KEKERABATAN 22 KLON BAWANG MERAH BERDASARKAN MARKA MIKROSATELIT

Genetic Relationship off 22 Shallot Clones Base on Microsatelit Marker

Joko Pinilih, Meddy Rachmadi, Murdaningsih HK, dan Warid Ali Qosim

Universitas Gadjah Mada

email korespondensi: publikasi@pasca.unpad.ac.id

Abstrak

Bawang merah merupakan komoditas sayuran penting di Indonesia. Tujuan penelitian adalah untuk mempelajari hubungan kekerabatan 22 klon bawang merah. Penelitian dilaksanakan di Balai Besar Penelitian Bioteknologi dan Sumber Daya Genetik Pertanian di Bogor. Penelitian dilakukan pada bulan Oktober sampai dengan bulan Desember 2013. Hasil penelitian menunjukkan bahwa Tingkat kemiripan genetik (*genetic similarity*) dari 22 genotipe yang diuji berkisar antara 0,75 – 0,99, hal ini berarti diantara ke-22 genotipe mempunyai kekerabatan yang dekat.

Abstract

Shallot is important vegetable crops in Indonesia. The aim of research to study genetic relationship of 22 clones shallot with microsatellite molecular markers. Research was conducted at the Research Institute Biotechnology and Agricultural Genetic Resources in Bogor. The study was conducted in October to December, 2013. The results of research showed the genetic similarity of 22 genotypes were closely relationship about 0.75 to 0.99.

PENDAHULUAN

Bawang merah merupakan salah satu komoditas sayuran dataran rendah. Komoditas ini bukan merupakan kebutuhan pokok, namun hampir selalu dibutuhkan oleh konsumen rumah tangga sebagai pelengkap bumbu masak sehari-hari. Kegunaan lain dari bawang merah adalah sebagai obat tradisional (sebagai kompres penurun panas, diabetes, penurun kadar gula dan kolesterol darah, mencegah penebalan dan pengerasan pembuluh darah dan maag) karena bawang merah mengandung senyawa allin dan allisin yang bersifat bakterisida (Soetiarso dan Setiawati, 2005). Pesatnya peningkatan industri pengolahan makanan juga cenderung meningkatkan kebutuhan bawang merah di dalam negeri sebesar kurang lebih 5% setiap tahunnya di luar konsumsi untuk restoran, hotel dan industri olahan (Pasaribu dan Daulay, 2013).

Untuk kepentingan persilangan diperlukan adanya keragaman genetik. Keragaman genetik tersebut biasanya diperoleh dari varietas lokal, varietas hasil pemuliaan, introduksi dan klon klon hasil persilangan. Untuk memperkaya keragaman bawang merah dilakukan dengan cara eksplorasi ke daerah-daerah sentra produksi bawang merah (Kusandriani, 2008). Dari koleksi materi tersebut kemudian dilakukan persilangan guna menghasilkan keragaman genetik pada bawang merah untuk kepentingan seleksi pada program pemuliaan tanaman bawang merah. Pada bawang merah sudah sering dilakukan persilangan untuk merakit varietas baru yang unggul. Seleksi hasil persilangan akan efektif jika populasi yang diseleksi mempunyai keragaman genetik yang luas (Syukur dkk, 2015).

Untuk mengetahui hubungan kekerabatan 22 klon bawang merah tersebut maka perlu dilakukan analisis kekerabatan. Karakterisasi terhadap 22 klon bawang merah tersebut perlu dilakukan menganalisis kekerabatan antar klon-klon tersebut. Pelaksanaan kegiatan tersebut mengacu pada pedoman yang ditetapkan oleh lembaga Internasional untuk sumber daya genetik tanaman (IBPGR, 1992; Chaudhry, *et al.*, 1995).

