

# Observation on closed relatives

*by* Biounib Biounib

---

**Submission date:** 26-Feb-2021 01:23PM (UTC+0900)

**Submission ID:** 1512944864

**File name:** Observation\_on\_closed\_relatives.pdf (682.33K)

**Word count:** 5173

**Character count:** 25586

## Observation on closed relatives' millet germplasm collection using SSR markers

### Observasi koleksi plasmanutfah jyawut berkerabat dekat menggunakan marker SSR

Karlina Syahrudin<sup>1</sup>, Muhammad Abid<sup>2</sup>, Amin Nur<sup>3</sup>, Muhammad Azrai<sup>1</sup>

<sup>16</sup> <sup>1</sup> Balai Penelitian Tanaman Serealia

<sup>2</sup> Balai Pengkajian Teknologi Pertanian Sulawesi Tengah

<sup>3</sup> Balai Pengkajian Teknologi Pertanian Gorontalo

\*corresponding author: karlinasyahrudin@gmail.com

#### ABSTRACT

*Millet is one of the potential alternative foods for diversification. Millet has a higher nutritional content than rice, antioxidants and anti-microbial properties as well as adaptation to marginal land makes millet superior to other cereals. The diversity of millet is very wide, so it requires proper characterization identification as information in carrying out conservation activities and efficient collection management. The diverse collection of millet germplasm from the same genetic material requires identification of the correct genetic character in order to get. Using morphological characters to differentiate the collection of accessions from the same derivative germplasm sometimes difficult to do because most of the characters are the same so it requires additional, more detailed characters such as the use of SSR markers. This study was carried out to identify the genetic kinship of 14 closed relatives millet germplasm collections derived from genetic material derivatives with similar collection names using 27 SSR markers which spread on all millet chromosomes. The results showed that the millet germplasm collections from the same derivative which had close relatives grouped in the same cluster, while the Wete accession collection spreads to different groups in the range of values of the coefficient of genetic similarity from 0.28 to 0.85 with a correlation matrix value ( r ) 0.954. At the genetic similarity coefficient of 0.58 divided the collection of millet into 7 groups. The millet collection of the same strain which had a high coefficient of genetic similarity (0.85) with the smallest genetic distance (0.15) was shown in the ICE-276-11A collection with ICE-276-12A and the collection of the same strain having the smallest similarity coefficient (0.61 ) with a large genetic distance (0.46) shown in the 2007-ICE-1335 and 2007-ICE-1335B collections. The millet originating from NTT (WeteGha and WeteWolowea) and Introductions (2007-ICE-1335B and 2007-ICE-1335) had a high level of genetic variation as indicated by the spread of wete accessions on different groups with a fairly high distribution of genetic distance values to the accession of the collection.*

**Keywords:** Millet, genetic diversity, germplasm collection, SSR markers

#### ABSTRAK

Jyawut merupakan salah satu pangan alternatif potensial dalam diversifikasi pangan. Kandungan nutrisi jyawut yang lebih tinggi daripada beras dan kandungan antioksidan serta anti mikrobal serta adaptasi dilahan marginal menjadikan jyawut lebih unggul dari serealia lainnya. Keanekaragaman jyawut sangat luas, sehingga membutuhkan identifikasi karakterisasi yang tepat sebagai informasi dalam melakukan kegiatan pelestarian dan pengelolaan koleksi yang efisien. Koleksi plasmanutfah jyawut yang beragam dari materi genetik yang sama membutuhkan identifikasi karakter genetik yang tepat. Penggunaan karakter morfologi pada koleksi aksesi yang berasal dari turunan yang sama terkadang sulit dilakukan karena sebagian besar karakter yang dimiliki sama sehingga membutuhkan karakter-karakter tambahan yang lebih detail seperti penggunaan

marka SSR. Penelitian ini dilakukan untuk mengidentifikasi kedekatan genetik dari 14 koleksi plasmanutfah jiwawut yang berasal dari turunan materi genetik yang sama dan nama yang hampir sama dengan menggunakan 27 marka SSR yang menyebar pada semua kromosom jiwawut. Hasil penelitian menunjukkan bahwa Koleksi plasmanutfah jiwawut dari turunan yang sama memiliki kekerabatan yang dekat dan mengelompok pada cluster yang sama, sedangkan pada koleksi aksesi Wete menyebar pada kelompok yang berbeda pada kisaran nilai koefisien kemiripan genetik 0,28-0,85 dengan nilai matriks korelasi (r) sebesar 0.954. Pada koefisien kemiripan genetik 0.58 membagi koleksi jiwawut dalam 7 kelompok. Koleksi Jiwawut dari turunan yang sama yang memiliki koefisien kemiripan genetik yang tinggi (0.85) dengan jarak genetik terkecil (0.15) ditunjukkan pada koleksi ICE-276-11A dengan ICE-276-12A dan koleksi dari turunan yang sama yang memiliki koefisien kemiripan terkecil (0.61) dengan jarak genetik yang besar (0.46) ditunjukkan pada koleksi 2007-ICE-1335 dan 2007-ICE-1335B. Koleksi jiwawut yang berasal dari NTT (WeteGha dan WeteWolowea) dan Introduksi (2007-ICE-1335B dan 2007-ICE-1335) memiliki tingkat variasi genetik yang tinggi yang ditunjukkan oleh penyebaran aksesi wete pada kalster yang berbeda dengan sebaran nilai jarak genetik yang cukup tinggi terhadap aksesi koleksi.

**Kata Kunci :** Jiwawut, keragaman genetik, koleksi plasmanutfah, marka SSR

## PENDAHULUAN

Pangan alternatif saat ini sangat perlu dikembangkan untuk mengurangi ketergantungan masyarakat terhadap konsumsi beras. Salah satu pangan alternatif potensial yang sudah lama dikenal oleh masyarakat dunia adalah jiwawut (Lin, dkk., 2012). Biji jiwawut ini banyak mengandung nutrisi untuk dikonsumsi dan memiliki banyak manfaat, nutrisinya bahkan lebih tinggi dibanding padi dan jagung (Diana Hani, 2019; Nurmala dan Irwan, 2007). Biji jiwawut mengandung gluten yang elastis, kedingun, sehingga tidak mudah putus jika tepung jiwawut dibuat menjadi mie (Tri Handayani, 2018) dan beberapa diantaranya bebas gluten (Ramji K.P., 2016) sehingga aman untuk penderita autisme. Kandungan vitamin B dan C pada biji sebagai antioksidan tinggi (Ghimire et al. 2019) dan bersifat hipolipidemic, index glikemik yang rendah (Sharma N dan Niranjana, K, 2018)

Keanekaragaman dan penyebaran jiwawut sangat bervariasi dan luas (Nirmalakumari et al. 2010; Iswari et al. 2014; Alan et al. 2016), oleh karena itu untuk pengembangannya diperlukan identifikasi dan karakterisasi yang berguna sebagai informasi dalam kegiatan koleksi sumberdaya plasmanutfah dan kegiatan pemuliaan. (Tatuhey

dkk, 2018). Koleksi plasmanutfah yang terkarakterisasi dengan baik dengan manajemen penyimpanan yang baik akan mempermudah pemulia dalam memanfaatkan sumber daya genetik koleksi untuk kegiatan pengembangan selanjutnya. Karakterisasi koleksi yang tepat akan memperkecil kesalahan dalam pengkodean aksesi yang dikoleksi.

