

Keragaman Genetik Aksesori Tanaman Kunyit (*Curcuma longa* L.) Berdasarkan Penanda Molekuler *Simple Sequence Repeat* (SSR)

Genetic Diversity of Turmeric (Curcuma longa L.) Accessions Based on Simple Sequence Repeat (SSR) Molecular Markers

Muthia Hanin Afidani, Noor Farid, Eka Oktaviani*)

Program Studi Agroteknologi, Fakultas Pertanian, Universitas Jenderal Soedirman, Purwokerto, Indonesia

*)Penulis untuk korespondensi E-mail: oktaviani@unsoed.ac.id

Diajukan: 13 September 2024 **Diterima:** 22 April 2025 **Dipublikasi:** 28 Mei 2025

ABSTRACT

A plant breeding program for turmeric (*Curcuma longa* L.) development is required to fulfil the pharmaceutical industry's demand. Understanding genetic diversity is the initial step in selecting the parents in plant breeding. Selection assisted by molecular markers, specifically *Simple Sequence Repeat* (SSR), can be used to obtain genetic information. However, genetic information on turmeric based on SSR markers in Indonesia is still limited. This study aimed to determine the genetic diversity and relationship of six accessions of turmeric using 4 (four) SSR primers. This study was conducted from October 2023 to January 2024 at the Laboratory of Plant Breeding and Biotechnology, Faculty of Agriculture, Universitas Jenderal Soedirman. The result showed that the CuMiSat-19, CuMiSat-20, and CuMiSat-29 primers were informative based on the electrophoresis band polymorphism. The CuMiSat-19 primer generated the highest PIC value (0,88), followed by CuMiSat-20 (0,80) and CuMiSat-29 (0,74). While CuMiSat-23 did not produce polymorphism, the PIC value was 0. The dendrogram classified six turmeric accessions into the two clusters with a Jaccard correlation coefficient range of 0.11-0.33. Cluster I consisted of accession A (Ponorogo), accession C (Gresik), accession D (Indramayu), and accession B (Semarang). Cluster II grouped accession E (Banyumas) and accession F (Bogor). Based on the polymorphism and similarity coefficient, turmeric accessions have a wide range of genetic diversity. Turmeric in different clusters is a potential germplasm that can be utilized to broaden genetic diversity in plant breeding programs.

Keywords: CuMiSat; genetic diversity; microsatellites; molecular markers; *Simple Sequence Repeat* (SSR); turmeric

ABSTRAK

Program pemuliaan tanaman untuk pengembangan tanaman kunyit (*Curcuma longa* L.) diperlukan untuk memenuhi permintaan industri obat-obatan. Informasi tentang keragaman genetik digunakan sebagai dasar dalam pemilihan tetua dalam pemuliaan tanaman. Seleksi tetua berdasarkan penanda molekuler, khususnya *Simple Sequence Repeat* (SSR), dapat digunakan untuk mendapatkan informasi genetik. Akan tetapi, informasi genetik kunyit berdasarkan penanda SSR di Indonesia masih terbatas. Penelitian ini bertujuan untuk mengetahui keragaman genetik dan hubungan kekerabatan 6 (enam) aksesori kunyit menggunakan 4 (empat) primer SSR. Penelitian dilaksanakan pada bulan Oktober 2023 sampai Januari 2024 di Laboratorium Pemuliaan Tanaman dan Bioteknologi, Fakultas Pertanian, Universitas Jenderal Soedirman. Hasil penelitian menunjukkan bahwa primer CuMiSat-19, CuMiSat-20, dan CuMiSat-29 bersifat informatif berdasarkan profil pita polimorfisme pada elektroforesis gel. Primer CuMiSat-19 menghasilkan nilai PIC tertinggi (0,88), diikuti CuMiSat-20 (0,80), dan CuMiSat-29 (0,74). Sementara itu, primer CuMiSat-23 tidak menghasilkan polimorfisme, sehingga menghasilkan nilai PIC 0. Dendrogram mengelompokkan 6 (enam) aksesori kunyit dalam 2 (dua) klaster dengan rentang koefisien

kemiripan Jaccard 0,11-0,33. Klaster I terdiri dari aksesori A (Ponorogo), aksesori C (Gresik), aksesori D (Indramayu), aksesori dan B (Semarang). Klaster II terdiri dari aksesori E (Banyumas) dan aksesori F (Bogor). Berdasarkan profil polimorfisme dan rentang koefisien kemiripan, aksesori kunyit yang diteliti menunjukkan keragaman genetik yang luas. Aksesori kunyit pada kluster yang berbeda merupakan plasma nutfah potensial yang dapat digunakan untuk perluasan keragaman genetik dalam program pemuliaan tanaman.

Kata kunci: *CuMiSat*; keragaman genetik; kunyit; mikrosatelit; penanda molekuler; *Simple Sequence Repeat* (SSR)

PENDAHULUAN

Setiap tahun, Penyakit Tidak Menular (PTM) menyebabkan kematian pada sekitar 41 juta orang dan menempati porsi 74% penyebab kematian di dunia. (Kementerian Kesehatan RI, 2023). Salah satu penyebab munculnya PTM adalah ketidakseimbangan antioksidan untuk menekan dampak radikal bebas pada tubuh (Gunardi, 2023). Asupan dengan kandungan antioksidan diperlukan oleh tubuh untuk mencegah stres oksidatif dan kerusakan sel akibat radikal bebas (Maharani *et al.*, 2021).

Ada banyak bahan pangan alami kaya antioksidan yang berperan penting dalam pencegahan stres oksidatif, salah satunya adalah kunyit. Kunyit, *Curcuma longa* L. (Zingiberaceae), adalah tanaman tropis yang banyak dibudidayakan di Asia yang biasanya dijadikan sebagai zat pewarna kuning dan pengharum makanan, serta dimanfaatkan sebagai bahan rempah (Shan and Iskandar, 2018) dan obat-obatan (Trimanto *et al.*, 2017). Kunyit juga terbukti menunjukkan aktivitas hepatoprotektif, kardioprotektif, antifungal, dan antioksidan (Suprihatin *et al.*, 2020).

Data dari Badan Pusat Statistik (2024) menunjukkan bahwa produksi kunyit antara tahun 2021 sampai 2023 di Indonesia mengalami fluktuasi. Tahun 2021, produksi kunyit mengalami penurunan 4,5% dari 193,58 juta kg menjadi 184,82 juta kg dibandingkan tahun sebelumnya. Akan tetapi, pada tahun 2022, produksi kunyit naik menjadi 196,29 juta kg dengan peningkatan 5,94%. Selanjutnya, meningkat lagi sebesar 4,66% menjadi 205,65 juta kg pada 2023.

Saat ini, produksi kunyit tidak diiringi dengan manajemen pemasaran yang baik. Kelompok petani masih kesulitan untuk memasarkan kunyit dan hanya mendapatkan keuntungan yang sedikit, seperti kelompok petani di daerah Pacitan yang menjual kunyit dengan harga sangat rendah kepada

tengkulak (Prasetyo dan Sonia, 2021). Kelompok petani di Kramat Jati juga memasarkan kunyit hanya di pasar tradisional dengan harga jual yang rendah (Kusnadi *et al.*, 2020). Padahal, Indonesia sebagai salah satu produsen kunyit didukung dengan area pertanaman kunyit yang luas, sehingga berpotensi dalam pengembangan dan peningkatan nilai ekonomi kunyit (Putri *et al.*, 2020), terutama seiring dengan bertambahnya permintaan kunyit dari industri makanan dan terutama obat-obatan. Permintaan kunyit sebagai bahan baku obat tidak hanya di pasar domestik, tetapi juga sudah merambah ke pasar internasional (Adisa *et al.*, 2022). *International Trade Centre* (ITC) memperkirakan perkembangan tahunan sebesar 10 % untuk permintaan kunyit dunia (Prasath *et al.*, 2018). Oleh karena itu, peluang pemasaran petani kunyit dapat diarahkan untuk pemenuhan kebutuhan industri obat bahan alam.

