

**ANALISIS KERAGAMAN GENETIK POPULASI CABAI (*Capsicum
annuum*) F2 HASIL PERSILANGAN LARIS DAN SSP MENGGUNAKAN
MARKA MOLEKULAR SSR**



**AFIFAH ANGGRAINI
NIM.18032081/2018**

**JURUSAN BIOLOGI
FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM
UNIVERSITAS NEGERI PADANG**

2022

**ANALISIS KERAGAMAN GENETIK POPULASI CABAI (*Capsicum
annuum*) F2 HASIL PERSILANGAN LARIS DAN SSP MENGGUNAKAN
MARKA MOLEKULAR SSR**

SKRIPSI

Diajukan Sebagai Salah Satu Persyaratan Memperoleh Gelar

Sarjana Sains



OLEH:

AFIFAH ANGGRAINI

NIM.18032081/2018

**PROGRAM STUDI BIOLOG
JURUSAN BIOLOGI
FAKULTAS MATEMATIKA DAN ILMU PENGETAHUAN ALAM
UNIVERSITAS NEGERI PADANG
2022**

PERSETUJUAN SKRIPSI

ANALISIS KERAGAMAN GENETIK POPULASI CABAI (*Capsicum annuum*) F2 HASIL PERSILANGAN LARIS DAN SSP MENGGUNAKAN MARKA MOLEKULAR SSR

Nama : Afifah Anggraini
NIM/TM : 18032081/2018
Program Studi : Biologi
Jurusan : Biologi
Fakultas : Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam

Padang, 25 Februari 2022

Disetujui Oleh

Pembimbing 1



Dr. Dwi Hilda Putri, S.Si., M. Biomed.
NIP. 197508152006042001

Pembimbing 2



Dr. Wahyuni, M. Biomed.
NIP. 19780623200502002

Mengetahui:
Ketua Jurusan Biologi



Dr. Dwi Hilda Putri, S.Si., M. Biomed.
NIP. 197508152006042001

PENGESAHAN LULUS UJIAN SKRIPSI

Nama : Afifah Anggraini
NIM/TM : 18032081/2018
Program Studi : Biologi NK
Jurusan : Biologi
Fakultas : Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam

ANALISIS KERAGAMAN GENETIK POPULASI CABAI (*Capsicum annuum*) F2 HASIL PERSILANGAN LARIS DAN SSP MENGGUNAKAN MARKA MOLEKULAR SSR

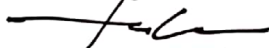
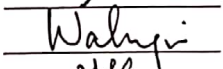
Dinyatakan lulus setelah dipertahankan di depan Tim Penguji Skripsi
Jurusan Biologi Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam
Universitas Negeri Padang

Padang, 25 Februari 2022

Tim Penguji

	Nama
Ketua	: Dr. Dwi Hilda Putri, S.Si., M.Biomed
Anggota	: Dr. Wahyuni, M.Biomed
Anggota	: Dr. Yuni Ahda, S.Si., M.Si
Anggota	: Afifatul Achyar, S.Si., M.Si

Tanda tangan



SURAT PERNYATAAN TIDAK PLAGIAT

Saya yang bertanda tangan di bawah ini:

Nama : Afifah Anggraini

NIM/TM : 18032081/2018

Program Studi : Biologi

Jurusan : Biologi

Fakultas : Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam

Dengan ini menyatakan bahwa, skripsi saya dengan judul “Analisis Keragaman Genetik Populasi Cabai (*Capsicum annuum*) F2 Hasil Persilangan Laris Dan SSP Menggunakan Marka Molekular SSR” adalah benar merupakan karya sendiri, bukan hasil plagiat dari karya orang lain. Sepanjang pengetahuan saya tidak terdapat karya yang ditulis dan diterbitkan orang lain kecuali sebagai acuan atau kutipan dengan mengikuti tata penulisan karya ilmiah yang lazim.

Demikianlah pernyataan ini saya buat dengan penuh kesadaran dan rasa tanggung jawab sebagai anggota masyarakat ilmiah.