Kegiatan rejuvinasi plasmanutfah jiwawut sering mengalami pencampuran dari materi genetik, karena faktor pengelolaan materi genetik dalam jumlah yang besar. Adanya pencampuran dalam benih koleksi biasanya disebabkan pada saat processing satu aksesi, alat processing tidak dibersihkan sempurna, sehingga masih ada benih-benih yang tersisa pada alat-alat processing dan menyebabkan benih tercampur dan juga karena ukuran benih jiwawut yang kecil sehingga sulit melakukan seleksi pemisahan benih tercampur, apalagi bagi benih dengan warna yang sama dari aksesi yang memiliki karakteristik benih yang sama serta nama koleksi yang hampir sama.

Koleksi plasmanutfah jiwawut yang beragam dari materi genetik yang sama atau variasi dari aksesi koleksi membutuhkan pembenaran dalam identifikasi genetiknya. Penggunaan marka morfologi biasanya membutuhkan waktu agak lama dan perhatian

untuk mengidentifikasi materi koleksi yang memiliki kode yang hampir sama. Marka molekuler merupakan alat yang sangat baik bagi pemulia dan ahli genetik untuk menganalisis genom tanaman. SSR adalah sekuen berulang DNA yang mewakili bagian signifikan dari genom eukariot dan dapat menyajikan penanda genetik yang dapat mendeteksi perbedaan antar genotipe. SSR dapat dikerjakan relatif cepat, sederhana, bersifat polimorfik, kodominan dan stabil (Swapna dan Srivastava, 2012). Marka SSR merupakan salah satu alat bantu molekuler yang sering digunakan untuk penelitian diversitas genetik karena keakuratan informasi yang tinggi dan sangat polimorfik bahkan untuk spesies atau galur yang berkerabat dekat (Robinson et al. 2004, Clerc et al. 2005, Cholastova et al. 2011). Marka molekuler SSR atau mikrosatelit saat ini telah banyak digunakan secara lebih luas, diantaranya untuk studi keragaman genetik atau identifikasi varietas tanaman. Selain itu juga digunakan untuk mengidentifikasi keragaman genetik beberapa macam plasma nutfah tanaman, seperti Hoxha et al. (2004) telah melakukan evaluasi keragaman genetik plasmanutfah jagung dengan marka SSR di Albania.

Penggunaan marka genetik seperti SSR sangat dibutuhkan dalam rangka mempercepat proses seleksi. Marka genetik sebagai salah satu revolusi industri untuk menjawab permasalahan efektifitas dan efisiensi kerja dalam seleksi. Dengan demikian tingkat efektifitas dan efisiensi waktu bisa meningkat. Dimana waktu merupakan hal vital dalam dunia industri.

Penelitian ini dilakukan untuk mengidentifikasi kedekatan genetik koleksi plasmanutfah jiwawut turunan materi genetik yang sama dengan menggunakan marka molekuler SSR untuk mengatasi adanya duplikasi koleksi plasmanutfah jiwawut.

1

## BAHAN DAN METODE

Penelitian dilaksanakan di Laboratorium Biomolekuler Balai Penelitian Tanaman Serealia Maros, SULSEL yang berlangsung dari Bulan April - Juli 2020. Bahan tanaman yang digunakan adalah 14 aksesori jiwawut yang berasal dari koleksi jiwawut Balitsereal yang merupakan hasil introduksi dari India dan dari hasil eksplorasi di provinsi Nusa Tenggara Timur (Tabel 1). Benih disemai di tray plastik berukuran 50 x 30 x 20 cm ditanam secara alur menggunakan media pertumbuhan dengan perbandingan tanah : pupuk kandang (1:2). Pada 14 HST daun di panen per baris aksesori dengan bobot sekitar 15-20 gr. 4 g daun ditimbang dan ditempatkan dalam tube 2 ml yang berisi cetyl trimethyl ammonium bromide (CTAB) (Doyle, 1991) dengan membuat duplikasi sebanyak 3 tube sebagai cadangan. Daun yang direndam CTAB kemudian disimpan pada suhu -80 ° C sebelum dilakukan ekstraksi DNA. Isolasi DNA menggunakan metode CTAB kemudian hasil DNA yang diendapkan dibersihkan menggunakan etanol 70% dan dikering anginkan. DNA yang sudah kering kemudian dilarutkan ke dalam 50 mL aquabides. Kualitas dan kuantitas DNA dicek dengan elektroforesis pada gel agarosa 1% bersama lamda DNA berukuran 50, 100, 200 dan 300 ng/μl, dan konsentrasi DNA dikuantifikasi menggunakan spektrofotometer ultra-lowvolume (Nanodrop). DNA kerja dibuat dengan mengencerkan DNA stok sampai konsentrasi 50 ng/μl kemudian disimpan pada suhu -20 ° C untuk digunakan lebih lanjut. 27 primer penanda SSR (Tabel 2) digunakan untuk mengecek keragaman tanaman jiwawut. Campuran PCR terdiri dari buffer reaksi 1 × Taq (MyTaq™ Red Mix), nukleotida dATP, dGTP, dCTP, dan dTTP (masing-masing 125 μM), primer 0,1 μM, 1U DNA polimerase Taq, dan 10 ng DNA template.