Upaya pemenuhan kebutuhan industri obat-obatan memerlukan pengembangan kunyit melalui program pemuliaan tanaman. Sebelum memulai program pemuliaan, dibutuhkan informasi keragaman genetik kunyit sebagai dasar seleksi tetua untuk perbaikan genetik dan pengembangan tanaman kunyit (Effendy *et al.*, 2018). Tetua yang baik dalam program pemuliaan tanaman adalah plasma nutfah dengan keragaman genetik yang luas (Wati *et al.*, 2022).

Keragaman genetik dapat diketahui dengan penanda morfologi, biokimia, dan molekuler. Selama ini, keragaman genetik banyak dianalisis dengan penanda morfologi berdasarkan pengamatan visual pada penampilan fenotipe tanaman. Beberapa penelitian tentang keragaman genetik famili Zingiberaceae dengan penanda morfologi telah dilakukan. Penelitian Anindita *et al.* (2020) menunjukkan bahwa berdasarkan

karakter agro-morfologi, kunyit (*C. longa*) di Indonesia memiliki tingkat keragaman genetik yang tinggi. Hal ini sejalan dengan kunyit (*C. longa*) di India yang memiliki keragaman genetik tinggi ditinjau dari karakter morfologinya (Aswathi *et al.*, 2022). Sementara itu, kunyit putih (*C. zedoaria*) yang diteliti oleh Heryanto *et al.* (2021) di Indonesia memiliki keragaman genetik yang rendah berdasarkan karakter morfologinya.

Namun demikian, penanda morfologi memiliki keterbatasan karena membutuhkan pengamatan intensif dan seringkali sulit membedakan tanaman dengan tingkat kekerabatan yang dekat, serta dipengaruhi oleh faktor lingkungan. Sementara itu, penanda molekuler dapat menganalisis keragaman genetik pada tingkat DNA (Elfianis *et al.*, 2021). Penanda molekuler berdasarkan polimorfisme pada tingkat sekuens DNA bersifat lebih stabil dan tidak dipengaruhi oleh lingkungan, sehingga dapat mengatasi kelemahan penggunaan penanda morfologi (Aswathi *et al.*, 2022).

Beberapa penelitian tentang keragaman genetik telah dilakukan menggunakan penanda molekuler. Analisis dengan penanda ISSR menghasilkan keragaman genetik yang tinggi pada aksesori jahe (*Z. officinale*) (Subositi *et al.*, 2022) dan kencur (*Kaempferia galanga*) (Subositi *et al.*, 2020) yang dikoleksi dari beberapa lokasi di Indonesia. Kunyit (*C. longa*) di Indonesia yang diteliti oleh Putri *et al.* (2020) menggunakan penanda *P450-based analogue* (PBA) juga menunjukkan keragaman genetik yang luas. Adapun di India, penelitian Aswathi *et al.* (2022) menunjukkan keragaman genetik kunyit (*C. longa*) yang tinggi dengan penanda SSR.

Berbagai macam penanda molekuler telah digunakan oleh para peneliti. Salah satu penanda yang sering digunakan untuk analisis keragaman genetik adalah *Simple Sequence Repeat* (SSR) atau disebut juga mikrosatelit. Kelebihan penanda SSR adalah bersifat sangat polimorfik, kodominan, tingkat reproduktibilitas tinggi (Li *et al.*, 2022), multiallel, ketersediaan yang melimpah, dan terdistribusi pada seluruh genom, serta berada pada lokus yang spesifik (Vasek *et al.*, 2020).

Sementara itu, penggunaan penanda SSR dalam penelitian keragaman genetik pada famili Zingiberaceae juga telah banyak dilakukan, seperti Aswathi *et al.* (2022) pada

kunyit (*C. longa*) di India, Das *et al.* (2016) pada jahe (*Z. officinale*) di India, dan Ismail *et al.* (2019) pada kecombrang (*Etlingera elatior*) di Malaysia. Akan tetapi, saat ini, informasi keragaman genetik kunyit di Indonesia berdasarkan penanda molekuler SSR masih terbatas, sehingga diperlukan upaya untuk mengetahui informasi tersebut (Putri *et al.*, 2020). Oleh karena itu, penelitian ini akan melakukan analisis keragaman genetik pada tanaman kunyit yang dikoleksi dari sentra produksi kunyit terbesar di Indonesia, yaitu Provinsi Jawa Tengah, Jawa Timur, dan Jawa Barat, berdasarkan penanda molekuler SSR.

BAHAN DAN METODE

Bahan yang digunakan adalah 6 (enam) rimpang kunyit yang dikoleksi dari 3 (tiga) provinsi sentra produksi kunyit terbesar di Indonesia yaitu Provinsi Jawa Tengah, Jawa Timur, dan Jawa Barat (Tabel 1) dan 4 (empat) primer SSR yaitu CuMiSat-19, CuMiSat-20, CuMiSat-23, CuMiSat-29 (Tabel 2). Primer CuMiSat yang merupakan singkatan dari *Curcuma MicroSatellite* pada penelitian ini termasuk dalam SSR genomik. Secara umum, SSR tidak memiliki fungsi gen pada genom, tetapi banyak penelitian mendukung peran SSR sebagai sumber dari variasi atau keragaman genetik (Yuan *et al.*, 2021). Primer pada penelitian ini diidentifikasi dan dirancang dari DNA genom kunyit yang berasal dari India oleh Senan *et al.* (2013) dan memiliki nilai *Discriminating Power* yang tinggi yaitu pada rentang 0,64 sampai dengan 0,67, serta sudah banyak digunakan pada penelitian keragaman genetik kunyit seperti pada penelitian Aswathi *et al.* (2022), Singh *et al.* (2015), dan Gogoi *et al.* (2023). Penelitian ini dilaksanakan pada bulan Oktober 2023 sampai Januari 2024 di Laboratorium Pemuliaan Tanaman dan Bioteknologi, Fakultas Pertanian, Universitas Jenderal Sudirman.

Penanaman Kunyit dan Persiapan Biomassa

Rimpang kunyit dari setiap daerah ditanam pada masing-masing 9 (sembilan) *polybag* yang berisi yang berisi campuran tanah, pupuk kandang, dan sekam, dengan perbandingan 2:1:1. Setelah tumbuh 3 (tiga) helai daun, daun dikoleksi kemudian disimpan pada suhu -2°C.