Padang, 07 Maret 2022

Diketahui oleh,
Ketua Jurusan Biologi



Dr. Dwi Hilda Putri, S.Si, M.Biomed
NIP. 19750815 2006042 001

Saya yang menyatakan,



Afifah Anggraini
NIM. 18032081

Analisis Keragaman Genetik Populasi Cabai (*Capsicum annuum*) F2 Hasil Persilangan Laris dan SSP Menggunakan Marka Molekular SSR

Afifah Anggraini

ABSTRAK

Cabai merah merupakan tanaman hortikultura yang cukup penting di Indonesia karena kebutuhan yang tinggi terhadap komoditas tersebut. Untuk mendapatkan varietas unggul, perlu dilakukan pemuliaan tanaman menggunakan marka molekular. Salah satu marka molekular yang banyak digunakan adalah *Simple sequence repeat* (SSR). Tujuan penelitian ini untuk mengkarakterisasi profil genetik tanaman populasi cabai F2 hasil persilangan Laris dan SSP menggunakan marka molekular SSR.

Penelitian ini merupakan penelitian deskriptif. DNA diisolasi dari daun cabai menggunakan metode tanpa CTAB. Analisis marka molekular SSR dilakukan dengan teknik PCR menggunakan 9 primer spesifik. Hasil PCR dianalisis pada *gel acrylamide* 12%. Analisis polimorfisme dilakukan dengan mengamati jumlah pita DNA yang teramplifikasi pada populasi F2 dibandingkan dengan tetua. Selanjutnya penurunan marka dari tetua ke populasi F2 dilakukan dengan membandingkan keberadaan pita DNA pada populasi F2 dengan tetua. Pengelompokan data dan pembuatan dendrogram filogenetik menggunakan algoritma UPGMA dan indeks keragaman *jaccard similarity*.

Hasil penelitian ini menunjukkan bahwa Primer-primer yang dapat memunculkan polimorfisme antara individu populasi F2 yaitu CAMS-094, CAMS-301, CAMS-406, CAMS-839, NG-4, NG-9, NG-10, dan NG-33. Karakterisasi produk amplifikasi DNA dengan nilai kemiripan tertinggi diperoleh oleh pasangan 6.34 dengan 6.36. Sedangkan nilai kemiripan terendah diperoleh oleh pasangan Laris dengan 6.13, 6.18 dengan 6.16, dan 6.23 dengan 6.24. Jenis marka yang paling banyak membawa pita kedua tetua terdapat pada primer CAMS-094 dengan jumlah sebanyak 15 individu. Selanjutnya untuk jumlah marka yang paling sedikit membawa pita kedua tetua terdapat pada primer NG-5 yaitu tidak ditemukan pita yang membawa pita kedua tetua.

Kata kunci: *Capsicum annuum*, Laris dan SSP, Marka molekular, SSR.

Analysis of Population Genetic Diversity of Chili (*Capsicum annuum*) F2 Results of Crossing Best Selling and Ssp Using Molecular Markers SSR

Afifah Anggraini

ABSTRACT

Red chili is a horticultural crop that is quite important in Indonesia because of the high demand for this commodity. To get superior varieties, it is necessary to carry out plant breeding using molecular markers. One of the most widely used molecular markers is Simple sequence repeat (SSR). The purpose of this study was to characterize the genetic profile of the F2 chili population from a cross between Laris and SSP using SSR molecular markers.

This research is a descriptive research. DNA was isolated from chili leaves using the method without CTAB. SSR molecular marker analysis was carried out by PCR technique using 9 specific primers. PCR results were analyzed on 12% acrylamide gel. Polymorphism analysis was carried out by observing the number of amplified DNA bands in the F2 population compared to the parents. Furthermore, the decrease in markers from the parents to the F2 population was carried out by comparing the presence of DNA bands in the F2 population with the parents. Grouping the data and making phylogenetic dendograms using the UPGMA algorithm and the jaccard similarity diversity index.

The results of this study indicate that the primers that can give rise to polymorphisms between individuals in the F2 population are CAMS-094, CAMS-301, CAMS-406, CAMS-839, NG-4, NG-9, NG-10, and NG-33. The characterization of DNA amplification products with the highest similarity values was obtained by pair 6.34 with 6.36. While the lowest similarity value was obtained by the pair Laris with 6.13, 6.18 with 6.16 and 6.23 with 6.24. The type of marker that carried the most bands of both parents was found in the CAMS-094 primer with a total of 15 individuals. Furthermore, the lowest number of markers carrying the bands of the two parents was found in the NG-5 primer, that is there was no band that carried the bands of the two parents.

Keywords: *Capsicum annuum*, *Laris and SSP*, *Molecular markers*, *SSR*.

KATA PENGANTAR



Puji dan syukur kepada Allah Subhanahu Wa Ta'ala yang telah memberikan rahmat dan karunia-Nya sehingga penulis dapat melaksanakan penelitian dan menyelesaikan skripsi ini yang berjudul **-ANALISIS KERAGAMAN GENETIK POPULASI CABAI (*Capsicum annuum*) F2 HASIL PERSILANGAN LARIS DAN SSP MENGGUNAKAN MARKA MOLEKULAR SSR**. Sholawat beriring salam kepada Nabi Muhammad Shallallahu _Alaihi Wa Sallam sebagai uswatun hasanah junjungan umat seluruh alam.

Penulisan skripsi ini bertujuan untuk memenuhi salah satu persyaratan memperoleh gelar Sarjana Sains Jurusan Biologi Fakultas Matematika dan Ilmu Pengetahuan Alam Universitas Negeri Padang. Dalam menyelesaikan skripsi ini penulis tidak terlepas dari dukungan dan bantuan berbagai pihak. Oleh karena itu, ucapan terimakasih penulis sampaikan kepada :

1. Ibu Dr. Dwi Hilda Putri, S.Si, M.Biomed sebagai pembimbing I, yang telah memberikan waktu, pikiran, dan tenaga untuk membimbing dan mengarahkan penulis dalam menyelesaikan skripsi.
2. Ibu Dr. Wahyuni, S.Si, M.Biomed sebagai pembimbing II, yang telah memberikan waktu, pikiran, dan tenaga untuk membimbing dan mengarahkan penulis dalam menyelesaikan skripsi.
3. Ibu Dr. Yuni Ahda, S.Si, M.Si, sebagai dosen penguji, yang telah memberikan kritikan dan saran dalam penulisan skripsi.
4. Ibu Afifatul Achyar, M.Si sebagai dosen penguji, yang telah memberikan masukan, kritikan, saran, dan dukungan kepada penulis dalam menyelesaikan skripsi.
5. Ibu dr. Elsa Yuniarti, S.Ked, M.biomed., AIFO-K sebagai pembimbing akademik yang telah memberikan nasehat dan saran selama di Jurusan Biologi.

6. Bapak/Ibu dosen staf Jurusan Biologi yang telah memberikan ilmu dan membantu untuk kelancaran penyelesaian skripsi ini.
7. Kedua Orang Tua Tercinta, Terkasih, dan Tersayang, Ayahanda , dan Ibunda yang senantiasa memberikan do'a, dukungn, arahan, dan semangat, yang selalu mengiringi setiap langkah perjalanan penulis dalam proses menempuh pendidikan hingga penyelesaian skripsi ini.
8. Annisa Mirti, Zia Muliani, Farel Gusdiansyah, Ferdian Saputra, sebagai teman seperbimbingan yang tersayang yang senantiasa memberikan dukungan dan bantuan. Penulis bersyukur dapat berproses bersama dari awal hingga detik ini.
9. Azzahrah Khairunnisa dan Nur Azzima, partner seperjuangan tersolid, yang selalu menemani, melengkapi, membantu dan mendukung dalam lika-liku penelitian hingga penyelesaian skripsi.
10. Keluarga besar Biologi 2018 yang selalu memberikan do'a dan dukungan.

Semoga bantuan yang Bapak/Ibu serta rekan-rekan berikan bernilai ibadah dan mendapatkan pahala dari Allah Subhanahu Wa Ta'ala. penulis menyadari bahwa skripsi ini banyak terdapat kekurangan, oleh karena itu penulis dengan sangat senang hati menerima kritik dan saran yang membangun. Penulis berharap penulisan skripsi ini dapat bermanfaat bagi penulis maupun bagi semua orang yang membacanya.

