

**ANALISIS KERAGAMAN GENETIK PISANG LIAR
(*Musa acuminata* Colla) ASAL DAERAH SEMI-KERING
INDONESIA DENGAN MARKER *SEQUENCE-RELATED
AMPLIFIED POLYMORPHISM* (SRAP)**

SKRIPSI

Untuk memenuhi sebagian persyaratan
memperoleh derajat Sarjana S1 Program Studi Biologi



Disusun oleh:

Dimas Rolanda Agatha

21106040056

**PROGRAM STUDI BIOLOGI
FAKULTAS SAINS DAN TEKNOLOGI
UNIVERSITAS ISLAM NEGERI SUNAN KALIJAGA
YOGYAKARTA**

2025

PENGESAHAN TUGAS AKHIR



KEMENTERIAN AGAMA
UNIVERSITAS ISLAM NEGERI SUNAN KALIJAGA
FAKULTAS SAINS DAN TEKNOLOGI

Jl. Marsda Adisucipto Telp. (0274) 540971 Fax. (0274) 519739 Yogyakarta 55281

PENGESAHAN TUGAS AKHIR

Nomor : B-2529/Un.02/DST/PP.00.9/12/2025

Tugas Akhir dengan judul : Analisis Keragaman Genetik Pisang Liar (*Musa acuminata* Colla) Asal Daerah Semi-Kering Indonesia Dengan Marker Sequence-Related Amplified Polymorphism (SRAP)

yang dipersiapkan dan disusun oleh:

Nama : DIMAS ROLANDA AGATHA
Nomor Induk Mahasiswa : 21106040056
Telah diujikan pada : Selasa, 16 Desember 2025
Nilai ujian Tugas Akhir : A

dinyatakan telah diterima oleh Fakultas Sains dan Teknologi UIN Sunan Kalijaga Yogyakarta

TIM UJIAN TUGAS AKHIR



Ketua Sidang

Dr. Ika Nugraheni Ari Martiwi, S.Si., M.Si
SIGNED

Valid ID: 6948b42f161de



Penguji I

Anti Damayanti, H S.Si., M.Mol.Bio.
SIGNED

Valid ID: 6944b9f67ff2



Penguji II

Anisa Nazera Fauzia, M.Biotech
SIGNED

Valid ID: 6944e253765da



Yogyakarta, 16 Desember 2025

UIN Sunan Kalijaga
Dekan Fakultas Sains dan Teknologi

Prof. Dr. Dra. Hj. Khurul Wardati, M.Si.
SIGNED

Valid ID: 694a1bf807363

SURAT PERNYATAAN KEASLIAN

SURAT PERNYATAAN KEASLIAN SKRIPSI

Yang bertandatangan di bawah ini:

Nama : Dimas Rolanda Agatha
NIM : 21106040056
Jurusan : Biologi
Fakultas : Sains dan Teknologi

Menyatakan bahwa skripsi yang berjudul “Analisis Keragaman Genetik Pisang Liar (*Musa acuminata* Colla) Asal Daerah Semi-Kering Indonesia Dengan Marker *Sequence-Related Amplified Polymorphism* (SRAP)” merupakan hasil penelitian saya sendiri, tidak terdapat karya yang pernah diajukan untuk memperoleh gelar sarjana di suatu Perguruan Tinggi, dan sepanjang pengetahuan saya juga tidak terdapat karya atau pendapat yang pernah ditulis atau diterbitkan orang lain, kecuali secara tertulis diacu dalam naskah ini dan disebutkan dalam daftar pustaka.

Yogyakarta, 4 Desember 2025



Dimas Rolanda Agatha
NIM. 21106040056

STATE ISLAMIC UNIVERSITY
SUNAN KALIJAGA
YOGYAKARTA

SURAT PERSETUJUAN SKRIPSI



Universitas Islam Negeri Sunan Kalijaga



FM-UINSK-BM-05-03/R0

SURAT PERSETUJUAN SKRIPSI/TUGAS AKHIR

Hal : Persetujuan Skripsi / Tugas Akhir

Lamp : -

Kepada

Yth. Dekan Fakultas Sains dan Teknologi

UIN Sunan Kalijaga Yogyakarta

di Yogyakarta

Assalamu'alaikum wr. wb.

Setelah membaca, meneliti, memberikan petunjuk dan mengoreksi serta mengadakan perbaikan seperlunya, maka kami selaku pembimbing berpendapat bahwa skripsi Saudara:

Nama : Dimas Rolanda Agatha

NIM : 21106040056

Judul Skripsi : Analisis Keragaman Genetik Pisang Liar (*Musa acuminata* Colla) Asal Daerah Semi-Kering Indonesia Dengan Marker *Sequence-Related Amplified Polymorphism* (SRAP)

sudah dapat diajukan kembali kepada Program Studi Biologi Fakultas Sains dan Teknologi UIN Sunan Kalijaga Yogyakarta sebagai salah satu syarat untuk memperoleh gelar Sarjana Strata Satu dalam Program Studi Biologi.

Dengan ini kami berharap agar skripsi/tugas akhir Saudara tersebut di atas dapat segera dimunaqasyahkan. Atas perhatiannya kami ucapkan terima kasih.

Wassalamu'alaikum wr. wb.

Yogyakarta, 4 Desember 2025

Pembimbing I

Dr. Ika Nugraheni Ari Martiwi, S.Si., M.Si

NIP. 19800207 200912 2 002

Pembimbing II

TT ELEKTRONIK

Dr. La Ode Muhammad Muchdar Davis

NIP. 198705172019021002



Dokumen ini ditandatangani secara elektronik menggunakan sertifikat dari BSRiE, silahkan lakukan verifikasi pada dokumen elektronik yang dapat diunduh dengan melakukan scan QR Code

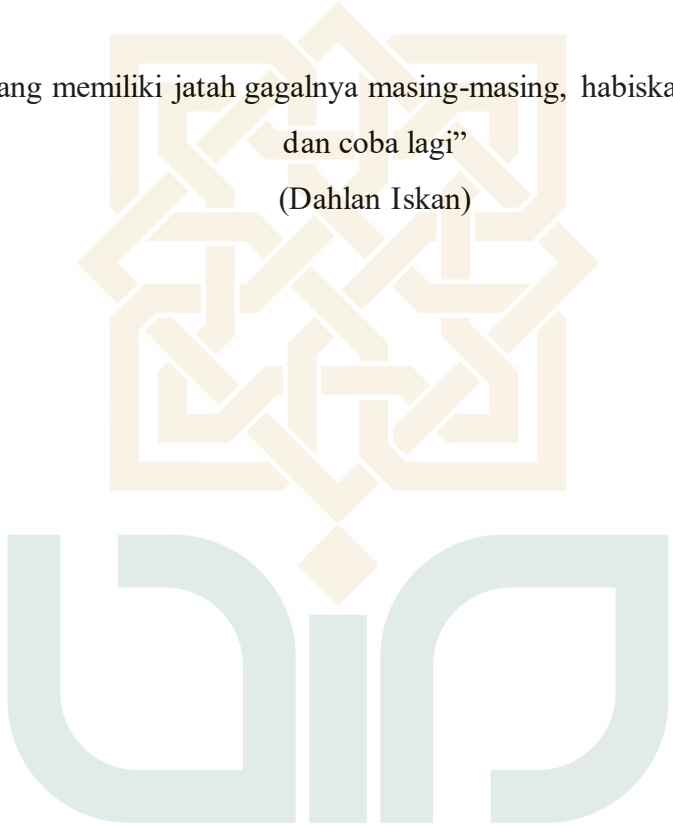
MOTTO

“Maka sesungguhnya beserta kesulitan ada kemudahan, maka apabila kamu telah selesai (dari suatu urusan) teruskan bekerja keras (untuk urusan yang lain)”

(QS Al-Insyirah: 6-7)

“Setiap orang memiliki jatah gagalnya masing-masing, habiskan jatah gagalmu dan coba lagi”

(Dahlan Iskan)



STATE ISLAMIC UNIVERSITY
SUNAN KALIJAGA
YOGYAKARTA

HALAMAN PERSEMBAHAN

Dengan menyebut nama Allah SWT dan mengucapkan syukur Alhamdulillah atas karunia-Nya yang telah memberikan petunjuk dan kemudahan dalam menyelesaikan skripsi. Tulisan ini saya persembahkan untuk orang tua penulis yaitu Ibu Kartika Sari dan (Alm) Bapak Agus Widodo, Kakak penulis dan suami, Aninda Putri Agatha dan M. Arif Saadilah, yang tidak hentinya memberikan doa, motivasi, kasih sayang, serta dukungan moral demi keberhasilan dan kesuksesan penulis.



KATA PENGANTAR

Puji dan syukur senantiasa penulis panjatkan kepada Allah SWT atas segala kasih dan karunia-Nya sehingga penyusunan tugas akhir skripsi ini telah berhasil diselesaikan dengan baik. Salawat serta salam penulis panjatkan kepada Nabi Muhammad SAW yang telah membawa kita dari zaman kegelapan kepada zaman yang terang benderang. Skripsi yang berjudul “Analisis Keragaman Genetik Pisang Liar (*Musa acuminata* Colla) Asal Daerah Semi-Kering Indonesia Dengan Marker *Sequence-Related Amplified Polymorphism* (SRAP)” ini disusun untuk memenuhi salah satu persyaratan guna memperoleh gelar sarjana Sains pada Program Studi Biologi, Fakultas Sains dan Teknologi, Universitas Islam Negeri Sunan Kalijaga Yogyakarta. terselesaikannya tugas akhir skripsi ini tidak lepas dari bimbingan dan dukungan dari berbagai pihak. Untuk itu, dengan segala kerendahan hati penulis mengucapkan terima kasih kepada:

1. Ibu Prof. Dr. Khurul Wardati, M.Si. selaku Dekan Fakultas Sains dan Teknologi, UIN Sunan Kalijaga Yogyakarta.
2. Ibu Dr. Ika Nugraheni Ari Martiwi, S.Si., M.Si. selaku Ketua Program Studi Biologi, Dosen Pembimbing Skripsi I, dan Dosen Penasihat Akademik yang telah sabar membimbing, mengarahkan, memberi masukan berharga selama proses penyusunan skripsi, dan motivasi kepada penulis dalam penyelesaian skripsi ini.
3. Bapak Dr. La Ode Muhammad Muchdar Davis selaku pembimbing II, dan Ibu Eva Erdayani, Ph.D. yang telah sabar memberikan arahan, bimbingan, nasihat, dan motivasi kepada penulis selama penelitian sehingga skripsi ini dapat terselesaikan.
4. Ibu Anti Damayanti H. S.Si., M.Mol.Bio. dan Ibu Anisa Nazera Fauzia, Ph.D. selaku dosen penguji yang telah memberikan masukan, kritik, saran, tanggapan konstruktif, serta arahan yang membantu dalam penyempurnaan hasil akhir skripsi ini.
5. Pusat Riset Botani Terapan, Kelompok Riset Interaksi Tumbuhan dan Lingkungan, Badan Riset dan Inovasi Nasional, Cibinong, Kab. Bogor, yang telah memberikan kesempatan penulis untuk melakukan penelitian

tugas akhir skripsi dan MBKM sehingga penulis dapat memperoleh data-data penelitian untuk menyelesaikan tugas akhir skripsi.

6. Seluruh dosen dan staf kependidikan di Program Studi Biologi UIN Sunan Kalijaga yang telah memberikan ilmu, bimbingan, dan dukungan kepada penulis selama masa perkuliahan.
7. Kedua orang tua penulis, Ibu Kartika Sari dan (Alm) Bapak Agus Widodo, Kakak penulis dan suami Aninda Putri Agatha dan M. Arif Saadilah, serta keponakan penulis Yukio Loka Dilaga yang tidak hentinya memberikan doa, kasih sayang, motivasi, dan dukungan moral kepada penulis sejak awal perkuliahan hingga terselesaikannya skripsi ini.
8. Teman-teman penulis, terkhusus kepada Nisriinaa Sausan Butsainah, Bara Aryatna Pradana, Luqman Hakim, Mukti Ali Prasajo, Susanti Maharani Karalo, Kania Ardiya Maharani Putri, Oryza Agustin, Nurafika, Diah Nurul Irawan, dan seluruh teman-teman Biologi 2021 yang telah menemani selama penelitian dan perjalanan penulis, memberikan dukungan, dan semangat dalam penyelesaian skripsi.
9. Diri saya sendiri, Dimas Rolanda Agatha, terima kasih telah berusaha keras, bertahan, berjuang, dan tidak menyerah selama perjalanan awal perkuliahan hingga penyelesaian skripsi.

Semoga segala dukungan dan bantuan yang diberikan kepada penulis menjadi berkah dari Allah SWT dan skripsi ini bermanfaat bagi pembaca serta pihak yang membutuhkannya.

Yogyakarta, 2 Desember 2025

Penulis,

Dimas Rolanda Agatha

**Analisis Keragaman Genetik Pisang Liar (*Musa acuminata* Colla)
Asal Daerah Semi-Kering Indonesia Dengan Marker *Sequence-Related
Amplified Polymorphism* (SRAP)**

Dimas Rolanda Agatha

21106040056

ABSTRAK

Keanekaragaman hayati pisang liar (*Musa acuminata* Colla) yang teradaptasi pada daerah semi-kering berpotensi untuk pemuliaan toleransi cekaman kekeringan. Namun demikian kajian terhadap sumber daya genetik tersebut masih kurang dilakukan. Penelitian ini bertujuan untuk mengungkap tingkat keragaman genetik beberapa aksesori pisang liar dari Pulau Alor, Nusa Tenggara Timur sebagai representasi daerah semi-kering dan membandingkannya dengan aksesori dari daerah lembab, Cibinong, Jawa Barat menggunakan marka molekuler *Sequence-Related Amplified Polymorphism* (SRAP). Sebanyak 183 sampel dari 8 aksesori pisang liar diekstrak DNA-nya dengan metode CTAB dan di-PCR dengan 8 kombinasi primer SRAP. Persentase pita polimorfik dari setiap kombinasi primer tersebut adalah 100% dengan konten informasi polimorfik berkisar antara 0,37 s.d. 0,50. Keragaman genetik Nei tidak bias tertinggi terdapat pada aksesori Alor 8.1.2 (0,193) dan nilai yang terendah pada aksesori 10H (0,091). Keragaman genetik total (Ht) 0,2043, dalam aksesori (Hs) 0,1369, antar aksesori (Dst) 0,0674, dengan diferensiasi genetik (Gst) dan aliran gen (Nm) masing-masing sebesar 0,3300 dan 1,0152. Analisis varian molekuler (AMOVA) menunjukkan bahwa 72% keragaman berasal dari individu dalam aksesori dan sisanya 28% dari antarpopulasi. Analisis pohon filogenetik menunjukkan bahwa 8 aksesori terbagi menjadi 3 kluster, kluster pertama berisi aksesori-aksesori Alor, kluster kedua dan ketiga diisi oleh aksesori asal Cibinong. Analisis kluster pohon filogenetik dan PCoA menunjukkan kecenderungan bahwa aksesori-aksesori mengelompok berdasarkan asal lokasi geografinya.

Kata kunci: Alor; Keragaman genetik; *Musa acuminata*; Nusa Tenggara Timur; Polimorfisme; SRAP

***Genetic Diversity Analysis of Wild Banana (*Musa acuminata* Colla)
From Semi-Arid Regions of Indonesia Using Sequence-Related Amplified
Polymorphism (SRAP) Markers***

Dimas Rolanda Agatha

21106040056

ABSTRACT

*The genetic diversity of wild bananas (*Musa acuminata* Colla) adapted to semi-arid regions has potential for breeding drought tolerance. However, studies on these genetic resources are still lacking. This study aims to reveal the level of genetic diversity of several wild banana accessions from Alor Island, East Nusa Tenggara, as a representation of semi-arid regions, and to compare them with accessions from the humid region of Cibinong, West Java, using the molecular marker Sequence-Related Amplified Polymorphism (SRAP). A total of 183 samples from 8 wild banana accessions were extracted for DNA using the CTAB method and PCR with 8 combinations of SRAP primers. The percentage of polymorphic bands from each primer combination was 100% with polymorphic information content ranging from 0.37 to 0.50. The highest Nei's unbiased genetic diversity was found in the Alor 8.1.2 accession (0.193) and the lowest value was found in the 10H accession (0.091). The total genetic diversity (H_t) was 0.2043, within accessions (H_s) was 0.1369, among accessions (D_{st}) was 0.0674, with genetic differentiation (G_{st}) and gene flow (N_m) at 0.3300 and 1.0152, respectively. Analysis of Molecular Variance (AMOVA) showed that 72% of the diversity originated from individuals within accessions and the remaining 28% from between populations. Phylogenetic tree analysis showed that the 8 accessions were divided into 3 clusters, with the first cluster containing the Alor accessions and the second and third clusters containing the Cibinong accessions. Phylogenetic tree cluster analysis and PCoA analysis showed a tendency for accessions to cluster based on their geographical origin.*

*Keywords: Alor; Genetic diversity; *Musa acuminata*; East Nusa Tenggara; Polymorphism; SRAP*

DAFTAR ISI

PENGESAHAN TUGAS AKHIR.....	ii
SURAT PERNYATAAN KEASLIAN.....	iii
SURAT PERSETUJUAN SKRIPSI.....	iv
MOTTO.....	v
HALAMAN PERSEMBAHAN.....	vi
KATA PENGANTAR.....	vii
ABSTRAK.....	ix
ABSTRACT.....	x
DAFTAR ISI.....	xi
DAFTAR TABEL	xiii
DAFTAR GAMBAR	xiv
BAB I PENDAHULUAN.....	1
A. Latar Belakang	1
B. Rumusan Masalah	5
C. Tujuan Penelitian.....	5
D. Manfaat Penelitian.....	5
BAB II TINJAUAN PUSTAKA.....	6
A. Sejarah Tanaman Pisang.....	6
B. Morfologi Pisang.....	8
C. Persebaran Pisang.....	10
D. Pemuliaan Tanaman Pisang Tahan Cekaman Kekeringan	11
E. Wilayah Semi-Arid Indonesia	14
F. <i>Polymerase Chain Reaction (PCR) Sequence-Related Amplified Polymorphism (SRAP)</i>	15
G. Penelitian Terdahulu	16
BAB III METODE PENELITIAN	18
A. Waktu dan Tempat Penelitian	18
B. Alat dan Bahan	18
C. Prosedur Kerja	19
D. Analisis Data	23

BAB IV HASIL DAN PEMBAHASAN.....	25
A. Isolasi DNA Genom.....	25
B. Amplifikasi PCR SRAP	26
C. Analisis Keragaman Genetik.....	29
BAB V PENUTUP.....	42
A. Kesimpulan.....	42
B. Saran.....	42
DAFTAR PUSTAKA.....	43
LAMPIRAN.....	52
CURRICULUM VITAE	77



DAFTAR TABEL

Tabel 1. Koleksi biji pisang liar dan asal koleksinya	19
Tabel 2. Primer SRAP dan sekuensnya.....	21
Tabel 3. Tahapan reaksi PCR primer SRAP	22
Tabel 4. Hasil uji kuantitas DNA pisang liar (<i>Musa acuminata</i>).....	25
Tabel 5. Analisis polimorfisme hasil amplifikasi 8 aksesori pisang liar (<i>Musa acuminata</i>) menggunakan 8 kombinasi primer SRAP	27
Tabel 6. Keragaman genetik pada setiap aksesori pisang liar Alor dan Cibinong.....	30
Tabel 7. Keanekaragaman dan diferensiasi genetik aksesori-aksesori pisang liar Alor dan Cibinong berdasarkan frekuensi gen	34
Tabel 8. Analisis ragam molekuler (<i>Analysis of Molecular Variance</i> , AMOVA) aksesori-aksesori pisang liar Alor dan Cibinong	35
Tabel 9. Identitas genetik Nei (di atas diagonal) dan jarak genetik Nei (di bawah diagonal) antar aksesori pisang liar Alor dan Cibinong berdasarkan penanda SRAP	37

DAFTAR GAMBAR

Gambar 1. Tanaman Pisang Liar (<i>Musa acuminata</i>)	7
Gambar 2. Peta wilayah pengambilan koleksi sampel biji pisang liar (<i>Musa acuminata</i>),	18
Gambar 3. Representasi elektroforesis DNA genom hasil ekstraksi CTAB pada aksesori MA3	26
Gambar 4. Dendrogram filogenetik berdasarkan kluster UPGMA pada 8 aksesori pisang liar (<i>Musa acuminata</i>)	38
Gambar 5. Hasil analisis koordinat utama (PCoA) dari 8 aksesori pisang liar (<i>Musa acuminata</i>).....	40

BAB I

PENDAHULUAN

A. Latar Belakang

Pisang adalah buah yang kaya akan karbohidrat, mineral, dan vitamin yang menjadi salah satu makanan pokok bagi jutaan penduduk tropis (Safhi *et al.*, 2023). Pisang menempati urutan keempat setelah sereal, ubi-ubian, dan kacang-kacangan sebagai sumber pangan utama di negara berkembang seperti Uganda, Rwanda, Burundi, Republik Demokratik Kongo, Papua Nugini, dan Indonesia (Safhi *et al.*, 2023).

Pohon pisang merupakan tanaman yang ideal tumbuh pada daerah beriklim hangat dan lembab. Saat ini terdapat sekitar seratus dua juta hektar lahan pertanian pisang yang tersebar di Amerika, Afrika, Asia, Eropa, dan Australia (Safhi *et al.*, 2023). Keberadaan lahan yang begitu luas mencerminkan pentingnya pisang sebagai tanaman pangan utama yang mendukung perekonomian lokal dan menyediakan lapangan kerja bagi jutaan petani kecil. Banyak negara di Asia, Afrika, Amerika Latin, dan Kepulauan Pasifik bergantung pada produksi pisang untuk sebagian besar perekonomian mereka. Pada tahun 2022 terdapat sekitar 135 juta ton produksi pisang global, namun hanya beberapa ton di antaranya yang dapat diekspor (FAOSTAT, 2023). Di Indonesia, pisang adalah komoditas buah dengan produksi nasional tertinggi sebesar 9,3 juta ton yang diusahakan pada total lahan pertanian seluas 6000 hektar. Provinsi Jawa Timur merupakan provinsi penghasil pisang tertinggi di Indonesia (BPS, 2023).

Pisang memiliki keunggulan agronomis dalam hal kemampuan tumbuh cepat dan menghasilkan buah sepanjang tahun. Hal ini menjadikan pisang sebagai tanaman yang efisien dan menguntungkan untuk dibudidayakan, terutama di daerah dengan iklim tropis. Pisang bereproduksi dengan cara bertunas, yang memungkinkan petani memperoleh tanaman baru dengan sifat genetik yang seragam dan kualitasnya terjaga (Mahadev *et al.*, 2011). Teknik ini juga mempercepat siklus tanam dan meningkatkan

produktivitas, sehingga pisang menjadi pilihan strategis dalam pengembangan pertanian berkelanjutan.

Perubahan iklim global menyebabkan perubahan pola curah hujan dan kekeringan yang meluas, di mana sekitar 27% wilayah daratan di dunia mengalami kekeringan intens dalam beberapa tahun terakhir (Gebrechorkos *et al.*, 2025). Cekaman kekeringan menurunkan hasil panen pisang secara drastis sebesar 30-50% (Junior & Hariyono, 2019). Ketika kekurangan air, daun tanaman pisang layu dan menggulung, daun menguning dan nekrosis, pelepah daun menjadi patah, dan buah yang terbentuk kecil (Hartati *et al.*, 2024). Efek cekaman kekeringan pada pisang tercermin pada penurunan kadar klorofil, penurunan karbohidrat terlarut, stres osmotik, dan penurunan tekanan turgor (Wirawan *et al.*, 2016). Di daerah-daerah yang bergantung pada pisang sebagai makanan pokok, kekeringan menjadi ancaman serius bagi ketahanan pangan.

Salah satu strategi untuk menanggulangi dampak kekeringan terhadap pertanian pisang adalah pengembangan galur tanaman tahan kekeringan melalui pemuliaan tanaman. Pemuliaan tanaman tahan kekeringan sangat bergantung pada ketersediaan sumber daya genetik yang beragam dan mengandung sifat-sifat adaptif untuk kemudian diidentifikasi, diseleksi, dan diintegrasikan ke dalam kultivar pisang yang diinginkan. Pisang budidaya yang umumnya dikonsumsi, memiliki keragaman genetik yang terbatas akibat *bottleneck* (penyempitan genetik) domestikasi dan pemuliaan (Sutriana, 2025). Sebaliknya, spesies pisang liar (*Musa acuminata*) yang merupakan leluhur banyak pisang budidaya yang ada saat ini, memiliki keragaman genetik yang tinggi dan penting untuk digali potensinya yang berguna untuk perbaikan sifat yang relevan dengan resiliensi terhadap perubahan iklim dewasa ini, seperti ketahanan terhadap cekaman biotik dan abiotik.

Indonesia juga merupakan asal mula (*center of origin*) dan pusat keanekaragaman hayati (*center of biodiversity*) spesies pisang di dunia (Ainiyah *et al.*, 2020). Populasi pisang liar tersebut juga terdistribusi ke

kawasan yang memiliki karakteristik iklim kering semi-arid, seperti provinsi Nusa Tenggara Timur (NTT). Populasi pisang liar di kawasan semi-kering teradaptasi dengan lingkungan suboptimal defisit air, sehingga berpotensi menyimpan sumber daya genetik yang tahan kekeringan.

Pisang liar dapat berbiak secara vegetatif membentuk tunas-tunas klonal dalam satu rumpun yang identik secara genetik. Selain itu pisang liar juga mampu bereproduksi secara generatif melalui penyerbukan silang yang menghasilkan ribuan biji dari satu tanaman dewasa. Biji-biji pisang liar umumnya memiliki daya germinasi yang baik dan tumbuh menjadi kecambah dalam jumlah yang sangat banyak dan potensial untuk dijadikan material dalam skrining untuk ketahanan kekeringan. Namun demikian, kemampuan pisang liar yang dapat berbiak secara vegetatif dan persilangan berdampak pada tingkat keragaman genetik yang bervariasi dalam populasi benih, tergantung pada apakah benih tersebut berasal dari penyerbukan sendiri, penyerbukan intra-klon dalam satu rumpun, atau persilangan antara individu dari rumpun lain yang sangat berbeda secara genotip.

Potensi variasi genetik dalam populasi pisang liar memiliki dampak metodologis penting terhadap desain dan interpretasi uji skrining ketahanan kekeringan. Jika aksesori benih berasal dari penyerbukan sendiri atau antar individu yang secara genetik mirip dalam satu kelompok klon, bibit yang dihasilkan cenderung seragam secara genetik atau homozigot fungsional. Dalam konteks skrining, bibit-bibit yang homozigot tersebut dapat diperlakukan sebagai ulangan biologis, sehingga respons terhadap kekeringan dapat dikarakterisasi secara konsisten. Sebaliknya, jika benih berasal dari persilangan antar individu yang tidak berkerabat dekat, bibit akan memiliki heterozigositas yang tinggi dan setiap individu harus diperlakukan sebagai genotipe yang unik. Oleh karena itu, analisis keragaman genetik diperlukan untuk menentukan strategi penyaringan fenotip yang tepat.

Sequence-Related Amplified Polymorphism atau biasa disebut SRAP, merupakan penanda molekuler berbasis PCR yang dapat digunakan untuk

analisis keragaman genetik. Penanda SRAP dirancang khusus untuk mengamplifikasi daerah *open reading frames* (ORFs) dalam DNA (Li & Quiros, 2001). Penanda ini dipilih karena sistem yang sederhana, lebih reproduktibel dan relatif murah, memiliki tingkat *throughput* yang wajar, mendekati beberapa marka molekuler kodominan, menargetkan *open reading frame* (ORFs) dan memudahkan isolasi untuk sekuensing (Zhao *et al.*, 2009). Penanda SRAP menggunakan dua jenis primer, yaitu primer *forward* yang menargetkan wilayah ekson dan primer *reverse* yang menargetkan wilayah intron serta area yang mengandung promotor (Li & Quiros, 2001).

Keunggulan SRAP dibandingkan dengan penanda molekuler lainnya yaitu menghasilkan data yang lebih konsisten daripada RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*), lebih cepat dan hemat waktu daripada AFLP (*Amplified Fragment Length Polymorphism*), lebih produktif daripada ISSR (*Inter Simple Sequence Repeat*), dan menggabungkan keakuratan AFLP dan kemudahan RAPD. Hasil analisis ini akan memberikan wawasan penting dalam merancang uji saring ketahanan terhadap kekeringan yang efektif, serta memastikan bahwa variasi genotip diperhitungkan secara tepat dalam proses seleksi dan karakterisasi genotip pisang liar yang toleran terhadap kekeringan.

Penelitian ini bertujuan untuk menganalisis keragaman genetik dalam aksesori-aksesori pisang liar (*Musa acuminata*) asal daerah semi-kering Indonesia yaitu wilayah Nusa Tenggara Timur menggunakan penanda PCR *Sequence-Related Amplified Polymorphism* (SRAP). Hasil penelitian ini akan memberikan wawasan penting dalam merancang pengujian untuk menyaring (*screening*) sumber daya genetik pisang liar untuk ketahanan terhadap kekeringan yang efektif, serta memastikan bahwa variasi genotip diperhitungkan secara tepat dalam proses seleksi dan karakterisasi genotip pisang liar yang toleran terhadap kekeringan.

B. Rumusan Masalah

Berdasarkan latar belakang di atas, rumusan masalah dalam penelitian ini yaitu:

1. Apakah terdapat variasi genetik aksesori pisang liar (*Musa acuminata*) asal daerah semi-kering di Indonesia?
2. Bagaimana hubungan kekerabatan genetik aksesori-aksesori pisang liar (*Musa acuminata*) dari daerah semi-kering Indonesia?
3. Bagaimana pola keragaman genetik aksesori pisang liar (*Musa acuminata*) dapat divisualisasikan berdasarkan data marker SRAP?

C. Tujuan Penelitian

Adapun penelitian ini bertujuan untuk:

1. Menganalisis keragaman genetik aksesori pisang liar yang teradaptasi hidup di daerah semi-kering Indonesia menggunakan marker SRAP.
2. Menganalisis hubungan kekerabatan genetik aksesori pisang liar (*Musa acuminata*) dari daerah semi-kering Indonesia.
3. Menganalisis dan memvisualisasikan struktur keragaman genetik antar aksesori pisang liar (*Musa acuminata*) dari daerah semi-kering Indonesia.

D. Manfaat Penelitian

Adapun penelitian ini memiliki manfaat untuk:

1. Memberikan informasi keragaman genetik aksesori pisang liar asal daerah semi-kering Indonesia berdasarkan marka molekuler SRAP
2. Memberikan pemahaman tentang hubungan kekerabatan aksesori-aksesori pisang liar yang teradaptasi hidup di wilayah semi-kering Indonesia.
3. Memberikan gambaran/visualisasi pola keragaman genetik dan pengelompokan aksesori pisang liar (*Musa acuminata*) dari daerah semi-kering Indonesia.

BAB V

PENUTUP

A. Kesimpulan

Kesimpulan dari penelitian ini yaitu:

1. Marka molekuler *Sequence-Related Amplified Polymorphism* (SRAP) dengan kombinasi 8 primer menghasilkan 100% fragmen polimorfik dengan nilai keragaman genetik yang rendah ($H_e = 0,1369$). Analisis ragam molekuler (AMOVA) menunjukkan bahwa 72% keragaman genetik berada di dalam populasi, sedangkan sebesar 28% tersebar pada antarpopulasi pisang liar (*Musa acuminata*).
2. Hubungan kekerabatan pisang liar (*Musa acuminata*) dari dendrogram UPGMA membentuk 3 klaster, di mana enam aksesori Alor memiliki kekerabatan yang dekat dan membentuk satu klaster, sedangkan aksesori MA3 dan 10H membentuk klasternya masing-masing yang menandakan perbedaan genetik dari aksesori Alor.
3. Analisis PCoA menunjukkan bahwa aksesori Alor memiliki kedekatan genetik tinggi yang mengindikasikan struktur populasi yang homogen, sejalan dengan dominasi keragaman intrapopulasi sebesar 72%. Sebaliknya, aksesori MA3 dan 10H membentuk klaster terpisah yang menandakan adanya perbedaan genetik yang signifikan.

B. Saran

Saran untuk penelitian selanjutnya yaitu mengkombinasikan marker SRAP dengan marker yang bersifat kodominan, seperti *Simple Sequence Repeat* (SSR) atau *Single Nucleotide Polymorphism* (SNP), untuk memperoleh informasi genetik yang lebih komprehensif dan akurat. Selain itu, penambahan jumlah aksesori dan cakupan wilayah pengambilan sampel yang lebih luas juga disarankan untuk merepresentasikan keragaman genetik secara lebih menyeluruh.

DAFTAR PUSTAKA

- Aboul-Maaty, N.A.F., & Oraby, H.A.S. (2019). Extraction of High-Quality Genomic DNA From Different Plant Orders Applying a Modified CTAB-Based Method. *Bull Natl Res Cent*, 43(25). <https://doi.org/10.1186/s42269-019-0066-1>
- Agustin, L., Ernawati, E., Sulistyaningsih, L. D., & Mahfut. (2023). Genetic Diversity of Bananas (*Musa* spp.) in Pesawaran District Lampung Province Based on Sequence Related Amplified Polymorphism (SRAP) Marker. *Jurnal Biologi Tropis*, 23(4), 680-690. <http://dx.doi.org/10.29303/jbt.v23i4.5493>
- Ainiyah, R. K., Wahyunindita, V., Pratama, W. N., Pratiwi, I. A., Utami, E. S. W., & Hariyanto, S. (2020). DNA Barcoding: Study of Bananas (*Musa* spp.) Wild and Cultivars Group From East Java Inferred by *rbcl* Gene Sequences. *Eco. Env. & Cons*, 26, 7-13.
- Al-Ghamedi, K., Alaraidh, I., Afzal, M., Mahdhi, M., AL-Faifi, Z., Oteef, M., Tounekti, T., Alghamdi, S., & Khemira, H. (2023). Assessment of genetic diversity of local coffee populations in Southwestern Saudi Arabia Using SRAP markers. *Agronomy*, 13(2), 302. <https://doi.org/10.3390/agronomy13020302>
- Alghamdi, S. S., Al-Faifi, S. A., Migdadi, H. M., Khan, M. A., EL-Harty, E. H., & Ammar, M. H. (2012). Molecular Diversity Assessment Using Sequence Related Amplified Polymorphism (SRAP) Markers in *Vicia faba* L. *International Journal of Molecular Sciences*, 13(12), 16457-16471. <https://doi.org/10.3390/ijms131216457>
- Allendorf, F. W., Luikart, G., & Aitken, S. N. (2013). *Conservation and the genetics of populations* (2nd ed.). Wiley-Blackwell.
- Amar, M. H., Biswas, M. K., Zhang, Z., & Guo, W. (2011). Exploitation of SSR, SRAP and CAPS-SNP markers for genetic diversity of Citrus germplasm collection, *Sci. Horti*, 128(20), 227.
- Arifin, J., & Mulliadi, D. (2010). Pendugaan Keseimbangan Populasi Heterozigositas Menggunakan Pola Protein Albumin Darah Pada Populasi Domba Ekor Tipis (*Javanese thin tailed*) di daerah Indramayu. *Jurnal Ilmu Ternak*, 10(2), 65-72.
- Ariss, J. J., & Vandemark, G. J. (2007). Assessment of genetic diversity among nondormant and semidormant alfalfa populations using sequence-related amplified polymorphisms. *Crop Sci*, 47, 2274–2284.
- Ashari, S. (1995). *Hortikultura Aspek Budidaya*. Jakarta: UI Press.
- Badan Meteorologi, Klimatologi, dan Geofisika. (2024). *Buletin Informasi Iklim* (No. 07, Juli). Pusat Informasi Perubahan Iklim, Kedeputan Bidang Klimatologi, Badan Meteorologi, Klimatologi dan Geofisika.
- Badan Pusat Statistik. (2021). *Produksi Buah-buahan Menurut Kabupaten/Kota dan Jenis Tanaman (Kuintal)*. Diakses 16 Februari 2025 dari lampung.bps.go.id.

- Badan Pusat Statistik. (2022). *Produksi Tanaman Buah-buahan*. Diakses 8 Juni 2025 dari <https://www.bps.go.id/id/statistics-table/2/NjIjMg==/production-of-fruits.html>
- Badan Pusat Statistik. (2023). *Produksi Tanaman Buah-buahan*. Diakses 8 Juni 2025 <https://www.bps.go.id/id/statistics-table/2/NjIjMg==/production-of-fruits.html>
- Bhatt, J., Kumar, S., Patel, S., & Solanki, R. (2017). Sequence-related amplified polymorphism (SRAP) markers based genetic diversity analysis of cumin genotypes. *Annals of Agrarian Science*. <https://doi.org/10.1016/j.aasci.2017.09.001>
- Bhatt, K. C., Patel, R., & Tiwari, A. (2017). Genetic diversity analysis using SRAP markers in crop plants. *Journal of Crop Improvement*, 31(3), 345–360. <https://doi.org/10.1080/15427528.2017.1303800>
- Botstein, D., White, R.L., Skolnick, M., & Davis, R.W. (1980). Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *Am. J. Hum. Genet*, 32, 314–331.
- Budak, H., Shearman, R. C., Gaussoin, R. E., & Dweikat I. M. (2004). Application of sequence related amplified polymorphism markers for characterization of turfgrass species, *HortSci*, 39, 955–958.
- Budak, H., Shearman, R. C., Parmaksiz, I., & Dweikat, I. M. (2004). Comparative analysis of seeded and vegetative biotype buffalograsses based on phylogenetic relationship using ISSRs, SSRs, RAPDs, and SRAPs. *Theoretical and Applied Genetics*, 109(2), 280–288. <https://doi.org/10.1007/s00122-004-1630-z>
- Budak, H., Shearman, R. C., Parmaksiz, I., Gaussoin, R. E., Riordan, T. P., & Dweikat, I. (2004). Molecular characterization of buffalograss germplasm using sequence-related amplified polymorphism markers. *Theor. Appl. Genet.*, 108, 328–334.
- Cahyono, B. (2002). *Pisang Budidaya dan Analisis Usaha Tani*. Yogyakarta: Kanisius.
- Chadded, H., Crespan, M., Guenni, K., Sai-Kachout, S., & Chtourou-Ghorbel, N. (2025). Genetic Diversity Assessment in Tunisian Tall Fescue (*Festuca arundinacea* Schreb) Using SRAP Markers: Implications for Breeding and Germplasm Conservation. *Plant Mol Biol Rep*, 43, 1307–1318. <https://doi.org/10.1007/s11105-025-01544-y>
- Cheesman, E. E. (1947). Classification of the Bananas. Chapter II. The Genus *Musa* L. *Kew Bulletin*. 2, 106-117.
- Craveno, V., Martin E., & Country, E. (2007). Genetic Diversity of *Cynara cardunculus* Determined by Sequence-Related Amplified Polymorphism Markers. *Journal of the American Society for Hortikultural Science*, 132, 1-5. DOI:10.21273/JASHS.132.2.208
- Codex, Y. (2023). Assessing Extinction Risk and Genetic Diversity of Wild Banana Species: Implications for Conservation Strategies. *Yubetsu Codex Ecology*, 1(3). Diakses 25 April 2025 dari <https://codex.yubetsu.com/article/e4ae8d4caa1545da816f2c8e09ed32cc>

- De Langhe, E., & Vrydaghs, P. (2009). Why Bananas Matter: an Introduction to the History of Banana Domestication. *Ethnobotany Research and Applications*, 7, 165-177.
- Debnath, S., Khan, A. A., Das, A., Murmu, I., Khan, A., Mandal, K. K. (2019). Genetic Diversity in Banana. In: Nandwani, D. (eds) Genetic Diversity in Horticultural Plants. *Sustainable Development and Biodiversity*, 22. https://doi.org/10.1007/978-3-319-96454-6_8
- Ebert, A. W., & Engels, J. M. M. (2020). Plant Biodiversity and Genetic Resources Matter. *Plants*, 9(12), 1706. <https://doi.org/10.3390/plants9121706>
- El-Gioushy, S. (2022). Genetic diversity and relationships within Citrus species based on sequence-related amplified polymorphism markers (SRAP). *Ann Agric Sci Moshtohor*, 60(2), 481–490. <https://doi.org/10.21608/assjm.2022.253459>.
- Ernawati, E., Rochmah, A., Bambang, I., Nurhasanah E., & Mohamad, K. (2018). Germplasm Diversity of Banana (*Musa* spp.) in the City of Bandar Lampung, Indonesia by Type of Genome and Number of Chromosome. *Scholars Journal of Agriculture and Veterinary Sciences (SJAVS)*, 5(4). 251-254.
- Espino, R. R. C., Jamaludin, S. H., Silayoi, B., & Nasution, R. E. (1992). *Musa L. (Edible Cultivars)*. Bogor: Prosea Foundation.
- Fang, D., & Roose, M. L. (1997). Identification of closely related citrus cultivars with inter-simple sequence repeat markers. *Theoretical and Applied Genetics*, 95(3), 408–417. <https://doi.org/10.1007/s001220050583>
- FAOSTAT. (2023). *Bananas: Production, trade and producer's price data*. Diakses 9 Juni 2025 dari <http://www.fao.org/faostat/en/#data>
- Gebrechorkos, S. H., Sheffield, J., Vicente-Serrano, S. M., Funk, C., Miralles, D. G., Peng, J., Dyer, E., Talib, J., Beck, H., E., Singer, M. B., & Dadson, S. J. (2025). Warming accelerates global drought severity. *Nature*, 642, 628–635. <https://doi.org/10.1038/s41586-025-09047-2>
- Graffelman, J. (2015). Exploring Hardy-Weinberg equilibrium in genetic association studies. *Statistical Applications in Genetics and Molecular Biology*, 14(4), 413–427. <https://doi.org/10.1515/sagmb-2014-0076>
- Graffelman, J., & Wigginton, J. E. (2016). Detecting deviations from Hardy-Weinberg equilibrium in the presence of missing genotype data. *Genetic Epidemiology*, 40(4), 336–348. <https://doi.org/10.1002/gepi.21968>
- Kress, W. J., Prince, L. M., & Williams, K. J. (2002). The Phylogeny and a New Classification of the Gingers (*Zingiberaceae*): Evidence for Molecular Data. *Ann. J. Botany*, 89, 1682-1696.
- Häkkinen, M., & Väre, H. (2008). Taxonomic History and Identity of *Musa dasycarpa*, *Musa velutina* and *Musa assamica* (Musaceae) in Southeast Asia. *Journal Systematics Evaluation*, 46(2), 230-235.
- Hao, Q., Liu, Z. A., Shu, Q. Y., Zhang, R., Rick, J. D., & Wang, L. S. (2008). Studies on Paeonia cultivars and hybrids identification based on SRAP analysis. *Hereditas*, 145, 38–47.
- Hartati, S., Meliansyah, R., Puspasari, L. T., & Suminar, E. (2024). Pengenalan Penyakit pada Tanaman Pisang (*Musa paradisiaca*) dan Pengendaliannya

- di Desa Cileles, Kecamatan Jatinangor, Kabupaten Sumedang. *Agrimasta Jurnal Pengabdian Agrokompleks*, 1(2), 56-64. <https://doi.org/10.24198/agrimasta.v1i2.53869>
- Heikrujam, J., Kishor, R., & Mazumder, P. (2020). The Chemistry Behind Plant DNA Isolation Protocols. In Biochemical Analysis Tools Methods for Bio-Molecules Studies. *IntechOpen*. DOI:10.5772/intechopen.92206.
- Huff, D. R., Peakell, R., & Smonse, P. E. (1993). RAPD Variation within and between Natural Populations of Out-Crossing Buffalo Grass (*Buchloe dactyloides* (Nutt.) Englem.). *Theoretical and Applied Genetics*, 86, 927-934. <https://doi.org/10.1007/BF00211043>
- Hughes, A. R., Inouye, B. D., Johnson, M. T. J., Underwood, N., & Vallend, M. (2008). Ecological Consequences of Genetic Diversity. *Ecology Letters*, 11, 609-623.
- Hutami, S., Mariska, I., & Yati, S. (2006). Peningkatan Keragaman Genetik Tanaman melalui Keragaman Somaklonal. *Jurnal AgroBiogen*, 2(2), 81-88.
- Junior, D. C. & Hariyono, D. (2019). Kajian Hubungan Curah Hujan Dengan Produktivitas Tanaman Pisang Mas Kirana (*Musa acuminata*) di Kabupaten Lumajang. *Jurnal Produksi Tanaman*, 8(2), 256-263.
- Kaleka, N. (2013). *Seri Pertanaman Modern Pisang Pisang Komersial*. Surakarta: Penerbit Arcita.
- Kartiwa, B., Sudarman, K., & Sawiyo. (2010). Teknologi Pengelolaan Air di Lahan Kering Beriklim Kering. *Laporan Penelitian*. Balai Penelitian Agroklimate dan Hidrologi, Bogor.
- Kimura, M., & Crow, J. F. (1964). The Number of Alleles that Can be Maintained in a Finite Population, *Genetics*, 49(4), 725-738. <https://doi.org/10.1093/genetics/49.4.725>
- Lamare, A., & Rao, S. R. (2015). Efficacy of RAPD, ISSR and DAMD Markers in Assessment of 13 Genetic Variability and Population Structure of Wild *Musa acuminata* Colla. *Physiology and Molecular Biology of Plants*, 21(3), 349-358.
- Lan, Q. I., Wang, W. Q., Zhang, Z. W., Ye, J. Q., & Li, K. M. (2010). DNA fingerprints of 18 cassava varieties based on sequence-related amplified polymorphism markers. *Acta Agron. Sin*, 36, 1642-1648.
- Las, I., Makarim A. K., Hidayat, A., Karama, A. S., & Manwan, I. (1992). *Peta Agroekologi Utama Tanaman Pangan di Indonesia*. Bogor: Puslitbang Tanaman Pangan.
- Lewontin, R. C. (1972). The apportionment of human diversity. *Evolutionary Biology*, 6, 381-398.
- Li, G., & Quiros C. F. (2001). Sequence Related Amplified Polymorphism (SRAP) a New Marker System Based on a Simple PCR Reaction: Its Application to Mapping and Gene Tagging in Brassica. *Theor Appl Genet*, 103(1), 455-461. <https://doi.org/10.1007/s001220100570>
- Li, Z., He, L., Wang, X., Guo, L., Luo, C., & Li, Q. (2023). Genetic Diversity Analysis and Fingerprints of Chrysanthemum Morifolium Based on SSR Molecular Markers. *Sheng wu Gong Cheng xue bao Chinese Journal of Biotechnology*, 39(7), 2839-2860.

- Liu, A. Z., Kress, W. J., & Li, D. Z. (2010). Phylogenetic Analysis of the Banana Family (Musaceae) Based on Nuclear Ribosomal (ITS) and Chloroplast (trnL-F) Evidence. *Taxon*, 59(1), 20-28.
- Ma, M., Wang, T., & Lu, B. (2021). Assessment of genetic diversity in *Amomum tsao-ko* Crevost et Lemarié, an important medicine food homologous crop from Southwest China using SRAP and ISSR markers. *Genet Resour Crop Evol*, 68, 2655–2667. <https://doi.org/10.1007/s10722-021-01204-6>.
- Mahadev, S. R., Kathithachalam, A., & Marimuthu, M. (2011). An efficient protocol for large-scale plantlet production from male floral meristems of *Musa* spp. cultivars Virupakshi and Sirumalai. *In Vitro Cell. Dev. Biol. Plant*, 47, 611–617.
- Mansilla-Samaniego, R., Espejo-Joya, R., Bernacchia, G., Wither-Villavicencio, J., Quispe-Apaza, C., & López-Bonilla, C. (2021). Genetic diversity and population structure of a Peruvian *Coffea arabica* L. collection. *Chilean journal of agricultural research*, 81(2), 138-150.
- Meitha, K., Fatmawati, I., Fenny, M. D., Sutanto, A., Pratama, S. N., Nugrahapraja, H., & Wikantika, K. (2020). Phylogenetic Analysis of 23 Accessions of Indonesian Banana Cultivars Based on Internal Transcribed Spacer 2 (ITS2) Region. *Indonesian Journal of Biotechnology*, 25, 1-11. <https://doi.org/10.22146/ijbiotech.49506>.
- Mishra, M. K., Suresh, N., Bhat, A. M., Suryaprakash, N., Kumar, S. S., Kumar, A., & Jayarama. (2011). Genetic molecular analysis of *Coffea arabica* (Rubiaceae) hybrids using SRAP markers. *Rev. Biol. Trop.*, 59, 607–617.
- Mulyani, A., Nursyamsi, D., & Las, I. (2014). Percepatan Pengembangan Pertanian Lahan Kering Iklim Kering di Nusa Tenggara. *Jurnal Pengembangan Inovasi Pertanian*, 7(4), 187-198.
- Nasution, R. E. (1991). A Taxonomic Study of the Species *Musa acuminata* Colla with Its Intraspecific Taxa in Indonesia. *Memoirs of Toxyo University of Agriculture*, 32, 1-122.
- Nei, M. (1973). Analysis of gene diversity in subdivided populations. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 70, 3321-3323.
- Pavel, A. B. & Cristian I. V. (2012). PyElph – A Software Tool for Gel Images Analysis and Phylogenetics. *BMC Bioinformatics*, 13(9), 1-6.
- Poerba, Y. S., Martanti, D., & Ahmad, F. (2019). Genetic Variation of Wild *Musa acuminata* Colla From Indonesia. *BIOTROPIA*, 26(2), 115-126. <https://doi.org/10.11598/btb.2019.26.2.896>
- Porebski, S., Bailey, L. G., & Baum, B. R. (1997). Modification of a CTAB DNA extraction protocol for plants containing high polysaccharide and polyphenol components. *Plant Molecular Biology Reporter*, 15(1), 8–15. <https://doi.org/10.1007/BF02772108>
- POWO. (2019). *Plant of the Word Online*. Facilitated by the Royal Botanic Gardens, Kew. Diakses 8 Juni 2025 dari <http://www.plantsoftheworldonline.org/>

- Pratiwi, P. (2012). Analisis Variasi Genetik Beberapa Populasi *Globba leucantha* Miq. di Sumatera Barat dengan RAPD. [Tesis]. Universitas Andalas.
- