pdf)
- Swastika, DKS., F. Kasim, K. Suhariyanto, W. Sudana, R. Hendayana, RV. Gerpacio, & PL. Pingali. 2004. Maize in Indonesia: Production Systems, Constraints, and Research Priorities. Mexico, DF.: CCMYT. 40 pp.
- Tingey, SV., JA. Rafalski, & MK. Hanafey. 1994. Genetic analysis with RAPD markers. In: Coruzzi C, Puidormenech P (eds). *Plant Molecular Biology*. Berlin: Pringer. p. 491-498.
- Yadav, PV., KU. Suprasanna, Gopalrao, & BV. Anant. 2006. Molecular profiling using RAPD technique of salt and drought tolerant regenerants of sugarcane. *Sugar Tech.* 8(1): 63-68.
- Zietkiewicz, E., A. Rafalski, & D. Labuda. 1994. Genomic fingerprinting by simple sequence repeat (SSR)-anchored polymerase chain reaction amplification. *Genomics* 20:176-183.