Padang,

Penulis

DAFTAR ISI

	Halaman
ABSTRAK	i
KATA PENGANTAR.....	iii
DAFTAR ISI.....	v
DAFTAR TABEL	vi
DAFTAR GAMBAR.....	vii
DAFTAR LAMPIRAN	viii
BAB I PENDAHULUAN.....	1
A. Latar Belakang	1
B. Rumusan Masalah	5
C. Tujuan Penelitian.....	5
D. Manfaat Penelitian.....	5
BAB II TINJAUAN PUSTAKA.....	6
A. Cabai (<i>Capsicum annuum</i> L.).....	6
B. Variasi Genetik.....	9
C. Marka Molekular	11
D. Marka SSR	15
BAB III METODE PENELITIAN	18
A. Jenis Penelitian	18
B. Waktu dan Tempat	18
C. Alat dan Bahan	18
D. Prosedur Penelitian.....	21
E. Analisis Data.....	26
BAB IV HASIL DAN PEMBAHASAN.....	27
A. Hasil	27
B. Pembahasan	46
BAB V KESIMPULAN DAN SARAN	51
A. Kesimpulan.....	51
B. Saran.....	51
DAFTAR PUSTAKA	52
LAMPIRAN.....	61

DAFTAR TABEL

Tabel	Halaman
1. Primer SSR.....	20
2. Sampel Daun Cabai.....	20
3. Komponen PCR SSR <i>mix</i>	23
4. Kondisi Program PCR SSR.....	25
5. Primer yang dapat memunculkan polimorfisme	27
6. Hasil amplifikasi marka molekular pada cabai Laris dan SSP	29
7. Marka yang diturunkan ke tetua.....	32

DAFTAR GAMBAR

Gambar	Halaman
1. Cabai Besar	7
2. Hasil Amplifikasi 37 aksesori dengan sembilan primer SSR.....	30
3. Dendogram 37 aksesori Cabai Merah (Laris dan SSP).....	30

DAFTAR LAMPIRAN

Lampiran	Halaman
1. Hasil Skoring masing masing sampel menggunakan primer CAMS-094.	50
2. Hasil Skoring masing masing sampel menggunakan primer CAMS-301.	51
3. Hasil Skoring masing masing sampel menggunakan primer CAMS-406.	52
4. Hasil Skoring masing masing sampel menggunakan primer CAMS-839.	52
5. Hasil Skoring masing masing sampel menggunakan primer NG-4.....	54
6. Hasil Skoring masing masing sampel menggunakan primer NG-5.....	55
7. Hasil Skoring masing masing sampel menggunakan primer NG-9.....	55
8. Hasil Skoring masing masing sampel menggunakan primer NG-10.....	57
9. Hasil Skoring masing masing sampel menggunakan primer NG-33.....	58
10. Jumlah total alel teramplifikasi pada masing-masing primer	59
11. Cara menentukan jumlah alel teramplifikasi.....	67
12. Cara menentukan tingkat polimorfisme primer	69
13. Nilai <i>Similarity And Distance Indicate Jaccard</i>	70

BAB I PENDAHULUAN

A. Latar Belakang

Cabai (*Capsicum annuum*) merupakan tanaman perdu tahunan yang tergolong ke dalam famili Solanaceae. Tanaman ini dibudidayakan pada iklim hangat diseluruh wilayah dunia, seperti Asia, Amerika Utara, Selatan dan Tengah, Eropa, dan Afrika tropis dan Subtropis (Thampi, 2004).

Cabai digunakan oleh masyarakat sebagai bahan pokok dalam pengolahan makanan. Umumnya cabai dikonsumsi mentah atau dalam bentuk bubuk sebagai bumbu atau sebagai pewarna. Karakter buah cabai dapat berupa manis, besar dan tebal (seperti paprika), atau tipis dan panas (seperti cabai rawit). Buah cabai dapat memiliki warna yang berbeda (hijau, kuning, orange dan merah) sesuai dengan tahap pematangan, kapasitas sintesis karotenoid, dan kandungan klorofil (Buckenhushkes, 2003). Salah satu jenis cabai yang banyak digunakan yaitu cabai merah.