Karakterisasi dapat dilakukan secara morfologi dan atau dengan marka molekuler. Untuk mengetahui

kekerabatan 22 klon bawang merah tersebut dapat diidentifikasi dengan menggunakan marka molekuler. Marka ini sudah banyak digunakan untuk identifikasi berbagai tanaman diantaranya yaitu karakterisasi plasma nutfah padi beras merah asal propinsi DIY (Utami dkk, 2009), marka mikrosatelit sebagai alternatif uji BUSS dalam perlindungan tanaman padi (Muljopawiro, 2007).

Pada penelitian ini akan digunakan penanda mikrosatelit atau *simple sequence repeat* (SSR) untuk menganalisis kekerabatan 22 klon bawang merah. Mikrosatelit adalah sekuens sederhana yang berulang-ulang yang melimpah dalam genom suatu spesies. Mikrosatelit memiliki pengulangan sekuens yang berurutan dua sampai 4 motif sekuens nukleotida sebagai sekuens konservatif. Marka ini sangat berguna sebagai marka genetik karena bersifat : kodominan, sehingga dapat mendeteksi keragaman alel pada level yang tinggi, mudah dan ekonomis dalam pengaplikasiannya karena menggunakan proses PCR (Tasliha dkk, 2013).

Analisis kekerabatan terhadap 22 klon bawang merah ini akan berguna dalam program pemuliaan bawang merah terutama dalam pemilihan tetua persilangan. Dari analisis kekerabatan tersebut akan diperoleh jarak genetik di antara 22 klon bawang merah tersebut. Persilangan antara tetua yang mempunyai jarak genetik berjauhan akan menghasilkan variabilitas genetik yang luas pada keturunannya.

METODE

Materi penelitian meliputi 22 klon bawang merah. Sampel untuk uji marka mikrosatelit, diambil dari 22 klon bawang merah yang ditanam di lapangan. Daftar klon – klon yang akan diuji dapat dilihat pada Tabel 1. Primer yang digunakan untuk uji marka molekuler dapat dilihat pada Tabel 2. Penelitian uji kekerabatan dengan marka mikrosatelit dilaksanakan di Balai Besar Penelitian Bioteknologi dan Sumber Daya Genetik Pertanian di Bogor. Penelitian dilakukan pada bulan Oktober sampai dengan bulan Desember 2013.

DNA bawang diisolasi dari jaringan daun yang segar mengikuti metode isolasi DNA Van Heusden *et al.* (2000). Bufer isolasi (BI) DNA yang digunakan terdiri dari tiga komponen, yaitu bufer lisis, bufer ekstraksi, dan sarkosyl 5% dengan rasio 2.5:2.5:1. Bufer lisis terdiri dari 0.2M TRIS-HCl pH 7.5, 0.05M EDTA, 2M NaCl, 2% (w/v) CTAB, sedangkan bufer ekstraksi mengandung 0.35 M sorbitol, 0.1 M TRIS-HCl, pH 7.5, 5 mM EDTA. Sekitar 0.25 g daun segar dimasukkan ke dalam tabung mikro berukuran 2 ml, dibekukan, dan digerus dengan bantuan nitrogen cair. Sebanyak 750 µl bufer isolasi (BI) DNA yang mengandung Na₂S₂O₅ (3.8g/l) ditambahkan ke dalam hasil gerusan dan campuran tersebut diinkubasi selama 1 jam pada penangas air 65°C. Selama proses inkubasi, tabung dibolak-balik secara perlahan setiap 15 menit guna menyempurnakan proses inkubasi. Selanjutnya DNA dipurifikasi dengan menambahkan 750 µl chloroform/isoamylalcohol (24:1) dan dicampur secara merata dengan cara membolak-balik tabung (10-20 kali). Kemudian suspensi disentrifugasi pada kecepatan 14000 rpm selama 5 menit dan supernatan dipindahkan ke dalam tabung mikro yang baru.