Tabel 1. Nama aksesi koleksi Jewawut dan asalnya

No	Nama Aksesi	Asal
1	ICE-276-8A-1	Introduksi
2	ICE-276-11A	Introduksi
3	ICE-276-12A	Introduksi
4	ICE-276-12AC	Introduksi
5	ICE-276-13A	Introduksi
6	ICE376-3	Introduksi
7	ICE376-13	Introduksi
8	2007-ICE-1335	Introduksi
9	2007-ICE-1335-B	Introduksi
10	Wete coklat Ratong Moto	NTT
11	Wete Saneloe	NTT
12	Wete Seusisoy	NTT
13	Wete Gha Gero Phere	NTT
14	Wete Wolowea	NTT

Tabel 2. Primer SSR jewawut dan sekuens basa forward dan reverse

No.	Primer	Bin	Forward	Reverse
1	p16	1	F : TT TC TC CC TC TC TC GA TT CC	R : AA AT TG GC GT GC TA AC AA CC
2	p92	1	F : TG GA AT TG GA AC CC TT TC G	R : GC CA TG CA AA CA GT AC CA TC
3	b260	1	F : GA AG AG AG AA GC AG CG TT C	R : AA AC CA CA CT TG CC CT GA
4	p80	2	F : GC CG TT GG AT TT GA TT AT GG	R : TG TG GT TA GT TT AT GT GG CT TG
5	b115	2	F : GG TA GC GA CG GA TC TA CA GC	R : GC TA GC AA AT GC TG TC AT GG
6	p98	3	F : AT TC AT CA GT AG CA CA GC	R : TG GA AC TA AG AA CA GG AA AC
7	b186	3	F : CC CG TA TA AA TG TC AT CA TC CC	R : GC AC CT GG CT TC CC TT
8	b226	3	F : TA CC TC CC GT TC CG TT TT GT	R : CG CA TT GA TG GC TT AC AG TT
9	b236	4	F : TC TG GA CC AG CA TT CT GT CT T	R : GG TA AC TC TG CT TG GA CG AG
10	b247	4	F : GA TT GC TC TC TC AC AC AC AC G	R : GC CC GA TG GC TG CT AG T
11	b255	4	F : GA GG AC AG CG GC CA TT	R : CC TC CC TC CA TT TA CT TT GG
12	p17x	5	F : CG GA CA CC TG AA AG AC GA A	R : GT CA CT TG TT GT TG TT GC G
13	p75	5	F : AT GC CA TG GG AA TT TG AA CC	R : GT TT GA TG CA GG AC GA GA GG
14	b223	5	F : GG CA TT AA CT AC AT TG AC AG TG G	R : AA AA CC AA CA GT TC CC TC GT
15	b190	6	F : GA AA TT TC AC AA GT GT TG GT G	R : TG AT CG GA GC AG AG TG TT GA
16	p59	7	F : TA AT TT TG TG GC GT GG GA TG	R : GC AC TG GT TT TG TT GA AT GG
17	b107	7	F : AG AA CG AG GT GG TG TG TG G	R : GG GT CT CA CG CT CT CA TC A
18	b142	7	F : TG GT AA AA CT CC CA TA TT GA GC	R : GC CC CA TC CT TG AT AA CA GA
19	p6	8	F : AA GG AT GG AA TT TG CC AC TG	R : TT TC GA CG AT TT GC TT CA AC
20	b185	8	F : GC AC GT GT GA CT TT CC AC AT	R : GT GA AT GG CA CA CG AA AC TG
21	b258	8	F : GG GC CA AT AA TG GT TG CA TA	R : TT GC AC AT CC AA AT CT TT CC
22	p38	9	F : GT CG TC CC AC GT AT GA AA CC	R : TG AT TT CA CC TA CC GA TT TG C
23	b241	9	F : CA CG CA CG TA GT AT TG CT AT	R : GT TC TG GG CT TC TG GC TG
24	b265	9	F : AA TA AT GG AG AG GC AG CA TC C	R : CG AA TC AA GG TG TG CG TG
25	b269	9	F : GT GC GT GC CT CC CT TT A	R : CC AG AT GC TT CC AC GG T
26	SICAAS6101	6	F-CA TG GT GC CT TG CA TT TA GA	R : TG CA GT TC AG TG AG AC AT AC AA AA C
27	SICAAS6035	6	F-AA TA CC AC AC AA GC AT CA GG AG	R : GG CG AT GG AG TG CA TT TT AT TA

Ukuran produk pita ditentukan dengan perbandingan dengan Marker  $\Phi x$ -174 DNA/Hint I (Promega). Skoring pita dilakukan dengan menetapkan nilai 1 untuk keberadaan pita dan 0 untuk tidak adanya pita untuk setiap lokus (data biner) dan jika penampilan pita sangat meragukan ditulis 9 (missing data). Untuk menentukan primer yang paling informatif, beberapa parameter antara lain jumlah pita total, jumlah dan persentase pita polimorfik, kandungan informasi polimorfik (PIC), Nilai PIC yang menunjukkan efisiensi masing-masing primer dihitung dengan mengikuti rumus yang dijelaskan oleh Anderson et al. (1993):  $PIC_i = 1 - \sum P_i^2$ , di mana  $p_i$  adalah frekuensi alel ke- $i$  pada lokus tertentu. Analisis statistik dari hasil skoring menggunakan program NTSYS-pc, 2.1 (Rohlf, 2000), Winboot dan POWER MARKER.

## HASIL DAN PEMBAHASAN

Keragaman tanaman jiwawut sangatlah luas. Diketahui ada beberapa jenis dari jiwawut yang tersebar didunia, dan jenis foxtail millet yang paling banyak tersebar di Indonesia. Kegiatan koleksi jiwawut di Balitsereal sudah lama dilakukan. Koleksi benih jiwawut mengalami perkembangan disebabkan karena banyaknya variasi yang terjadi pada aksesi yang dikoleksi. Beberapa koleksi bisa menghasilkan 2-5 variasi baru. Tingginya variasi dalam aksesi koleksi dan

besarnya persamaan karakter antara aksesi tersebut menyebabkan sulitnya seleksi bagi pemulia untuk menggunakan materi genetik tersebut sebagai tetua dalam kegiatan pemuliaan dan pengembangan jiwawut. Oleh karena itu penggunaan marka genetic menjadi solusi tepat dalam menilai besarnya keragaman dalam koleksi plasma nutfah jiwawut ini.