Cabai merah menempati urutan keempat dalam daftar sayuran terpenting dalam ekonomi pangan global setelah tomat, mentimun dan bawang merah (Schreinemachers *et al.*, 2018). Survei pertanian hortikultura tanaman sayuran dan buah-buahan semusim menyebutkan bahwa cabai merah menjadi salah satu dari lima komoditas sayuran semusim dengan produksi terbesar. Berdasarkan data Kementerian Pertanian tahun 2019, rata-rata produksi cabai merah sekitar 1,12 juta ton/tahun (Badan Pengkajian dan Pengembangan Perdagangan, 2019).

Tingginya permintaan pasar terhadap cabai, kadang tidak diimbangi dengan ketersediaan produknya. Untuk meningkatkan produksi tanaman cabai, dapat

dilakukan dengan menghasilkan varietas unggul. Varietas unggul tanaman cabai merah yang diharapkan adalah varietas yang memiliki produktivitas tinggi, umur panen genjah (lekas berbuah), tahan terhadap serangan hama dan penyakit, daya simpan lebih lama, tingkat kepedasan tertentu dan kualitas buah yang sesuai dengan selera konsumen (Syukur, 2012).

Salah satu cara untuk perakitan varietas unggul adalah melalui proses pemuliaan tanaman (Purmaningtyas, 2019). Keberhasilan program pemuliaan tanaman salah satunya bergantung pada analisis keragaman genetik dan kekerabatan, baik antarspesies maupun antargenotipe (Mahatma *et al.*, 2009). Keanekaragaman genetik dapat terjadi karena adanya perubahan nukleotida penyusun DNA. Perubahan ini dapat mempengaruhi fenotipe secara langsung atau mempengaruhi reaksi individu terhadap lingkungan tertentu. Perubahan secara spesifik pada DNA suatu varietas dapat dijadikan sebagai marka molekuler dalam proses analisis keragaman genetik suatu varietas (Suryanto, 2003).

Penggunaan marka molekuler dapat dijadikan sebagai alternatif teknologi baru yang dimanfaatkan untuk pengujian kemurnian genetik benih yang cepat, tepat dan akurat. Pengujian ini dilakukan dengan melihat kemiripan atau kedekatan antara pola pita yang terbentuk antara suatu populasi dengan tetuanya atau dengan standar marka yang digunakan (Yashitola *et al.*, 2002). Selain itu, metode ini dapat mengidentifikasi tanaman dalam waktu yang singkat meskipun dalam jumlah yang besar.

Berbagai jenis marka DNA telah banyak digunakan untuk analisis diversitas genetik, diantaranya *Restriction Fragment Length Polymorphisms* (RFLPs), *Random Amplified Polymorphic DNA* (RAPD), *Amplified Fragment*

Length Polymorphism (AFLP), dan *Simple Sequence Repeat* (SSR) (Lee *et al.*, 2004). Penanda molekuler SSR telah banyak digunakan diberbagai spesies tanaman untuk identifikasi, analisis kultivar, studi populasi dan pemetaan hubungan genetik dari tanaman yang tahan terhadap kekeringan (Williams *et al.*, 1990; Mansour, 2009). Menurut Powell *et al.* (1996), beberapa pertimbangan untuk penggunaan markah SSR pada daerah mikrosatelit dalam studi genetik di antaranya adalah markah terdapat secara melimpah dan merata dalam genom, variabilitasnya sangat tinggi (banyak alel dalam lokus), sifatnya kodominan dan lokasi genom dapat diketahui, merupakan alat uji yang memiliki reproduksibilitas dan ketepatan yang sangat tinggi.