Tabel 1. Klon Klon Bawang Merah yang diuji

NO KLON	KLON	ASAL KLON
G1	KL 1039	Bauji X F10
G2	KL 1031	Bauji X Tiron
G3	KL 1041	Bauji X Maja
G4	KL 1047	Kuning X Maja
G5	KL 1050	Kuning X Tiron
G6	KL 1018	Kuning X F10
G7	KL SS-5	Bima X Tiron
G8	KL N5	Bima X katumi
G9	Bima	Lokal Brebes
G10	KL 1116	Tiron X Maja
G11	KL 1136	Bima X Menten
G12	KL 1152	Bauji X kuning
G13	Pikatan	Kuning X thailand
G14	Maja	Lokal Maja
G15	F 130	Bima X India
G16	KL 1152	Tiron X F10
G17	Sumenep	Lokal sumenep
G18	JK 88	Bima X Bali Karet
G19	JK 80	Bima X Menten
G20	Super Philips	introduksi
G21	JK 66	Kuning X Bauji
G22	Katumi	Bima X Super Philips

Analisis PCR dilakukan dengan total reaksi 20 µl mengandung 25 ng DNA genomik cetakan, masing-masing dNTP 0.1 M (dATP, dCTP, dGTP, dan dTTP), masing-masing primer 0.25µM, enzim Taq DNA polymerase 1 unit dalam larutan buffer 1X (FastStart, produk Roche). Reaksi amplifikasi dilakukan berdasarkan metode (Masuzaki *et al.*, 2006) menggunakan mesin PCR MJ Research PCT-100. Program PCR terdiri dari tahapan pre-denaturasi pada

suhu 94°C selama 3 menit, dilanjutkan dengan 35 siklus denaturasi pada suhu 94°C selama 30 detik, annealing pada suhu 50-60°C selama 45 detik, dan ekstension 72°C selama 45 detik. Pada tahap terakhir proses PCR dilakukan ekstension akhir pada suhu 72°C selama 5 menit. Produk PCR diseparasi dengan teknik elektroforesis pada poliakrilamid 6% . Sebanyak 3 ul produk PCR dan 1 ul *loading dye* beserta 100-bp DNA ladder sebagai marker (*invitrogen*) dimasukkan ke dalam masing-masing sumuran gel dan diseparasi dengan arus sebesar 60-100 volt selama 1-1.5 jam. Selanjutnya DNA distaining (diwarnai) dengan merendam gel dalam larutan ethidium bromide (1 mg/L) selama 10-20 menit dan fragmen DNA hasil amplifikasi divisualisasi di bawah sinar UV dan didokumentasi dengan bantuan alat Chemi-doc transilluminator.

Pada uji marka mikrosatelit analisis data akan dilakukan berdasarkan hasil skoring pola pita DNA yang muncul pada gel poliakrilamid. Hasil skoring dalam bentuk data biner, jika ada pita diberi skor 1 dan jika tidak ada pita diberi skor 0. Data hasil pengamatan yang telah diperoleh kemudian dianalisis dengan menggunakan program atau software NTSYS-pc versi 2.1. Dari analisis data tersebut selanjutnya akan dihasilkan dendrogram. Dari dendrogram tersebut kemudian dapat diketahui pola hubungan kekerabatan 22 klon bawang merah. Jarak genetik dihitung dengan rumus $S = 1 - GS$, dimana S : jarak genetic dan GS : Kemiripan genetik (Genetic Similarity).