27 primer SSR yang digunakan memiliki reproduksi, stabilitas, dan polimorfisme yang tinggi (Tabel 3). Total pita yang dihasilkan dari seluruh primer SSR yang diujikan adalah 103 pita, dimana 101 pita atau 98.05% dari pita tersebut adalah pita polimorfis dengan ukuran basa berkisar antara 84 sampai 553 bp. Jumlah total pita yang dihasilkan oleh setiap primer SSR berkisar dari 2 hingga 8, dengan rata-rata jumlah pita 4,26. Frekuensi alel yang dihasilkan dari 27 primer SSR tersebut adalah berkisar antara 0.21 (p17x) hingga 0.93 (b226 dan b107) dengan rata-rata frekuensi alel 0.57. Pita polimorfik dari setiap primer SSR yang digunakan bervariasi dari 0.13 % (b107) sampai 0.83 % (p59) dengan jumlah rata-rata pita polimorfik 0.55%. Nilai informasi polimorfik (PIC) dari primer SSR berkisar dari 0,12 (b226 dan b107) sampai 0,83 (p17x), dengan rata-rata PIC 0,5, sedangkan Heterosigositas ( $H_e$ ) bervariasi dari 0.00 (b226, b190, b107, p6 dan b265) sampai 0.93 (b186, b255, p75 dan p38) dengan rata-rata 0.49 (Tabel 3).

Tabel 3. Profil data 27 lokus SSR hasil karakterisasi 14 koleksi plasmanutfah jyawut Balitsereal, MT 2020.

No	Primer	Size range	Frek. Alel	Jumlah Genotipe	Jumlah alel	% Pita Polimorfik	Het	PIC
1	p16	189.50 - 228.58	0.57	5.00	3.00	0.58	0.43	0.51
2	p92	181.63 - 196.49	0.82	2.00	2.00	0.29	0.36	0.25
3	b260	142.75 - 244.10	0.79	4.00	6.00	0.37	0.21	0.36
4	p80	193.88 - 272.25	0.39	8.00	6.00	0.76	0.79	0.73
5	b115	249.00 - 311.00	0.61	5.00	3.00	0.55	0.36	0.49
6	b186	140.00 - 172.77	0.36	3.00	4.00	0.73	0.93	0.68
7	b226	216.33 - 239.20	0.93	2.00	2.00	0.13	0.00	0.12
8	p98	142.75 - 239.20	0.57	2.00	2.00	0.49	0.86	0.37
9	b255	151.00 - 195.10	0.46	3.00	3.00	0.64	0.93	0.56
10	b247	84.00 - 151.00	0.61	4.00	4.00	0.56	0.21	0.50
11	b236	105.99 - 180.40	0.57	8.00	8.00	0.64	0.36	0.62
12	p17x	157.12 - 340.00	0.21	7.00	8.00	0.85	1.00	0.83
13	p75	190.20 - 249.00	0.46	4.00	4.00	0.64	0.93	0.57
14	b223	106.75 - 140.00	0.54	5.00	5.00	0.65	0.36	0.61
15	SICAAS6035	142.75 - 192.99	0.39	3.00	4.00	0.71	1.00	0.65
16	b190	362.56 - 427.00	0.92	2.00	2.00	0.14	0.00	0.13
17	SICAAS6101	129.00 - 171.42	0.50	4.00	4.00	0.63	0.07	0.56
18	b107	311.00 - 427.00	0.93	2.00	2.00	0.13	0.00	0.12
19	p59	190.81 - 255.88	0.25	9.00	8.00	0.83	1.00	0.81
20	b142	123.50 - 259.33	0.46	7.00	7.00	0.69	0.71	0.64
21	p6	249.00 - 290.33	0.50	2.00	2.00	0.50	0.00	0.38
22	b258	170.60 - 553.00	0.32	4.00	6.00	0.78	1.00	0.75
23	b185	109.00 - 148.25	0.64	5.00	4.00	0.53	0.36	0.49
24	b269	105.99 - 151.00	0.82	3.00	4.00	0.31	0.21	0.30
25	b241	118.00 - 183.66	0.57	6.00	5.00	0.61	0.21	0.57
26	b265	208.16 - 224.50	0.71	2.00	2.00	0.41	0.00	0.32
27	p38	151.00 - 200.00	0.43	4.00	5.00	0.63	0.93	0.55
	<b>Rerata</b>	<b>84.00 - 553.00</b>	<b>0.57</b>	<b>4.26</b>	<b>4.26</b>	<b>0.55</b>	<b>0.49</b>	<b>0.50</b>

Informasi pita polimorfis, Heterosigositas dan PIC dari setiap primer menunjukkan besarnya keragaman yang terbentuk pada lokus-lokus 14 genom jyawut yang diuji. Primer yang nilai heterosigositasnya tinggi bisa dijadikan primer untuk mengidentifikasi keragaman pada tanaman jyawut. Semakin tinggi nilai HE dan

PIC yang dihasilkan maka primer tersebut semakin informatif dalam membedakan individu antar genotip dalam populasi. (Safarinda et al. 2016). Nilai polymorphic information content (PIC) dijadikan standar untuk mengevaluasi marka genetik berdasarkan pita DNA hasil amplifikasi PCR, oleh karena itu nilai PIC dibagi menjadi tiga

kelas yaitu  $PIC > 0,5$  = sangat informatif, kemudian  $0,25 > PIC > 0,5$  = sedang, dan  $PIC < 0,25$  = rendah (Mulsanti et al., 2013). Sehingga primer-primer yang informatif untuk membedakan jiwawut berkerabat dekat adalah primer-primer dengan nilai  $H_e$  tinggi dan  $PIC$  diatas 0.5 primer tersebut adalah sejumlah 16 primer yaitu ; p16, p80, b186, b255, b247, p17x, p75, SICAAS6035, p59, b142, b258, dan p38.

Dendogram dihasilkan dari analisis Jarak genetik Nei's dan principal component analyses. Jarak genetik yang dihasilkan bervariasi dari 0.28 sampai 0.85. tingkat keakuratan dari pengelompokan sangat tinggi yaitu sebesar  $r = 0.954$ . Kisaran keragaman yang dibentuk pada penelitian Gimire et al. (2019) juga menunjukkan nilai kisaran dari 0-0.693 dengan heterosigositas  $H_e$  0.335 yang sangat tinggi diantara 15 aksesi koleksi jiwawut Korea Selatan menggunakan marker morfologi dan ISSR.