Ekstraksi DNA Genom

Ekstraksi DNA genom dilakukan dengan metode Doyle (1991) yang dimodifikasi berdasarkan metode Prasetia *et al.* (2022). Daun kunyit dipotong dengan ukuran panjang dan lebar ± 4 cm kemudian dimasukkan ke dalam mortar. Nitrogen cair ditambahkan sedikit demi sedikit pada mortar, kemudian daun ditumbuk hingga halus dengan *pestle*. Daun yang sudah halus dimasukkan ke dalam tabung mikro berukuran 2 ml. Sebanyak 1 ml sampel dipindahkan ke dalam tabung mikro yang baru lalu ditambahkan larutan *buffer* ekstraksi sebanyak 1000 μ l, dilanjutkan dengan homogenisasi menggunakan *vortex* selama 10 detik. Sampel kemudian diinkubasi pada suhu 65°C selama 1 jam, dengan setiap 10 menit tabung mikro dibolak-balik secara hati-hati. Campuran *chloroform* : *isoamyl alcohol* (CHISAM) dengan perbandingan 24 : 1 ditambahkan ke dalam tabung mikro sebanyak 500 μ l dan dilakukan sentrifugasi selama 7 menit. Supernatan berupa cairan yang berada di bagian atas diambil dan dipindahkan ke tabung mikro yang baru dengan ukuran 1,5 ml. Pemberian CHISAM dan pemindahan supernatan ke tabung mikro yang baru diulangi sebanyak dua kali lagi. Setelah itu, ammonium asetat dingin ditambahkan sebanyak 0,8 μ l/10 μ l, beserta isopropanol dingin sebanyak 5,4 μ l/10 μ l. Tabung mikro disimpan di lemari pendingin selama semalam. Setelah disimpan semalaman, sentrifugasi tabung mikro dilakukan selama 7 menit. Supernatan dibuang, kemudian pelet ditiriskan dan dikeringkan. Etanol 70% ditambahkan sebanyak 700 μ l dan dilakukan sentrifugasi selama 1 menit. Etanol 70% kemudian dibuang dan ditiriskan lagi, lalu ditambahkan etanol 96% sebanyak 700 μ l dan dilakukan sentrifugasi selama 1 menit. Etanol 96% kemudian dibuang dan pelet ditiriskan

selama 1 jam. TE (Tris HCl-EDTA) ditambahkan sebanyak 30 μ l dan juga enzim RNase sebanyak 1 μ l, lalu diinkubasi pada suhu 37°C selama 1 jam. Sampel DNA disimpan dalam lemari pendingin.

Uji Kualitas dan Kuantitas DNA

Kualitas DNA genom hasil ekstraksi dianalisis dengan elektroforesis gel agarosa 1% (Vivantis). Sementara itu, kuantitas dan kemurnian DNA genom dianalisis dengan instrumen spektrofotometer nanodrop (Implen), dengan pengukuran absorbansi pada panjang gelombang 260 nm dan 280 nm (Mollah *et al.*, 2022).

Amplifikasi Penanda SSR dengan Polymerase Chain Reaction (PCR)

Amplifikasi penanda SSR dilakukan dengan mesin *thermocycler* (Applied Biosystems) berdasarkan reaksi PCR. Komposisi reagen PCR terdiri dari 12,5 μ l My TaqTM HS Red Mix, 1 μ l DNA *template* (25 ng), 1 μ l primer *forward* (10 μ M), 1 μ l primer *reverse* (10 μ M), dan 9,5 μ l *nuclease free water*. Protokol reaksi PCR dilakukan berdasarkan penelitian Singh *et al.* (2015) yaitu pre-denaturasi pada suhu 95°C selama 5 menit, denaturasi 94°C selama 1 menit, *annealing* pada suhu spesifik (sesuai dengan primer yang digunakan) (Tabel 2) selama 1 menit, ekstensi 72°C selama 2 menit, dan ekstensi akhir 72°C selama 7 menit, dengan siklus PCR total sebanyak 35 siklus. Hasil PCR lalu dimigrasikan pada elektroforesis gel agarosa 2%, dengan penanda ukuran pita DNA menggunakan 100 bp DNA *ladder* (Meridian Bioscience). Elektroforesis gel dilakukan dengan tegangan 50V selama 60 menit pada buffer TBE (Tris base (Vivantis) - *Boric acid* (Vivantis) - EDTA (Himedia)). DNA yang telah bermigrasi pada gel elektroforesis kemudian divisualisasikan di bawah UV transilluminator (Fotodyne).

Tabel 1. Daftar aksesori kunyit dan lokasi pengambilan sampel

Sampel	Lokasi pengambilan sampel
A	Kabupaten Ponorogo, Jawa Timur
B	Kecamatan Tenganan, Kabupaten Semarang, Jawa Tengah
C	Kecamatan Menganti, Kabupaten Gresik, Jawa Timur
D	Kabupaten Indramayu, Jawa Barat
E	Kecamatan Purwokerto Utara, Banyumas, Jawa Tengah
F	Desa Sirnagalih, Kecamatan Tamansari, Kabupaten Bogor, Jawa Barat

Tabel 2. Spesifikasi primer

Primer		Sekuens	Suhu <i>annealing</i>
CuMiSat -19	<i>Forward</i>	CATGCAAATGGAAATTGACAC	60 °C
	<i>Reverse</i>	TGATAAATTGACACATGGCAGTC	
CuMiSat -20	<i>Forward</i>	CGATACGAGTCCATCTCTTCG	60 °C
	<i>Reverse</i>	CCTTGCTTTGGTGGCTAGAG	
CuMiSat -23	<i>Forward</i>	CGTGGAAGGTGAGTTTGAC	60 °C
	<i>Reverse</i>	CAGAAGGGAAGTGAAGATGG	
CuMiSat -29	<i>Forward</i>	GTGGTATCCCCATGAAGAGC	55,5 °C
	<i>Reverse</i>	ATGACCAAGCCCTTTCACC	

Analisis Data

Data molekuler dilakukan skoring data biner berdasarkan pita DNA yang muncul pada gel agarosa 2%. Pita-pita yang terlihat dianggap sebagai satu alel. Pita DNA dengan laju migrasi yang sama diasumsikan sebagai lokus homolog. Laju migrasi atau ukuran pita DNA diukur dengan perangkat lunak *Gel Analyzer*. Setiap pita yang muncul pada laju migrasi yang sama, diberi nilai 1, sedangkan pita yang tidak muncul diberi nilai 0. Data hasil skoring dianalisis dengan program Sequential Agglomerative Hierarchical and Nested (SAHN)-UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic) pada perangkat lunak NTSYS versi 2.1 (Rohlf, 2000). Hasil analisis disajikan dalam bentuk dendrogram. Data hasil skoring juga dianalisis dengan perangkat lunak Power Marker 3.25 untuk penentuan nilai PIC dari setiap penanda SSR yang digunakan (Liu & Muse, 2005).

HASIL DAN PEMBAHASAN

Profil Penanda SSR

Hasil analisis nilai PIC dapat dilihat pada Tabel 3. Pengukuran pita DNA dalam penelitian ini dilakukan dengan perangkat lunak *Gel Analyzer*. *Gel Analyzer* merupakan perangkat lunak yang dapat membantu dalam pendeteksian jalur dan pita DNA serta standar berat molekuler DNA. *Gel Analyzer* memberikan akurasi 95% dalam deteksi jalur DNA, akurasi 100% untuk deteksi pita DNA otomatis, dan akurasi 75% untuk kalibrasi berat molekuler pita DNA. *Gel Analyzer*

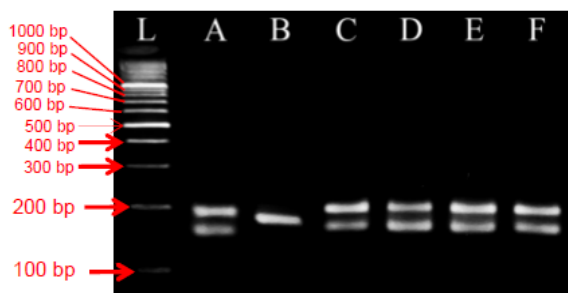
adalah perangkat lunak yang efisien untuk mendeteksi ukuran pita DNA berdasarkan input gambar visualisasi DNA dengan kualitas tinggi (Mehta *et al.*, 2023).

Pada penelitian ini, terdapat total 23 alel yang dihasilkan dari 6 (enam) aksesori kunyit dan empat primer CuMiSat yang digunakan. Jumlah alel terbanyak dihasilkan oleh primer CuMiSat-19 yaitu 10 alel, diikuti CuMiSat-20 (7 alel), CuMiSat-29 (5 alel), dan paling sedikit adalah CuMiSat-23 (1 alel). Nilai heterozigositas paling tinggi dihasilkan oleh primer CuMiSat-20 dengan nilai 1, diikuti oleh CuMiSat-19 (0,83), sedangkan CuMiSat-23 dan CuMiSat-29 memiliki nilai heterozigositas 0. Sementara itu, 3 (tiga) dari 4 (empat) primer memiliki nilai PIC yang tinggi yaitu 0,88 (CuMiSat-19), 0,80 (CuMiSat-20), dan 0,74 (CuMiSat-29), sedangkan CuMiSat-23 memiliki nilai PIC 0.

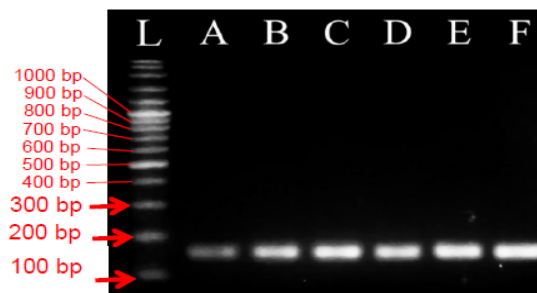
Primer CuMiSat-20 dan CuMiSat-19 memiliki nilai heterozigositas 1 dan 0,83 karena menghasilkan alel heterozigot, yang ditandai dengan adanya dua pita yang dihasilkan pada suatu individu, sedangkan primer CuMiSat-23 dan CuMiSat-29 hanya menghasilkan satu pita pada setiap individu. Dua pita yang dihasilkan oleh primer CuMiSat-20 dan CuMiSat-19 menandakan heterozigot, sedangkan satu pita mengindikasikan homozigot pada lokus tertentu (Purwoko *et al.*, 2021). Penanda SSR yang bersifat kodominan mampu membedakan alel homozigot dan heterozigot. Semakin banyak alel heterozigot, semakin tinggi tingkat keragaman genetik pada sampel yang diteliti (Nugroho *et al.*, 2019)

Tabel 3. Ukuran alel, jumlah total alel, heterozigositas, dan PIC semua primer

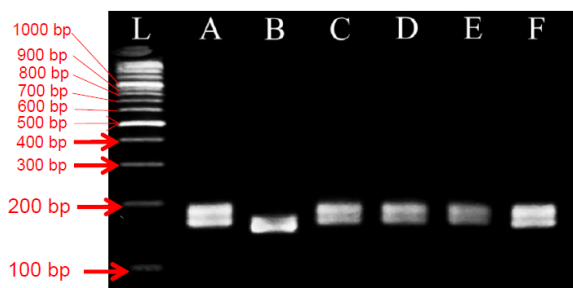
Primer	Ukuran alel	Jumlah total alel	Heterozigositas	PIC
CuMiSat-19	150–199	10	0,83	0,88
CuMiSat-20	150–188	7	1	0,80
CuMiSat-23	150	1	0	0
CuMiSat-29	140–166	5	0	0,74



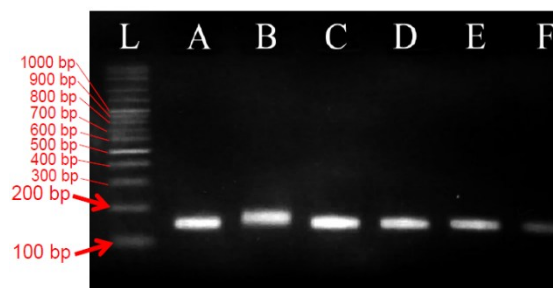
Gambar 1. Profil penanda SSR menggunakan primer CuMiSat-19



Gambar 2. Profil penanda SSR menggunakan primer CuMiSat-23



Gambar 3. Profil penanda SSR menggunakan primer CuMiSat-20



Gambar 4. Profil penanda SSR menggunakan primer CuMiSat-29

Tingkat keinformatifan primer SSR sebagai dasar dalam pemilihan penanda molekuler yang efisien untuk membedakan individu dapat diketahui berdasarkan nilai PIC (Aswathi *et al.*, 2022). Dalam penelitian ini, 3 (tiga) dari 4 (empat) primer CuMiSat yaitu Primer CuMiSat-19, CuMiSat-20, dan CuMiSat-29 menghasilkan polimorfisme dengan nilai PIC tinggi, yang berarti primer tersebut sangat informatif dalam membedakan individu. Terryana *et al.* (2023) menyatakan bahwa tingkat keinformatifan nilai PIC dibagi menjadi 3 (tiga) kelas yaitu $PIC > 0,5$ berarti sangat informatif, nilai $0,25 < PIC < 0,5$ tingkat informatif sedang, dan $PIC < 0,25$ tingkat informatif rendah. Penanda SSR memiliki nilai PIC yang tinggi karena sifatnya yang kodominan dan multiallel (Singh *et al.*, 2015).

Primer CuMiSat-19 dalam penelitian ini memiliki nilai PIC 0,88, yang berarti sangat informatif. Tingginya nilai PIC CuMiSat-19 ini sejalan dengan penelitian Singh *et al.* (2015) dengan PIC 0,98 dan Gogoi *et al.* (2023) dengan PIC 0,71. Berbeda dengan hasil penelitian ini, CuMiSat-19 pada penelitian Aswathi *et al.* (2022) menghasilkan PIC sebesar 0,42 dengan tingkat keinformatifan sedang dan Nandakumar *et al.* (2023) menghasilkan persentase polimorfisme 50,50%. Primer CuMiSat-20 menghasilkan

nilai PIC 0,80, termasuk dalam kategori sangat informatif. Nilai PIC yang tinggi ini berbeda dengan penelitian Aswathi *et al.* (2022) yaitu 0,42 dan Gogoi *et al.* (2023) yaitu 0,25 yang termasuk dalam tingkat keinformatifan sedang. Sementara itu, dalam penelitian Nandakumar *et al.* (2023), CuMiSat-20 menghasilkan persentase polimorfisme 50,50%. Primer CuMiSat-23 menghasilkan nilai PIC 0 yang artinya tidak informatif dan monomorfik. Hasil monomorfik primer CuMiSat-23 pada penelitian ini berbeda dengan Aswathi *et al.* (2022), Gogoi *et al.* (2023), dan Nandakumar *et al.* (2023) yang semuanya menghasilkan polimorfisme. Primer CuMiSat-29 termasuk primer yang sangat informatif dengan nilai PIC 0,74. Akan tetapi, tingkat keinformatifan CuMiSat-29 berbeda dengan Aswathi *et al.* (2022) dengan nilai PIC sebesar 0,39 yang termasuk kategori keinformatifan sedang.

Berdasarkan hasil penelitian ini, diketahui bahwa terjadi variasi ukuran alel pada sampel penelitian dengan polimorfisme yang tinggi pada 3 (tiga) primer yang digunakan. Nandakumar *et al.* (2023) menyatakan bahwa tingginya polimorfisme dapat disebabkan oleh adanya variasi intraspesifik dalam spesies *C. longa* L. Variasi pada sampel penelitian ini dapat terjadi karena adanya mutasi. Mutasi yang

terjadi dapat berupa mutasi titik, insersi, ataupun delesi seluruh unit atau motif pengulangan SSR, sehingga ukuran dari rangkaian penanda molekuler berubah. Mutasi terjadi sebagai akibat dari kesalahan enzim DNA *polymerase* saat proses replikasi atau disebut *polymerase strand-slippage*. Kesalahan ini mengakibatkan sekuens *template* DNA dan sekuens DNA baru tidak komplemen. Hal ini akan membuat kontraksi sekuens dan ekspansi sekuens motif yang berulang-ulang. Selanjutnya mutasi pada sekuens tersebut akan dikoreksi oleh sistem perbaikan *mismatch* DNA. Mutasi yang terlewat oleh sistem akan membentuk alel baru pada lokus SSR. Maka dari itu, alel yang berbeda-beda dapat muncul pada suatu lokus dan setiap individu memiliki variasi perbedaan jumlah pengulangan SSR, sehingga SSR dinilai lebih informatif dibandingkan penanda molekuler lain (Vieira *et al.*, 2016; Tsykun *et al.*, 2017).

Analisis Filogenetik Aksesori Kunyit

Berdasarkan dendrogram pada Gambar 5, diketahui koefisien kemiripan semua aksesori kunyit berkisar antara 0,11–0,33. Terdapat dua klaster utama yaitu klaster I dan II dengan koefisien kemiripan Jaccard 0,11 antara kedua klaster. Klaster I terdiri dari dua subklaster yaitu IA dan IB. Klaster IA memiliki koefisien kemiripan 0,27 antara aksesori D (Indramayu) dengan A (Ponorogo) dan C (Gresik). Sampel A dan C memiliki kekerabatan yang paling dekat dibandingkan dengan aksesori yang lain dengan koefisien kemiripan 0,33. Adapun subklaster IB terdapat satu aksesori yaitu aksesori B (Semarang). Koefisien kemiripan antara subklaster IA dan IB adalah 0,18. Sementara itu, klaster II terdiri dari aksesori E (Banyumas) dan F (Bogor) dengan koefisien kemiripan 0,20.

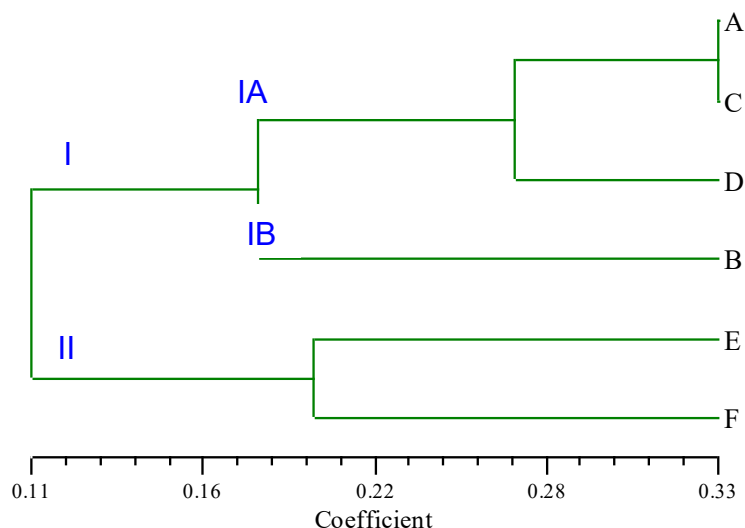
Nilai koefisien kemiripan berkisar antara 0 hingga 1. Semakin tinggi nilai koefisien kemiripan atau mendekati 1, artinya kekerabatan semakin dekat antara kedua individu tersebut dan semakin identik secara genetik. Sebaliknya, jika nilai semakin mendekati 0, artinya kedua individu semakin berkerabat jauh dan berbeda secara genetik. Kemiripan atau kekerabatan dapat dikatakan jauh jika nilai koefisien kemiripan kurang dari 0,6. Individu yang berkerabat dekat akan memiliki jarak genetik yang dekat atau

keragaman genetik yang sempit, sedangkan yang berkerabat jauh akan memiliki jarak genetik yang jauh atau keragaman genetik yang luas (Ilahi, 2020; Sholichah, 2019).

Rentang koefisien kemiripan seluruh aksesori kunyit pada penelitian ini adalah 0,11–0,33. Koefisien kemiripan tersebut kurang dari 0,6, sehingga dapat dikatakan bahwa kekerabatan aksesori kunyit pada penelitian ini jauh dengan keragaman genetik yang luas. Luasnya keragaman genetik kunyit pada penelitian ini sejalan dengan penelitian Putri *et al.* (2020), yang menunjukkan keragaman genetik kunyit yang luas di Indonesia dengan rentang koefisien kemiripan Jaccard 0,01–0,83. Di negara India, beberapa penelitian menunjukkan keragaman genetik kunyit yang luas dengan koefisien kemiripan Jaccard 0,04–1,00 (Aswathi *et al.*, 2022), jarak genetik 0,03–0,59 (Verma *et al.*, 2015), dan koefisien ketidakmiripan 0,218–0,848 (Magar *et al.*, 2021).

Keragaman genetik yang luas dapat terjadi pada kunyit meskipun diperbanyak secara vegetatif. Keragaman dapat terjadi karena adanya mutasi alami, sehingga susunan genom berubah dan terjadi variasi alel pada lokus yang spesifik (Putri *et al.*, 2020). Patel *et al.* (2023) menyatakan bahwa keragaman yang terjadi adalah hasil fenomena evolusi seperti tingkat mutasi yang tinggi dan kesalahan replikasi (*replication slippage*). Selain itu, terdapat pula kemungkinan adanya pertukaran bahan tanam rimpang kunyit antarpetani (Aswathi *et al.*, 2022).

Dalam penelitian ini, klaster I terdiri dari aksesori A (Ponorogo) dan C (Gresik) dari Jawa Timur memiliki kekerabatan paling dekat. Adapun yang berkerabat dengan A dan C adalah D dari Indramayu, Jawa Barat, diikuti B dari Semarang, Jawa Tengah. Sementara itu, pada klaster II terdapat aksesori E dari Banyumas, Jawa Tengah yang berkerabat dengan F dari Bogor, Jawa Barat. Berdasarkan data tersebut, dapat diketahui bahwa tidak terdapat keterkaitan antara dendrogram filogenetik dan daerah sampel. Sampel dari provinsi yang berbeda dapat berkerabat dekat dan sebaliknya sampel dari provinsi yang sama dapat berkerabat jauh. Sampel yang mengelompok pada klaster I dan II, sebagian besar bukan dari provinsi yang sama. Sampel dari provinsi yang sama tersebar pada klaster yang berbeda.