Tabel 2. Daftar 20 primer yang digunakan untuk uji marka mikrosatelit

b h	Primer	Forward (5-3)	Reverse (5-3)
1	AMS02	GCATTAACATCTAAACATTG	CCATCAACTCATAACAGGT
2	AMS03	TAACCCTAGGATGAGTTGAG	GGATTCCTCTTGAGATGA
3	AMS04	TATGTTTTAGCTGCGATGTGAG	AAATCTAAGCAGGATACCAAGTG
4	AMS06	GGTGATAGGGTCTCATCTG	ATTGATTGTTGTTGGATGTG
5	AMS07	TGCGAATGTGAGGTTTCTGC	CGACCCGAAATTCGATC
6	AMS08	GCCACGATGTTGAGATTTCG	CCCGAATATCCACCAGTTTC
7	AMS09	ACAACCTTCAATTGCATTC	CGTGGACTAACTACTATCTATC
8	AMS10	TTCATGTTGTATTGAGATTTCG	GAAGGAATGGAAGCAGTTTC
9	AMS12	AATGTTGCTTCTTTAGATGTTG	TGCAAAATTAAGCAAACTG
10	AMS13	ACCTTTTAAATTGACGATATTC	CTGCACTATCTCGTGTATTTTC
11	AMS14	CCCCTGAGTAAATCAAAATCC	TCCTTAGTATAATTTCGGGGTAAC
12	AMS16	CTGCATTAACAACCAAACTTG	GAGCTCCACTTCTTCCAACTAG
13	AMS17	AGTGGAATCAAGGCAGATG	ATCACCATTACCGTTTACT
14	AMS18	ACTCGGGTGTATTCCAT	CCAATCAGACATACCATAAATC
15	AMS19	GCTCTGATACCAATGTAACGA	CGAATGTGAGGTTTCTGTC
16	AMS21	GGTTGTTTCCACTACACTTGAG	CGTCCTTGGTATTCCTGTGTC
17	AMS23	GCTGTTCACTGGTCTATCTGG	ATTCGGTGCTGATTTTCG
18	AMS25	GAGGGCAGTGTAGCATTC	GCAACCTTCCCCGAGAG
19	AMS26	ATCTAATCAAAGCATAGTTG	TTGTCCAAGTAGTTGTGA
20	AMS28	GTTGCTCTTTCGTTTAC	ATGTTTCATCAATGTCC

HASIL DAN PEMBAHASAN

Pada analisis kekerabatan 22 klon bawang merah ini bertujuan untuk mengetahui pola hubungan kekerabatan antar klon – klon tersebut. Dari 22 klon tersebut terdiri atas hasil – hasil silangan dan lima klon bawang merah merupakan varietas yang sudah dilepas. Empat klon diantara lima klon tersebut merupakan tetua persilangan. Empat klon tersebut adalah Bima, bauji, kuning dan Maja. Sedangkan Sumenep tidak digunakan untuk tetua persilangan karena klon tersebut tidak bisa berbunga. Dengan demikian pada -

analisis kekerabatan ini dapat diketahui juga hubungan kekerabatan antara tetua dan keturunannya. Analisis kekerabatan berguna untuk mengetahui pola pengelompokan genotip dari 22 klon bawang merah yang di analisis. Hasil pengelompokan dapat digunakan sebagai dasar untuk memilih tetua persilangan. Tetua persilangan yang dapat digunakan adalah yang berkerabat jauh yang diharapkan dapat menghasilkan keturunan dengan variabilitas genetik yang besar. Jika tetua persilangan berkerabat dekat maka akan menghasilkan keturunan dengan variabilitas genetik yang sempit bahkan bisa terjadi *inbreeding*.

Setelah mendapatkan DNA 22 klon bawang merah yang sudah diisolasi tahapan selanjutnya adalah amplifikasi PCR dengan menggunakan 20 primer. Reaksi amplifikasi dilakukan berdasarkan metode (Masuzaki *et al.*, 2006) menggunakan mesin PCR MJ Research PCT-100. Produk PCR diseparasi dengan teknik elektroforesis pada poliakrilamid 6%. Hasil elektroforesis kemudian divisualisasi di bawah sinar UV dan didokumentasi dengan bantuan alat Chemi-doc transluminator. Hasil dokumentasi elektroforesis pada gel poliakrilamid dapat dilihat pada Gambar 1.