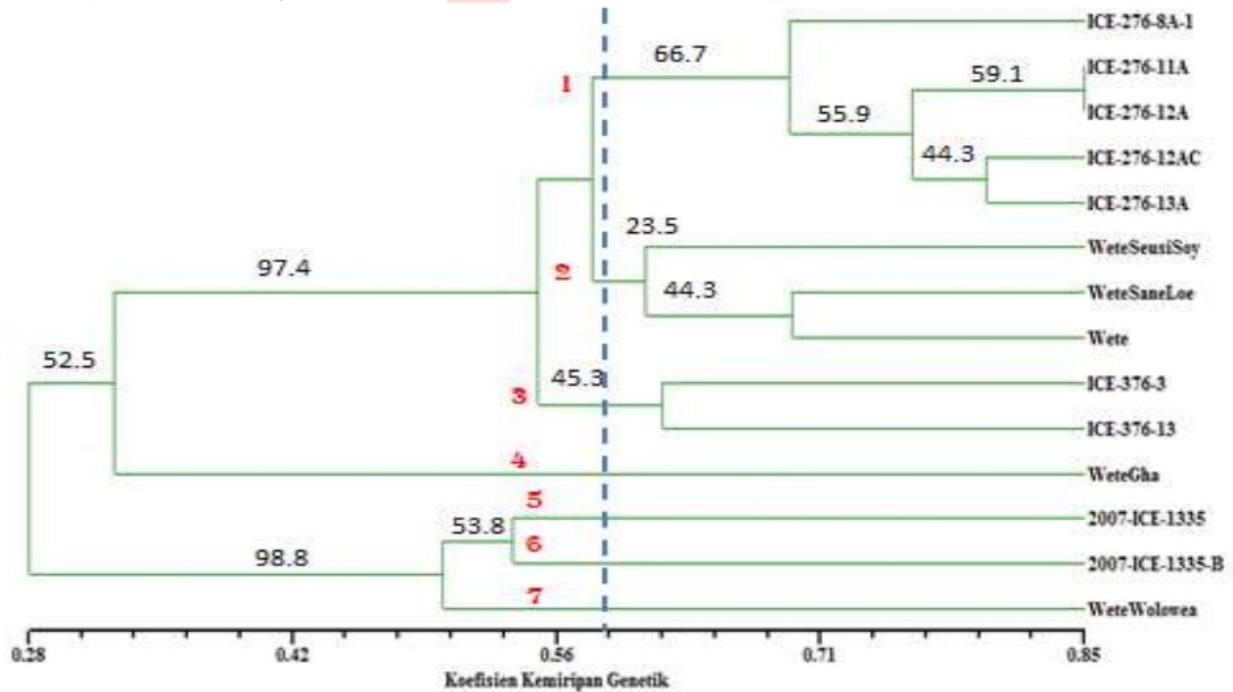
Analisis kluster mengelompokkan 14 koleksi plasmanutufah jiwawut dalam 7 grup pada nilai kemiripan 0,59. Kluster I terdiri atas koleksi ICE-276, kluster II terdiri atas koleksi weteseusisoy, wetesaneloe dan wete, kluster III terdiri atas koleksi ICE-376, kluster IV terdiri atas weteGha, kluster V terdiri atas 2007-ICE-1335, kluster VI terdiri atas 2007-ICE-1335-B dan cluster 7 terdiri atas Wetewolowea. Dari pengelompokan tersebut terlihat jelas bahwa beberapa koleksi dengan kode genetik yang sama mengelompok pada kluster yang sama yang artinya bahwa aksesi dalam satu kluster memang berasal dari genetic yang sama, namun sudah mengalami perubahan genetik mungkin disebabkan karena mutasi ataupun persilangan alami dilapangan saat dilakukan penanaman dengan aksesi yang

lain sehingga terbentuk variasi baru. Aksesi dengan nama Wete lebih bervariasi karena terdistribusi dalam beberapa kluster berbeda, sehingga aksesi wete ini merupakan aksesi beragam karakternya. Aksesi wete sendiri berasal dari wilayah NTT yang berasal dari wilayah yang berbeda-beda. Oleh karena itu aksesi wete memerlukan pengkarakterisasian secara morfologi agar jelas karakteristiknya untuk digunakan dalam kegiatan pemuliaan.

Alel dari koleksi jiwawut yang berasal dari NTT sangat tinggi variasinya. dan hal ini dapat menjelaskan bahwa semua aksesi dari NTT memiliki alel yang umum seperti hasil penelitian yang dilaporkan oleh Kumari R et al., (2011) dimana variasi dan aliran gen/alel antara aksesi dari wilayah berbeda cukup tinggi yang dideteksi menggunakan marka RAPD dan ISSR. Namun, pada hasil penelitian Vetriventhan et. al., (2012) pada Keragaman genetik dari jiwawut berkorelasi cukup baik berdasarkan klasifikasi wilayah, hal ini berbeda dari hasil penelitian kami dimana aksesi Wete tidak mengelompok berdasarkan wilayah, kemungkinan bahwa keragaman genetik jiwawut diwilayah NTT sendiri cukup beragam.

Aksesi ICE-276-11A dan ICE-276-12A berada dalam klaster yang sama dengan kemiripan genetic yang tinggi (0.85) dan jarak genetik yang rendah (0.15), aksesi ICE-376-3 dan ICE-376-13 juga mengelompok pada garpu yang sama pada nilai koefisien kemiripan 0,61 dengan nilai jarak genetik yang rendah (0.38), sedangkan aksesi 2007-ICE-1335 dan 2007-ICE-1335-B mengelompok dengan koefisien kemiripan 0,53 dengan jarak genetic 0.46 (Tabel 4). Nilai bootsrap pada dendogram menunjukkan frekuensi dari berapa kali aksesi tersebut mengelompok dan

berpasangan pada garpu dendogram. Pada kluster I menunjukkan bahwa nilai bootstrap cukup tinggi (66.7) untuk memetakkan aksesi ICE-276 dalam 1 kluster, diikuti kluster 3 dan 2.