Gambar 5. Dendrogram tanaman kunyit berdasarkan koefisien kemiripan Jaccard
Keterangan: A = Ponorogo; B = Semarang; C = Gresik; D = Indramayu; E = Banyumas;
F = Bogor.

Hasil penelitian ini sejalan dengan penelitian Putri *et al.* (2020) yang menunjukkan bahwa keragaman genetik kunyit di Indonesia tidak didasarkan pada lokasi geografis asal kunyit. Kunyit yang berada pada subkluster yang sama, berasal dari provinsi yang berbeda. Penelitian Ilyas *et al.* (2018) juga menunjukkan bahwa banyak genotipe kunyit dari lokasi yang berbeda di Pakistan memiliki kekerabatan yang dekat, yang menandakan adanya variasi genetik. Hasil penelitian Aswathi *et al.* (2022) menunjukkan kunyit dari lokasi yang sama di India memiliki keragaman genetik yang tinggi dan menyebar ke kelompok yang berbeda-beda, sehingga mengindikasikan bahwa tidak terdapat pengelompokan berdasarkan lokasi asal genotipe kunyit. Hal itu menandakan bahwa genotipe kunyit secara geografis dan genetik bersifat independen. Individu yang berasal dari daerah yang sama tidak selalu berada dalam kelompok yang sama, yang berarti bahwa faktor geografi tidak selalu berkaitan dengan keragaman genetik (Ilahi, 2020).

Secara keseluruhan, berdasarkan tingginya polimorfisme yang dihasilkan oleh penanda SSR dan koefisien kemiripan pada analisis filogenetik yang rendah antar individu, kunyit pada penelitian ini memiliki keragaman genetik yang luas, kekerabatan yang jauh, dan sebagian besar tidak berkerabat berdasarkan lokasi. Hasil analisis keragaman secara molekuler dapat membantu

menemukan genotipe yang unik dan berbeda secara genetik. Hasil tersebut dapat digunakan saat merancang program pemuliaan kunyit untuk memilih tetua yang berbeda secara genetik (Aswathi *et al.*, 2022). Genotipe yang berada di kelompok atau kluster yang berbeda merupakan plasma nutfah potensial yang dapat dimanfaatkan untuk perluasan sumber genetik (Ismail *et al.*, 2019). Permatasari *et al.* (2018) menjelaskan bahwa tetua yang kekerabatannya jauh akan menghasilkan keturunan dengan tingkat keragaman yang tinggi. Akan tetapi, kunyit memiliki hambatan dalam perbanyakan generatif karena tingkat sterilitasnya tinggi dan jarang menghasilkan bunga dan biji, sehingga biasanya diperbanyak secara vegetatif (Putri *et al.*, 2020). Oleh karena itu, diperlukan eksplorasi dan studi lebih lanjut mengenai keragaman genetik kunyit di Indonesia dan program pengembangan kunyit yang tepat. Eksplorasi keragaman genetik kunyit di Indonesia akan menambah informasi yang menjadi sumber utama setiap program perbaikan tanaman. Informasi keragaman genetik akan menambah ketersediaan materi genetik, sebagai konservasi sumber daya genetik, dan meningkatkan kemajuan seleksi yang akan mendorong program pemuliaan lebih lanjut di masa depan (Putri *et al.*, 2020; Dudekula *et al.*, 2022).

KESIMPULAN

Hasil penelitian menunjukkan bahwa keragaman genetik aksesori tanaman kunyit tergolong luas dengan koefisien kemiripan 0,11–0,33. Kekerbatan tanaman kunyit secara keseluruhan jauh. Kekerbatan dibagi menjadi dua klaster. Klaster I terdiri dari aksesori A (Ponorogo), C (Gresik), D (Indramayu), dan B (Semarang). Klaster II terdiri dari aksesori E (Banyumas) dan F (Bogor). Primer CuMiSat-19 dengan PIC 0,88, CuMiSat-20 (0,83), dan CuMiSat-29 (0,74) sangat informatif, sedangkan CuMiSat-23 tidak informatif dengan nilai PIC 0. Primer yang informatif dapat digunakan untuk penelitian kunyit selanjutnya.

UCAPAN TERIMA KASIH

Ucapan terima kasih disampaikan kepada laboran di Laboratorium Pemuliaan Tanaman dan Bioteknologi, Fakultas Pertanian, Universitas Jenderal Soedirman, Toni Indra Prasetyo, atas dukungan teknis yang diberikan selama penelitian berlangsung.

DAFTAR PUSTAKA

- Adisa, S.D., Tripatmasari, M., Suryawati, S., & Wasonowati, C. 2022. Identifikasi morfologi dan rendemen kunyit (*Curcuma domestica* Val.) di Kecamatan Kamal dan Kecamatan Bangkalan, Kabupaten Bangkalan. *Agromix*, 13(2): 209–216. Doi: 10.35891/agx.v13i2.2883.
- Anindita, P.A., Putri, T.K., Ustari, D., Maulana, H., Rachmadi, M., Concibido, V., Suganda, T., & Karuniawan, A. 2020. Dataset of agromorphological traits in early population of turmeric (*Curcuma longa* L.) local accessions from Indonesia. *Data in Brief*, 33: 1–8. Doi: 10.1016/j.dib.2020.106552.
- Aswathi, A.P., Baghav, S.B., & Prasath, D. 2022. Assessment of genetic variation in turmeric (*Curcuma longa* L.) varieties based on morphological and molecular characterization. *Genet Resour Crop Evol*, 70: 147–158. Doi: 10.1007/s10722-022-01417-3.
- Badan Pusat Statistik. 2024. (On-line), Produksi Tanaman Biofarmaka (Obat) 2021-2023. <https://www.bps.go.id/id/statistics-table/2/NjMjMg==/produksi-tanaman-biofarmaka--obat-.html> diakses 30 November 2024.
- Das, A., Gaur, M., Barik, D.P., & Subudhi, E. 2016. Genetic diversity analysis of 60 ginger germplasm core accessions using ISSR and SSR markers. *Plant Biosystems*, 151: 1–11. Doi: 10.1080/11263504.2016.1211197
- Doyle, J. 1991. DNA Protocols for Plants. In: Hewitt, G.M., Johnston, A.W.B., Young, J.P.W. (Eds). *Molecular Techniques in Taxonomy*. NATO ASI Series, vol 57. Springer, Berlin, Heidelberg. Doi: 10.1007/978-3-642-83962-7_18.
- Dudekula, M.V., Kandasamy, V., Balaraman, S.S., Selvamani, S.B., Muthurajan, R., Adhimoolam, K., Manoharan, B., & Natesan, S. 2022. Unlocking the genetic diversity of Indian turmeric (*Curcuma longa* L.) germplasm based on rhizome yield traits and curcuminoids. *Front. Plant Sci.*, 13 (1036592): 1–15. Doi: 10.3389/fpls.2022.1036592.
- Effendy, Respatijarti, & Waluyo, B. 2018. Keragaman genetik dan heritabilitas karakter komponen hasil dan hasil ciplukan (*Physalis* sp.). *Jurnal Agro*, 5(1): 30–38. Doi: 10.15575/1864.
- Elfianis, R., Warino, J., Rosmaina, Suherman, & Zulfahmi. 2021. Analisis kekerabatan genetik tanaman padi (*Oryza sativa* L.) di Kabupaten Kampar dengan menggunakan penanda *Random Amplified Polymorphic DNA* (RAPD). *Jurnal Agroteknologi*, 11(2): 75–84. Doi: 10.24014/ja.v11i2.10013.
- Gogoi, A., Munda, S., Paw, M., Begum, T., Siddiqui, M.H., Gaafar, A.Z., Kesawat, M.S., & Lal, M. 2023. Molecular genetic divergence analysis amongst high curcumin lines of golden crop (*Curcuma longa* L.) using SSR marker and use in trait-specific breeding. *Scientific Reports*, 13(19690): 1–18. Doi: 10.1038/s41598-023-46779-5.

- Gunardi, D.V. 2023. Aktivitas Antioksidan Ekstrak Kloroform dan Etanol dari Beras Putih (*Oryza sativa* L.) dan Beras Merah (*Oryza nivara*). *Skripsi*. Fakultas Kedokteran, Universitas Kristen Indonesia, Jakarta. Retrieved from: <http://repository.uki.ac.id/10505/>.
- Heryanto, R. & Syahid, S.F. 2021. Preliminary study on genetic diversity and relationship of 12 white turmeric (*Curcuma zedoaria* (Christm.) Roscoe) accessions based on morphological traits. *IOP Conf. Series: Earth and Environmental Science* 762 (012019): 1–9. Doi: 10.1088/1755-1315/762/1/012019.
- Ilahi, A.K. 2020. Keragaman fenotipe dan kemiripan morfologis hanjeli (*Coix larcyma-jobi* L.) di Kabupaten Lima Puluh Kota. *Jurnal Ilmu-Ilmu Pertanian Indonesia*, 22(2): 129–135. Doi: 10.31186/jipi.22.2.129-135.
- Ilyas, S., Naz, S., Javad, S., & Shahzadi, K. 2018. Genetic divergence among *Curcuma longa* L. (turmeric) germplasm from Pakistan using RAPD markers. *The Journal of Animal & Plant Sciences*, 28(2): 597–603. Retrieved from: <https://www.thejaps.org.pk/docs/v-28-02/31.pdf>.
- Ismail, N.A., Rafii, M.Y., Mahmud, T.M.M., Hanafi, M.M., & Miah, G. 2019. Genetic diversity of torch ginger (*Etlingera elatior*) germplasm revealed by ISSR and SSR markers. *BioMed Research Article*, 2019 (1): 1–14. Doi: 10.1155/2019/5904804.
- Kementerian Kesehatan Republik Indonesia. 2023. *Laporan Kinerja 2022*. Direktorat Jenderal Pencegahan dan Pengendalian Penyakit, Jakarta. Retrieved from: <https://p2p.kemkes.go.id/wp-content/uploads/2023/03/Laporan-Kinerja-Direktorat-Jenderal-P2P-Tahun-2022.pdf>.
- Kusnadi, S., Novita, I., & Miftah, H. 2020. Analisis pendapatan usahatani dan efisiensi pemasaran kunyit (*Curcuma domestica* Val). *Jurnal Agribisnis*, 6(1): 50–68. Doi: 10.30997/jagi.v6i1.2806.
- Li, X., Qiao, L., Chen, B., Zheng, Y., Zhi, C., Zhang, S., Pan, Y., & Cheng, Z. 2022. SSR markers development and their application in genetic diversity evaluation of garlic (*Allium sativum*) germplasm. *Plant Diversity*, 44 (5): 481–491. Doi: 10.1016/j.pld.2021.08.001.
- Liu, K. & Muse, S.V. 2005. PowerMarker: an integrated analysis environment for genetic marker analysis. *Bioinformatics*, 21(9): 2128–2129. Doi: 10.1093/bioinformatics/bti282.
- Magar, S.G., Meetei, N.T., Singh, K.N., Khanna, V.K., & Chowdhury, V.K. 2021. Genetic variability of *Curcuma* sp. accessions of North East Hill region of India using ISSR and RAPD markers. *The Pharma Innovation Journal*, 10(11): 2781–2787. Retrieved from: <https://www.thepharmajournal.com/archives/2021/vol10issue11S/PartAC/S-10-11-169-291.pdf>.
- Maharani, A.I., Riskierdi, F., Febriani, I., Kurnia, K.A., Rahman, N.A., Ilahi, N.F., & Farma, S.A. 2021. Peran antioksidan alami berbahan dasar pangan lokal dalam mencegah efek radikal bebas. *Prosiding Seminar Nasional Biologi*, 14 Desember 2021, Padang. Hal. 390–399. Doi: 10.24036/proseminasbio/vol1/355.
- Mehta, M.C., Raghuraman, M., & Srivastava, K. 2023. Student friendly approach of molecular data analysis for the evaluation of genetic diversity. *The Pharma Innovation Journal*, SP-12(10): 1622–1629. Retrieved from: <https://www.thepharmajournal.com/archives/2023/vol12issue10S/PartU/S-12-10-127-765.pdf>.
- Mollah, A., Ashan, M.A., & Khatimah, A.H. 2022. Uji kualitas dan kuantitas DNA porang (*Amorphophallus muelleri* Blume) pada beberapa kawasan di Sulawesi Selatan. *Agrotechno Jurnal Teknologi Pertanian*, 15 (1): 1–7. Doi: 10.20956/at.v15i1.688.
- Nandakumar, K., Visnuvardhana, Fakrudin, B., Mohan, K.N.V., Brijesh, A., & Venkatesha, J. 2023. Genetic diversity in turmeric (*Curcuma longa* L.) genotypes using molecular markers.

- Biological Forum*, 15(2):1229–1236. Retrieved from: [https://www.researchtrend.net/bfij/pdf/Genetic%20Diversity%20in%20Turmeric%20\(Curcuma%20longa%20L.\)%20Genotypes%20using%20Molecular%20Markers-Nandakumar%20K-189.pdf](https://www.researchtrend.net/bfij/pdf/Genetic%20Diversity%20in%20Turmeric%20(Curcuma%20longa%20L.)%20Genotypes%20using%20Molecular%20Markers-Nandakumar%20K-189.pdf).
- Nugroho, K., Terryana, T.R., Reflinur, Lestari, P. 2019. Metode ekstraksi DNA tanaman tanpa presipitasi etanol untuk kegiatan Polymerase Chain Reaction (PCR). *Jurnal Bioteknologi & Biosains Indonesia*, 6(1): 29–38. Doi: 10.29122/jbbi.v6i1.3082.
- Patel, P., Patel, R.K., Modha, K.G., Singh, T.J., & Singh, M. 2023. Genetic variability and molecular diversity analysis in turmeric (*Curcuma longa* L.). *Indian Journal of Agricultural Research*, 57(4): 500–506. Doi: 10.18805/IJARE.A-5800.
- Permatasari, S., Ardiarini, N.R., & Kuswanto. 2018. Analisis hubungan kekerabatan antar galur kecipir (*Psophocarpus tertragonolobus* L.) lokal. *Jurnal Produksi Tanaman*, 6(11): 2923–2930. Retrieved from: <https://protan.studentjournal.ub.ac.id/index.php/protan/article/view/1019/1037>.
- Prasath, D., Kandiannan, K., Leela, N.K., Aarthi, S., Sasikumar, B., & Babu, K.N. 2018. Turmeric: Botany and Production Practices. pp. 99–184. In: I. Warrington (Ed), *Horticultural Reviews*. John Wiley & Sons, Hoboken. Doi: 10.1002/9781119521082.ch3.
- Prasetia, R.G.N., Suprayogi, Asnani, A., Oktaviani, E., & Nuryana, I. 2022. Microsatellite markers and metabolite profiles of salt-tolerant rice: Inpari Unsoed 79 Agritan. *Caraka Tani: Journal of Sustainable Agriculture*, 37(2): 223–232. Doi: 10.20961/carakatani.v37i2.57728.
- Prasetiyo, A. & Sonia, N.R. 2021. Peningkatan ekonomi masyarakat melalui produksi dan pemasaran bubuk kunyit temu lawak di Dusun Ngagik, Pacitan. *Prodimas*, 1: 399–416. Retrieved from: <https://prosiding.iainponorogo.ac.id/index.php/prodimas/article/cite/474/MlaCitationPlugin>.
- Purwoko, D., Pramono, Tajuddin, T., Rismayanti, & Dinuriah, I. 2021. Analisis homogenitas genetik klon apel (*Malus* spp.) hasil perbanyakan ex vitro berdasarkan penanda SSR. *Jurnal Bioteknologi & Biosains Indonesia*, 8(1): 57–67. Retrieved from: <https://ejournal.brin.go.id/JBBI/article/view/1841>.
- Putri, T.K., Anindita, P.A., Wicaksana, N., Suganda, T., Concibido, V., & Karuniawan, A. 2020. Keragaman genetik 64 aksesori kunyit asal indonesia berdasarkan marka P450-based analogue (PBA). *Buletin Penelitian Tanaman Rempah dan Obat*, 31(2): 123–134. Doi: 10.21082/bullittro.v31n2.2020.123-134.
- Rohlf, F.J. 2000. NTSYSpc: Numerical taxonomy and multivariate analysis system. Version: 2.1. Exeter Publishing Setauket, New York. Retrieved from: https://www.appliedbiostat.com/ntsypsc/update_NTSYSpc.html.
- Senan, S., Kizhakayil, D., Sheeja, T.E., Sasikumar, B., Bhat.A.I., & Parthasarathy, V.A. 2013. Novel polymorphic microsatellite markers from turmeric, *Curcuma longa* L. (Zingiberaceae). *Acta Bot. Croat*, 72(2): 407–412. Doi: 10.2478/botcro-2013-0002.
- Shan, C.Y. & Iskandar, Y. 2018. Studi kandungan kimia dan aktivitas farmakologi tanaman kunyit (*Curcuma longa* L.). *Farmaka*, 16(2): 547–555. Retrieved from: <https://jurnal.unpad.ac.id/farmaka/article/view/17610/pdf>.
- Sholichah, L. 2019. Karakterisasi Genom Kultivar Pisang berdasarkan Marka Morfologi dan Marka Molekuler RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA). *Skripsi*. Fakultas Sains dan Teknologi, Universitas Islam Negeri Maulana Malik Ibrahim, Malang. Retrieved from: <http://etheses.uin-malang.ac.id/15232/1/15620111.pdf>.

- Singh, A.K., Nanda, P., Singh, A., & Singh, B. 2015. Genetic diversity analysis in turmeric (*Curcuma longa* L.) based on SSR markers. *Journal of Biological Engineering Research and Review*, 2(1): 20–24. Retrieved from: <https://scispace.com/pdf/research-article-genetic-diversity-analysis-in-turmeric-3ac6a1eqf9.pdf>.
- Subositi, D., Kurnianingrum, N., Mujahid, R., & Widiyastuti, Y. 2020. *Kaempferia galanga* L. a medicinal plant used by Indonesian ethnic groups: genetic diversity based on Inter-Simple Sequence Repeats (ISSR). *Agrivita Journal of Agricultural Science*, 42(1): 45–52. Doi: 10.17503/agrivita.v42i1.1850.
- Subositi, D., Widodo, H., Mujahid, R., Rahmawati, N., Mustofa, F.I., Haryanti, S., Sholikhah, I.Y.M., Maruzy, A., & Widiyastuti, Y. 2022. Genetic diversity and chemicals profile of ginger (*Zingiber officinale* Roscoe) in Indonesia. *IJASEIT*, 12(3): 929–936. Doi: 10.18517/ijaseit.12.3.15660.
- Suprihatin, T. Rahayu, S., Rifa'i, M., & Widiyarti, S. 2020. Senyawa pada serbuk rhizome powder (*Curcuma longa* L.) yang berpotensi sebagai antioksidan. *Buletin Anatomi dan Fisiologi*, 5(1): 35–42. Doi: 10.14710/baf.5.1.2020.35-42.
- Terryana, R.T., Ningrum, N.D.S.A., Nugroho, K., Saptadi, D., Kurniawan, H., & Lestari, P. 2023. Analisis keragaman genetik dan pengembangan profil sidik jari DNA 20 varietas cabai lokal Indonesia berdasarkan marka SSR. *Jurnal AgroBiogen*, 16(2):45–58. Doi: 10.21082/jbio.v16n2.2020.p45-58.
- Trimanto, Dwiyantri, D., & Indriyani, S. 2017. Morfologi, anatomi dan uji histokimia rimpang *Curcuma aeruginosa* Roxb; *Curcuma longa* L. dan *Curcuma heyneana* Valetton dan Zijp. *Berita Biologi*, 17(2): 123–133. Doi: 10.14203/beritabiologi.v17i2.3086.
- Tsykun, T., Rellstab, C., Dutech, C., Sipos, G., & Prospero, S. 2017. Comparative assessment of SSR and SNP markers for inferring the population genetic structure of the common fungus *Armillaria cepistipes*. *Heredity*, 119: 371–380. Doi: 10.1038/hdy.2017.48.
- Vasek, J., Cilova, D., Melounova, M., Svoboda, P., Vejl, P., Stikarova, R., Vostry, L., Kuchtova, P., & Ovesna, J. 2020. New EST-SSR Markers for individual genotyping of opium poppy cultivars (*Papaver somniferum* L.). *Plants*, 9(10): 1–15. Doi: 10.3390/plants9010010.
- Verma, S., Singh, S., Sharma, S., Tewari, S.K., Roy, R.K., Goel, A.K., & Rama, T.S. 2015. Assessment of genetic diversity in indigenous turmeric (*Curcuma longa*) germplasm from India using molecular markers. *Physiol Mol Biol Plants*, 21(2): 233–242. Doi: 10.1007/s12298-015-0286-2.
- Vieira, M.L.C., Santini, L., Diniz, A.L., Munhoz, C.F. 2016. Microsatellite markers: what they mean and why they are so useful. *Genetics and Molecular Biology*, 39(3): 312–328. Doi: 10.1590/1678-4685-GMB-2016-0027.
- Wati, H.D., Ekawati, I. & Ratna, P. 2022. Keragaman genetik dan heritabilitas karakter komponen hasil jagung varietas lokal Sumenep. *Cemara*, 19(1): 85–94. Doi: 10.24929/fp.v19i1.1985.
- Yuan, J., Zhang, X., Wang, M., Sun, Y., Liu, C., Li, S., Yu, Y., Gao, Y., Liu, F., Zhang, X., Kong, J., Fan, G., Zhang, C., Feng, L., Xiang, J., & Li, F. 2021. Simple sequence repeats drive genome plasticity and promote adaptive evolution in penaeid shrimp. *Communications Biology*, 4(186): 1–14. Doi: 10.1038/s42003-021-01716-y.