DNA yang sudah melalui proses elektroforesis akan menghasilkan pita – pita DNA yang muncul atau terlihat pada gel poliakrilamid. Pita-pita tersebut di dinilai atau diskor dan hasil skoring berupa data biner dengan nilai 1 dan 0. Data hasil skoring kemudian dianalisis dengan program atau software NTSYS-pc versi 2.1. Dari analisis tersebut akan didapatkan dendogram. Dendogram tersebut kemudian dipakai untuk analisis kekerabatan 22 klon bawang merah. Dendogram hasil analisis data dari 22 klon bawang merah yang diuji dapat dilihat pada Gambar.2.

Hasil dendogram menunjukkan hampir semua genotip dapat dibedakan antara satu genotip dengan genotip lainnya. Dari dendogram tersebut maka ke 22 genotip tersebut bisa dikelompokkan. Melalui dendogram yang terbentuk bila ditarik garis memotong pada skala tingkat kekerabatan 0,83 maka akan

terbentuk dua kelompok atau kluster dan satu genotip yang berdiri sendiri. Kluster I terdiri atas 13 genotip yaitu genotip G1, G2, G3, G12, G10, G16, G17, G4, G13, G5, G21, G6 dan G14. Kluster II terdiri atas 8 genotip yaitu genotip G7, G8, G11, G20, G22, G9, G18 dan G19. Sedangkan genotip yang berdiri sendiri adalah genotip G15.

Tingkat kemiripan genetik (*genetic similarity*) dari 22 genotipe yang diuji berkisar antara 0,75 – 0,99, hal ini berarti diantara ke-22 genotipe mempunyai kekerabatan yang dekat. Nilai tingkat kemiripan genetik ini dapat dilihat pada tabel 3. Nilai kemiripan genetik merupakan nilai yang menunjukkan diantara genotip – genotip yang diuji.

Hasil analisis kekerabatan 22 genotip bawang merah ini ternyata berbeda dengan tanaman lain misalnya tanaman shorgum. Pengujian kekerabatan terhadap shorgum telah dilakukan oleh (Dualembang, 2012) yang hasilnya nilai kemiripan genetiknya atau tingkat kekerabatannya sebesar 0,15 – 0,90. Artinya dari genotip – genotip shorgum yang dianalisis hubungan kekerabatannya ternyata mempunyai hubungan kekerabatan dari dekat sampai jauh. Tanaman shorgum yang dianalisis kekerabatannya tersebut mempunyai variabilitas genetik yang luas. Hal ini menguntungkan bagi kegiatan pemuliaan tanaman. Hal sebaliknya terjadi pada bawang merah yang semua genotipnya berkerabat dekat sehingga akan kesulitan untuk memilih tetua persilangan dalam rangka memperoleh varietas baru. Diantara klon – klon bawang merah mempunyai tingkat kekerabatan yang dekat diduga dikarenakan bawang merah yang dibudidayakan di Indonesia di kembangbiakkan secara vegetatif sehingga sulit terjadi variasi diantara varietas – varietas bawang merah yang ada di Indonesia.

Berdasarkan hubungan kekerabatan diantara 22 genotip maka diperoleh kisaran nilai jarak genetik 0,01 – 0,32. Nilai jarak genetik selengkapnya dapat dilihat pada matrik jarak genetik pada tabel 3. Nilai

Gambar 1. Visualisasi pola pita DNA pada 22 klon bawang merah dengan penanda mikrosatelit

Gambar 2. Dendogram 22 Klon bawang merah berdasarkan kemiripan genetik

jarak genetik tersebut tergolong rendah yang artinya variabilitas genetik dari 22 genotip tersebut sempit. Pasangan genotip paling berkerabat dekat adalah genotip 20 dan genotip 22 yang mempunyai nilai jarak genetik 0,01. Sedangkan pasangan genotip yang paling berkerabat jauh adalah genotip G15 dan genotip 22 yang mempunyai nilai jarak genetik 0,32. Namun kisaran nilai jarak genetik 22 genotip bawang merah tersebut bagaimanapun juga tergolong kecil sehingga apabila individu – individu tersebut disilangkan tidak akan didapatkan keragaman genetik yang luas pada keturunannya. Hal ini pastinya akan menyulitkan pemulia untuk merakit varietas baru bawang merah.

Tabel 3. Matrik Kemiripan Genetik 22 Klon Bawang Merah

	G1	G2	G3	G4	G5	G6	G7	G8	G9	G10	G11	G12	G13	G14	G15	G16	G17	G18	G19	G20	G21	G22
G1	1.00																					
G2	0.95	1.00																				
G3	0.93	0.93	1.00																			
G4	0.83	0.83	0.84	1.00																		
G5	0.79	0.81	0.81	0.88	1.00																	
G6	0.77	0.79	0.81	0.86	0.90	1.00																
G7	0.74	0.76	0.81	0.83	0.81	0.90	1.00															
G8	0.75	0.77	0.77	0.85	0.83	0.82	0.92	1.00														
G9	0.71	0.75	0.73	0.85	0.87	0.89	0.85	0.88	1.00													
G10	0.83	0.83	0.83	0.81	0.83	0.86	0.83	0.85	0.85	1.00												
G11	0.77	0.76	0.77	0.86	0.84	0.84	0.90	0.94	0.87	0.84	1.00											
G12	0.85	0.87	0.90	0.82	0.85	0.83	0.83	0.81	0.79	0.87	0.82	1.00										
G13	0.83	0.83	0.85	0.90	0.89	0.87	0.83	0.88	0.84	0.85	0.87	0.88	1.00									
G14	0.83	0.81	0.83	0.79	0.84	0.86	0.76	0.78	0.82	0.83	0.77	0.87	0.85	1.00								
G15	0.75	0.75	0.77	0.78	0.80	0.77	0.71	0.69	0.74	0.75	0.70	0.76	0.76	0.73	1.00							
G16	0.83	0.85	0.89	0.83	0.85	0.83	0.85	0.84	0.81	0.89	0.83	0.90	0.88	0.82	0.79	1.00						
G17	0.88	0.88	0.88	0.86	0.90	0.88	0.84	0.85	0.82	0.91	0.86	0.89	0.90	0.83	0.78	0.94	1.00					
G18	0.82	0.85	0.82	0.83	0.82	0.83	0.85	0.90	0.84	0.89	0.89	0.86	0.86	0.80	0.74	0.90	0.89	1.00				
G19	0.76	0.77	0.77	0.77	0.72	0.77	0.84	0.80	0.78	0.84	0.83	0.83	0.77	0.74	0.77	0.85	0.81	0.90	1.00			
G20	0.75	0.75	0.75	0.80	0.82	0.83	0.87	0.90	0.88	0.87	0.90	0.81	0.83	0.77	0.69	0.83	0.85	0.86	0.82	1.00		
G21	0.84	0.86	0.86	0.91	0.91	0.88	0.79	0.80	0.85	0.83	0.79	0.82	0.87	0.83	0.85	0.83	0.86	0.82	0.76	0.78	1.00	
G22	0.76	0.76	0.76	0.79	0.81	0.83	0.86	0.89	0.87	0.86	0.90	0.80	0.82	0.76	0.68	0.82	0.84	0.85	0.81	0.99	0.79	1.00

Nilai jarak genetik perlu diperhatikan karena dapat dipakai acuan untuk melakukan persilangan. Pasangan genotip yang berkerabat dekat yang ditandai dengan nilai jarak genetik yang kecil dihindari untuk disilangkan karena kalau dipaksakan tidak akan mendapatkan keragaman yang cukup pada keturunannya atau bahkan terjadi *inbreeding*. Pabendon *et al.* (2007), menyatakan pasangan genotip baik untuk disilangkan apabila mempunyai jarak genetik lebih dari 0,7. Oleh karena itu analisis kekerabatan sangat penting untuk program pemuliaan tanaman.

Tabel 4. Matrik Jarak Genetik 22 Klon Bawang Merah

	G1	G2	G3	G4	G5	G6	G7	G8	G9	G10	G11	G12	G13	G14	G15	G16	G17	G18	G19	G20	G21	G22
G1	0.00																					
G2	0.05	0.00																				
G3	0.07	0.07	0.00																			
G4	0.17	0.17	0.16	0.00																		
G5	0.21	0.19	0.19	0.12	0.00																	
G6	0.23	0.21	0.19	0.14	0.10	0.00																
G7	0.26	0.24	0.19	0.17	0.10	0.00	0.00															
G8	0.25	0.23	0.23	0.15	0.17	0.13	0.08	0.00														
G9	0.29	0.25	0.27	0.15	0.13	0.11	0.15	0.12	0.00													
G10	0.17	0.17	0.17	0.19	0.17	0.14	0.17	0.15	0.15	0.00												
G11	0.23	0.24	0.23	0.14	0.16	0.16	0.10	0.06	0.13	0.16	0.00											
G12	0.15	0.13	0.10	0.18	0.15	0.17	0.17	0.19	0.21	0.13	0.18	0.00										
G13	0.17	0.17	0.15	0.10	0.11	0.13	0.17	0.12	0.16	0.15	0.13	0.12	0.00									
G14	0.17	0.19	0.17	0.21	0.16	0.14	0.24	0.22	0.18	0.17	0.23	0.13	0.15	0.00								
G15	0.25	0.25	0.23	0.22	0.20	0.23	0.29	0.31	0.26	0.25	0.30	0.24	0.24	0.27	0.00							
G16	0.17	0.15	0.11	0.17	0.15	0.17	0.15	0.16	0.19	0.11	0.17	0.10	0.12	0.18	0.21	0.00						
G17	0.12	0.12	0.12	0.14	0.10	0.12	0.16	0.15	0.18	0.09	0.14	0.11	0.10	0.17	0.22	0.06	0.00					
G18	0.18	0.15	0.18	0.17	0.18	0.17	0.15	0.10	0.16	0.11	0.11	0.14	0.14	0.20	0.26	0.10	0.11	0.00				
G19	0.24	0.23	0.23	0.23	0.28	0.23	0.16	0.20	0.22	0.16	0.17	0.17	0.23	0.26	0.23	0.15	0.19	0.10	0.00			
G20	0.25	0.25	0.25	0.20	0.18	0.17	0.13	0.10	0.12	0.13	0.10	0.19	0.17	0.23	0.31	0.17	0.15	0.14	0.18	0.00		
G21	0.16	0.14	0.14	0.09	0.09	0.12	0.21	0.20	0.15	0.17	0.21	0.18	0.13	0.17	0.15	0.17	0.14	0.18	0.24	0.22	0.00	
G22	0.24	0.24	0.24	0.21	0.19	0.17	0.14	0.11	0.13	0.14	0.10	0.20	0.18	0.24	0.32	0.18	0.16	0.15	0.19	0.01	0.21	0.00

Bila dilihat kembali pada penelitian ini masih terdapat pasangan persilangan yang kedua tetuanya masih berkerabat dekat. Sebagai contoh klon G5 yang merupakan hasil persilangan antara Bima dengan Katumi. Berdasarkan hasil analisis kekerabatan Bima dengan Katumi mempunyai jarak genetik 0,13 dan masih berada dalam satu klaster. Demikian juga klon no 22 yang merupakan hasil persilangan antara Super

Philip dengan Bima. Bima dengan Super Philip mempunyai jarak genetik 0,12 dan juga masih dalam satu klaster.

Setelah melihat hasil analisis kekerabatan 22 klon bawang merah yang menunjukkan berkerabat dekat maka program pemuliaan bawang merah ke depan yang harus dilakukan adalah memperluas keragaman genetik. Usaha perluasan keragaman genetik dapat dilakukan dengan menggunakan tetua persilangan yang berkerabat jauh misalnya bawang bombai. Perluasan keragaman genetik juga bisa dilakukan dengan persilangan antar spesies misalnya menyilangkan bawang merah dengan bawang daun.

SIMPULAN

1. Kekerabatan 22 klon bawang merah sangat dekat yang ditandai dengan nilai kemiripan genetik yang tinggi yaitu 0,75–0,99.
2. Pasangan genotip yang mempunyai hubungan kekerabatan paling jauh adalah klon G15 dengan klon 22 yaitu dengan nilai jarak genetik 0.32.
3. Untuk meningkatkan keragaman genetik bawang merah dapat dilakukan dengan persilangan dengan yang berkerabat jauh atau dengan persilangan antar spesies.

DAFTAR PUSTAKA

- Dualembang, E, Yunus Musa dan M. Azrai, 2012. *Karakterisasi Genetik Koleksi Plasma Nutfah Sorgum (Sorghum bicolor L) Berbasis Marka SSR*.
- Chaudhry, M. N.A. Iqbal and M. C. Sodiq. 1995. *Screening of germplasm against insect pests of brinjal crop. capsicum and eggplant Newsletter*.No.14:82-85.
- IBPGR. 1992. *Buckwheat genetic in East Asia*. Paper of an IBPGR Workshop, Ibaraki, Japan. International Crop Network Series No.6. International Board for Plant Genetic Resources, Rome.
- Kusandriani, Y, 2008. *Koleksi, Karakterisasi, praevaluasi dan konservasi Plasma Nutfah Sayuran untuk Pemanfaatan dan Pengembangan Bank Genetik*. Laporan Hasil Penelitian Balitsa.
- Masuzaki, S., Araki, N., Yamauchi, N., Yamane, N., Wako, T., Kojima, A. and Shigyo, M. (2006) *Chromosomal locations of microsatellites in onion*. Hortscience 41, 315-318.
- Moeljopawiro, S. 2007. *Marka Mikrosatelit sebagai Alternatif Uji BUSS dalam Perlindungan Varietas Tanaman Padi*. Zuriat 18(2).
- Pabendon, M.B., Mejaya M.J., Koswara, J., dan Aswidinnoor H. 2007. *Analisis Keragaman Genetik Inbrida Jagung Berdasarkan Marka SSR dan Korelasinya dengan Data Fenotipik F1 Hasil Silang Uji*. Jurnal Penelitian Pertanian Tanaman Pangan Vol. 26 No. 2.
- Pasaribu, T. W dan Murni Daulay, 2013. *Analisis Permintaan Impor Bawang Merah*, vol.2, No 1:32-37
- Soetiarso, T. A dan Wiwin Setiawati. 2005. *Pedoman Umum Pengembangan Teknologi Inovatif pada Tanaman Bawang Merah*. Balai Penelitian Tanaman Sayuran.
- Syukur, M, Sriani Sujiprihati dan Rahmi Yuninati. 2015. *Teknik Pemuliaan Tanaman*. Edisi Revisi. Panebar Swadaya. 348p.
- Tasliyah, H. Rijzaani, T. Z.P. Hariyadi, Siti Yuriyah, Rebin, Ma'sumah, dan T. S. Silitonga. 2013. *Analisis Keragaman Genetik 161 Aksesori Mangga Indonesia Menggunakan Marka Mikrosatelit*. AgroBiogen 9(3):125-134
- Utami, W.D, Kristantini dan Prajitno. 2009. *Karakterisasi Plasma Nutfah Padi beras merah Lokal Asal Provinsi daerah Istimewa Yogyakarta Berdasarkan Morfo Agronomi dan Marka SSRs*. Zuriat: 20(1).