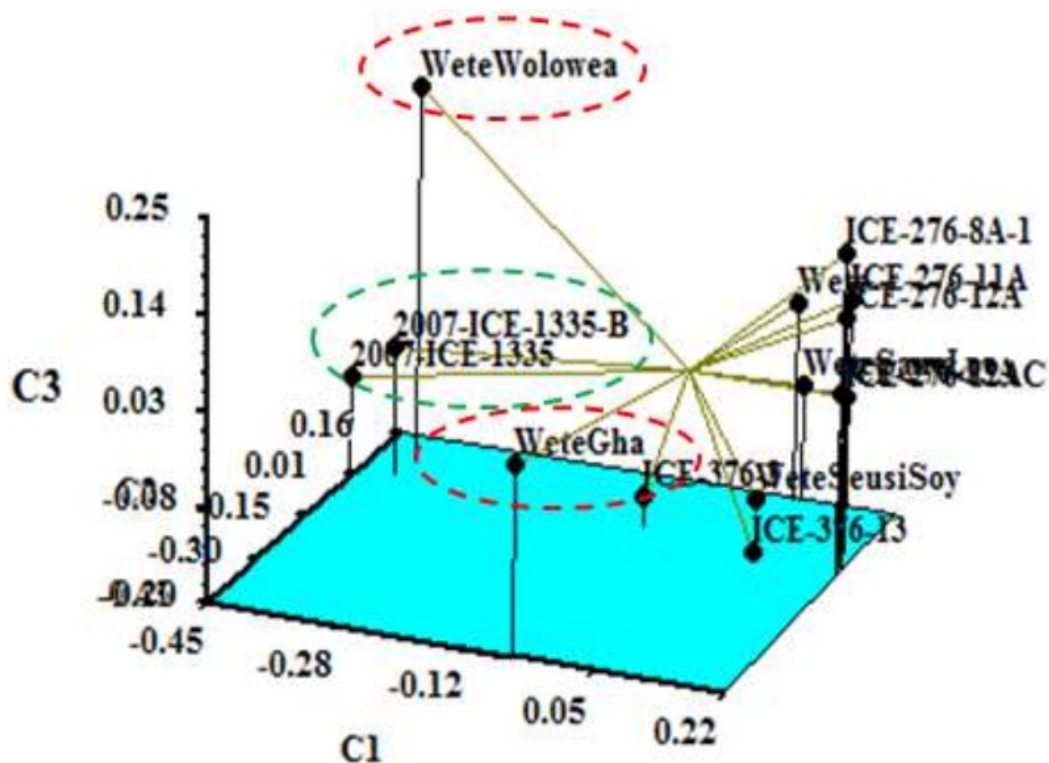
Gambar 1. Dendogram Koefisien Kemiripan Genetik antara plasmanutfah Jewawut koleksi Balitsereal

Hasil analisis jarak genetik diantara aksesi plasmanutfah jewawut menunjukkan bahwa ada beberapa aksesi yang memiliki jarak genetik yang sangat dekat yaitu aksesi ICE-276-11A dengan ICE-276-12A (0.15), ICE-276-12A dengan ICE-276-12AC (0.18) dan ICE-276-12AC dengan ICE-276-13A (0.20) ketiganya memiliki jarak genetik yang sangat dekat karena merupakan sister line, hal ini disebabkan karena adanya banyak variasi yang terbentuk didalam satu aksesi ICE-276 yang masih dapat dibedakan diantara aksesi tersebut. Aksesi yang memiliki rata-rata jarak

genetik yang sedang ( $>0.5-0.7$ ) terhadap seluruh aksesi yang diuji adalah ICE-376-3, ICE-376-13, 2007-ICE-1335, WeteWolowea, WeteGha dan 2007-ICE-1335B, sedangkan aksesi yang memiliki rata-rata jarak genetik yang rendah ( $<0,5$ ) yaitu ICE-276-8A-1, ICE-276-11A, ICE-276-12A, ICE-276-12AC, ICE-276-13A dan Wete. Jauhnya jarak genetik dari aksesi tersebut juga dapat terlihat dari gambar 3 dimensi dimana pada Gambar 2, terlihat jelas bahwa WeteGha, WeteWolowea dan 2007-ICE-1335 berada pada kelompok tersendiri yang jaraknya jauh dari aksesi yang lain.

Tabel 4. Jarak genetik antara aksesi koleksi plasmanutfah jewawut Balitsereal dengan 27 marka SSR, 2020.

	ICE-276-8A-1	ICE-276-11A	ICE-276-12A	ICE-276-12AC	ICE-276-13A	ICE-376-3	ICE-376-13	2007-ICE-1335	2007-ICE-1335-B	WeteSaneLoe	WeteSeusiSoy	WeteGha	Wete	WeteWolowea
ICE-276-8A-1	0.49													
ICE-276-11A	0.24	0.45												
ICE-276-12A	0.30	0.15	0.46											
ICE-276-12AC	0.37	0.23	0.18	0.47										
ICE-276-13A	0.33	0.26	0.31	0.20	0.49									
ICE-376-3	0.53	0.46	0.45	0.46	0.53	0.50								
ICE-376-13	0.47	0.44	0.40	0.38	0.40	0.38	0.50							
2007-ICE-1335	0.76	0.75	0.79	0.80	0.80	0.59	0.69	0.68						
2007-ICE-1335B	0.77	0.75	0.77	0.78	0.79	0.58	0.71	0.46	0.70					
WeteSaneLoe	0.39	0.39	0.40	0.44	0.48	0.46	0.36	0.68	0.69	0.50				
WeteSeusiSoy	0.49	0.47	0.48	0.44	0.45	0.43	0.47	0.65	0.71	0.44	0.52			
WeteGha	0.70	0.66	0.63	0.66	0.65	0.64	0.65	0.75	0.80	0.73	0.71	0.70		
Wete	0.36	0.29	0.35	0.42	0.40	0.44	0.47	0.68	0.70	0.31	0.33	0.70	0.47	
WeteWolowea	0.70	0.72	0.72	0.76	0.79	0.58	0.71	0.47	0.52	0.66	0.70	0.78	0.61	0.67



Gambar 2. Bentuk 3 dimensi pengelompokan aksesii jyawut

## KESIMPULAN

Koleksi plasmanutfah jyawut dari turunan yang sama memiliki kekerabatan yang dekat dan mengelompok pada cluster yang sama, sedangkan pada koleksi aksesii Wete menyebar pada kelompok yang berbeda pada kisaran nilai koefisien kemiripan genetik 0,28-0,85 dengan nilai matriks korelasi ( $r$ ) sebesar 0.954. Pada koefisien kemiripan genetik 0.58 membagi koleksi jyawut dalam 7 kelompok. Koleksi jyawut dari turunan yang sama yang memiliki koefisien kemiripan genetik yang tinggi (0.85) dengan jarak genetik terkecil (0.15) ditunjukkan pada koleksi ICE-276-11A dengan ICE-276-12A dan koleksi dari turunan yang sama yang memiliki koefisien kemiripan terkecil (0.61) dengan jarak genetik yang besar

(0.46) ditunjukkan pada koleksi 2007-ICE-1335 dan 2007-ICE-1335B. Koleksi jyawut yang berasal dari NTT (WeteGha dan WeteWolowea) dan Introduksi (2007-ICE-1335B dan 2007-ICE-1335) memiliki tingkat variasi genetik yang tinggi yang ditunjukkan oleh penyebaran aksesii wete pada kalster yang berbeda dengan sebaran nilai jarak genetik yang cukup tinggi terhadap aksesii koleksi.

## DAFTAR PUSTAKA

- 19 DOYLE, J.J.; DOYLE J.L. Isolation of plant DNA from fresh tissue. *Focus*, v.12, p.13-15, 1990.
- 9 Kumari, R, N. Dikshit & Deepali Sharma, K. V. Bhat. 2011. Analysis of molecular genetic diversity in a representative collection of foxtail millet [Setaria

- italica (L.) P. Beauv.] from different agro-ecological regions of India. *Physiol Mol Biol Plants* (October–December 2011) 17(4):363–374 DOI 10.1007/s12298-011-0085-3
- 6 Vetriventhan, M., H. D. Upadhyaya, C. R. Anandakumar, S. Senthilvel, H. K. Parzies, A. Bharathi, R. K. Varshney and C. L. L. Gowda. Assessing genetic diversity, allelic richness and genetic relationship among races in ICRISAT foxtail millet core collection *Plant Genetic Resources: Characterization and Utilization* (2012) 10(3); 214–223
- 7 Benabdelmouna, A., Abirached-Darmency, M. & Darmency, H. Phylogenetic and genomic relationships in *Setaria italica* and its close relatives based on the molecular diversity and chromosomal organization of 5S and 18S-5.8S-25S rDNA genes. *Theor Appl Genet* 103, 668–677 (2001).
- Sharma N and Niranjana K., 2018. Foxtail millet: Properties, processing, health benefits, and uses, *Food Reviews International*, 34:4, 329-363, DOI: 10.1080/87559129.2017.1290103
- 20 Ramji K. Pasricha. 2016. Comparing Pearl, Japanese, Foxtail, and Proso Millet Performance in the Californian Drought; Potential for a New Staple Crop Spring 2016
- 11 Ghimire, B.K.; Yu, C.Y.; Kim, S.-H.; Chung, I.-M. . 2019. Assessment of Diversity in the Accessions of *Setaria italica* L. Based on Phytochemical and Morphological Traits and ISSR Markers. *Molecules* 2019, 24, 1486.
- 3 Liu D, Cui Y, He J, Li S, Li Q, Liang D, Wang J, Shi X, Wang C, Dong K, Liu T, Zhang L, Ren R, Yang T, Feng G and Liu Z (2019) Genetic Diversity and Classification of the Cytoplasm of Chinese Elite Foxtail Millet [*Setaria italica* (L.) P. Beauv.] Parental Lines Revealed by Chloroplast Deoxyribonucleic Acid Variation. *Front. Genet.* 10:1198. doi: 10.3389/fgene.2019.01198
- 14 Rohlf, F.J. 2000. NTSYSpc Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System Version 2.1. Applied Biostatistics Inc.
- Miswartia , Nurmala, T. dan Anas. 2014. Karakterisasi dan Kekerabatan 42 Aksesori Tanaman Jawawut (*Setaria italica* L. Beauv) Characterization and Relationship 42 Accessions of Foxtail Millet Plant (*Setaria italica* L Beauv). *PANGAN*, Vol. 23 No. 2 Juni 2014:166-177
- 8 Lin H.S., C.Y. Chiang, S.B. Chang, G.I. Liao, CS.S. Kuoh. 2012. Genetic Diversity in The Foxtail Millet (*setaria italica*) germplasm as determined by agronomic traits and microsatellite markers. *Australian Journal of Crop Science (AJCS)* 6 (2) 342-349 (2012).
- 17 Nirmalakumari, A. and Vetriventhan, M. 2010. Characterization of foxtail millet germplasm collections for yield contributing traits. *Electronic Journal of Plant Breeding* , 1(2): 140-147
- 10 Randalla A. , Yuwariah, Y., Nuraini A., Nurmala T., Irwan, A.W. dan Qosim, W.A. 2016 Karakterisasi dan Kekerabatan 23 Genotip Jawawut (*Setaria italica* L. Beauv) yang Ditanam Tumpang Sari dengan Ubi Jalar Berdasarkan Karakter Agromorfologi. *PANGAN*, Vol. 25 No. 1 April 2016 : 21 – 32
- 18 Nurdianawati, S., Wicaksana, N., dan Anas. 2016. Analisis Kesesuaian Marka SSR (Simple Sequence Repeats) untuk Identifikasi Keragaman Genetik pada Kacang Bambara Asal Jawa Barat.

Jurnal Agrikultura 2016, 27 (2): 120-123.

<sup>2</sup> Mulsanti, W Indria., M Surahman, S Wahyuni, dan DW Utami. 2013. Identifikasi galur tetua padi hibrida dengan marka SSR spesifik dan pemanfaatannya dalam uji kemurnian benih. Jurnal Penelitian Pertanian Tanaman Pangan. 32 (1): 1- 8

<sup>1</sup> George M.L.C., E. Regalado, W. Li, M. Cao, M. Dahlan, M.B. Pabendon, Warbuton, X. Xianchun, D. Hoisington. 2004. Molecular Characterization of Asin maize inbred lines by multiple laboratories. Theor Appl Genet 109:80-91

Hoxha, S., M.R. Shariflou and P. Sharp. 2004. Evaluation of genetis diversity in Albanian Maize using SSR markers. Journal Maydica 49:97-103

<sup>1</sup> Al-Badeiry, N.A.H, A.H. Al-Saadi and T.K. Mezra. 2014. Analysis of genetic diversity in maize (Zea mays L.) varieties using simple SSR markers. Journal of Babylon Univ./Pure and Appl. Sci/No.(6)/Vol.(22)

<sup>1</sup> Cholastova, T., M. Soldanoa and R. Pokorny. 2011. Random amplified polymorphic DNA (RAPD) and simple sequence repeats (SSR) marker efficacy for

maize hybrid identification. Afr. J. Biotech 10(24: 4794-4801).

<sup>1</sup> CIMMYT. 2004. Protokol untuk Karakterisasi Jagung secara Genotipik menggunakan Marka SSR serta Analisis Data. Metro Manila, Philippines.

Clerc, V.L., F. Bazante, C. Baril, J. Guiard and D. Zhang. 2005. Assessing temporal changes in genetic diversity of maize using microsatellite markers. Theor Appl Genet 110:294-302

<sup>1</sup> Kalyanababu B, P.K. Agrawal, V. Mahajan and HS.. Gupta. 2009. Molecular and biochemical characterization of short duration quality protein maize (QPM). J. Plant Biochem. Biotechnol. 18(1):93-96  
de Souza, S.G.H., Carpentieri-Pípolo, V., de Fátima Ruas, C., de Paula Carvalho, V., Ruas, M.M. & Gerage, A.C.(2008) Comparative analysis of genetic diversity among the maize inbred lines (Zea mays L.) obtained by RAPD and SSR markers. Brazilian Archives of Biology and Technology, 51 (1), 183–192.

<sup>1</sup> Yu, R.H., Wang, Y.L., Sun, Y. & Liu, B. (2012) Analysis of genetic distance by SSR in waxy maize. Genetics and Molecular Research, 11 (1), 254–260.

# Observation on closed relatives

---

## ORIGINALITY REPORT

---

**24%**

SIMILARITY INDEX

**22%**

INTERNET SOURCES

**15%**

PUBLICATIONS

**9%**

STUDENT PAPERS

---

## PRIMARY SOURCES

---

**1**

**media.neliti.com**

Internet Source

**7%**

**2**

**jurnal.unpad.ac.id**

Internet Source

**1%**

**3**

**www.frontiersin.org**

Internet Source

**1%**

**4**

**lib.dr.iastate.edu**

Internet Source

**1%**

**5**

**"Linear Prediction of Non-Overlapping Codons in a Genome Sequence", International Journal of Recent Technology and Engineering, 2019**

Publication

**1%**

**6**

**dsr.org.in**

Internet Source

**1%**

**7**

**www.tandfonline.com**

Internet Source

**1%**

**8**

**bbp2tp.litbang.pertanian.go.id**

Internet Source

**1%**

---

9	<a href="https://etds.lib.ncku.edu.tw">etds.lib.ncku.edu.tw</a> Internet Source	1%
10	<a href="http://ejournal.kemenperin.go.id">ejournal.kemenperin.go.id</a> Internet Source	1%
11	<a href="http://www.mdpi.com">www.mdpi.com</a> Internet Source	1%
12	<a href="http://jurnalpangan.com">jurnalpangan.com</a> Internet Source	1%
13	<a href="https://raw.githubusercontent.com">raw.githubusercontent.com</a> Internet Source	1%
14	<a href="http://qdoc.tips">qdoc.tips</a> Internet Source	1%
15	<a href="http://ejurnal.litbang.pertanian.go.id">ejurnal.litbang.pertanian.go.id</a> Internet Source	<1%
16	<a href="http://docplayer.info">docplayer.info</a> Internet Source	<1%
17	<a href="http://www.milletres.in">www.milletres.in</a> Internet Source	<1%
18	<a href="http://journal.uinsgd.ac.id">journal.uinsgd.ac.id</a> Internet Source	<1%
19	<a href="http://repositorio.ufes.br">repositorio.ufes.br</a> Internet Source	<1%
20	Submitted to University of Edinburgh Student Paper	

<1%

21

Laraib Yousaf, Dianzhi Hou, Humna Liaqat, Qun Shen. "Millet: A review of its nutritional and functional changes during processing", Food Research International, 2021

Publication

<1%

22

[ejurnal.bppt.go.id](http://ejurnal.bppt.go.id)

Internet Source

<1%

23

Submitted to Universitas Pendidikan Indonesia

Student Paper

<1%

24

[e-journal.biologi.lipi.go.id](http://e-journal.biologi.lipi.go.id)

Internet Source

<1%

25

Submitted to Universitas Jenderal Soedirman

Student Paper

<1%

26

Ratna Kumari, N. Dikshit, Deepali Sharma, K. V. Bhat. "Analysis of molecular genetic diversity in a representative collection of foxtail millet [*Setaria italica* (L.) P. Beauv.] from different agro-ecological regions of India", Physiology and Molecular Biology of Plants, 2011

Publication

<1%

27

Sujadi Sujadi, Tiara S Wandita, Nanang Supena, Yurna Yenni. "GENETIC DISTANCE OF 47 ACCESSIONS OF OIL PALM (*Elaeis*

<1%

guineensis Jacq.) GERMPLASM FROM CAMEROON BASED ON MORPHOLOGICAL CHARACTER", Jurnal Penelitian Kelapa Sawit, 2019

Publication

28

[www.scribd.com](http://www.scribd.com)

Internet Source

<1%

29

[www.simbras-as.com.br](http://www.simbras-as.com.br)

Internet Source

<1%

30

[semcon.unib.ac.id](http://semcon.unib.ac.id)

Internet Source

<1%

31

[repositori.uin-alauddin.ac.id](http://repositori.uin-alauddin.ac.id)

Internet Source

<1%

32

"The Foxtail Millet Genome", Springer Science and Business Media LLC, 2017

Publication

<1%

33

Nenavath Krishna Kumar Rathod, Jyoti Kumari, Firoz Hossain, Rashmi Chhabra et al.

"Characterization of Mimban maize landrace from North-Eastern Himalayan region using microsatellite markers", Journal of Plant Biochemistry and Biotechnology, 2019

Publication

<1%

34

Henry Lee-Six, Sigurgeir Olafsson, Peter Ellis, Robert J. Osborne et al. "The landscape of somatic mutation in normal colorectal epithelial

<1%

cells", Nature, 2019

Publication

35

Khairul Syahputra, Yogi Himawan, Didik Ariyanto, Flandrianto S. Palim. "PEWARISAN MARKA Cyca-DAB1\*05 DAN KERAGAMAN GENETIK IKAN MAS (Cyprinus carpio) STRAIN RAJADANU TAHAN INFEKSI KOI HERPESVIRUS DAN TUMBUH CEPAT", Jurnal Riset Akuakultur, 2016

Publication

<1%

36

[journal.ipb.ac.id](http://journal.ipb.ac.id)

Internet Source

<1%

37

Submitted to Gyeongsang National University

Student Paper

<1%

38

[centaur.reading.ac.uk](http://centaur.reading.ac.uk)

Internet Source

<1%

39

Bogus, Magdalena. "Multiplex-Genotypisierung forensisch relevanter SNPs unter Verwendung von Microarrays auf chemisch aktivierten Glasflächen", 10: Biologie. 10: Biologie, 2011.

Publication

<1%

Exclude quotes

Off

Exclude matches

Off

Exclude bibliography

Off

# Observation on closed relatives

---

PAGE 1

---

PAGE 2

---

PAGE 3

---

PAGE 4

---

PAGE 5

---

PAGE 6

---

PAGE 7

---

PAGE 8

---

PAGE 9

---

PAGE 10

---

PAGE 11

---

PAGE 12

---