Marka molekuler SSR telah banyak digunakan pada berbagai studi, diantaranya analisis sidik jari DNA berbagai spesies tanaman kedelai (Santoso *et al.*, 2006; Risliawati *et al.*, 2015; Lestari *et al.*, 2016; Tasma *et al.*, 2018), kentang (Duan *et al.*, 2019), kelapa sawit (Tasma dan Arumsari 2013; Tasma *et al.*, 2013), dan ubi jalar (Meng *et al.*, 2018). Pada cabai, marka SSR telah diaplikasikan untuk berbagai tujuan, diantaranya analisis keragaman genetik dan identifikasi galur cabai hasil persilangan (Dhaliwal *et al.*, 2013), identifikasi plasma nutfah cabai koleksi Ifranch National Institute for Agricultural Research/INRA (Nicolai *et al.*, 2013), karakteristik plasma nutfah cabai asal Meksiko (Toledo-Aguilar *et al.*, 2016), analisis diversitas genetik cabai Indonesia (Wartono *et al.*, 2019).

Teknik SSR dapat dengan mudah diuji menggunakan teknik PCR (Schlotterer, 2004). Teknik ini dapat digunakan untuk mengidentifikasi variasi genetik berdasarkan perbedaan pita DNA polimorfisme yang teramplifikasi dengan primer SSR. Banyak pasangan primer SSR sudah dikembangkan oleh beberapa peneliti.

Berdasarkan hasil penelitian yang sudah dilakukan oleh peneliti-peneliti sebelumnya, menunjukkan bahwa tidak semua pasangan primer dapat menghasilkan pita polimorfik dengan persentase tinggi pada semua jenis dan varietas tanaman. Perlu dilakukan studi spesifik untuk menentukan primer apa saja yang dapat digunakan sebagai karakteristik profil genetik pada masing-masing tanaman (Guzmán *et al.*, 2020).

Khusus untuk tanaman cabai merah, di Indonesia terdapat banyak varietas yang tersebar luas, salah satunya varietas Laris dan SSP. Kedua varietas ini berasal dari Kota Bogor (Kwon *et al.*, 2005). Cabai Laris memiliki karakteristik berupa produktivitasnya tinggi, warna buah merah menyala, daging buah tebal dan memiliki rasa yang lebih pedas. Selanjutnya, cabai SSP memiliki ukuran yang tidak terlalu besar, memiliki rasa yang pedas, namun memiliki daya simpan buah yang lebih tahan lama dibandingkan dengan cabai keriting lainnya karena daging kulit buahnya tipis (Djarwaningsih, 2005). Penggabungan kedua karakter cabai ini diharapkan dapat menghasilkan jenis cabai baru dengan karakter yang lebih baik.

Lembaga Ilmu Pengetahuan Indonesia (LIPI) telah menyilangkan antar tetua Laris dan SSP. Hasil persilangan menghasilkan beberapa tanaman generasi kedua (F2) dan belum dilakukan analisis genetik pada cabai hasil persilangan ini. Berdasarkan uraian masalah yang sudah disampaikan, maka dilakukan penelitian dengan judul : Analisis keragaman genetik populasi cabai (*Capsicum annuum*) F2 hasil persilangan cabai varietas laris dan SSP menggunakan marka molekular SSR.

B. Rumusan Masalah

1. Apa saja primer-primer SSR yang dapat memunculkan polimorfisme antara individu populasi F2 ?
2. Bagaimana variasi genetik tanaman populasi F2 dengan molekuler SSR?
3. Apa saja marka molekuler yang dapat diturunkan oleh tetua ke populasi F2?

C. Tujuan Penelitian

1. Untuk mengetahui primer-primer SSR yang dapat memunculkan polimorfisme antara individu populasi F2.
2. Untuk melakukan karakterisasi genetik tanaman populasi F2 dengan marka molekuler SSR dibandingkan dengan tetuanya.
3. Untuk mengetahui marka molekuler mana saja yang diturunkan oleh setiap tetua ke populasi F2.

D. Manfaat Penelitian

1. Memberikan informasi kepada pemulia tanaman mengenai karakteristik genetik cabai Laris dan cabai SSP.
2. Memberikan informasi kepada pemulia tanaman dan peneliti mengenai marka molekuler yang dapat digunakan untuk mengkarakterisasi genetik cabai.
3. Sebagai informasi dasar untuk sistem seleksi tanaman cabai dan bahan acuan penelitian selanjutnya.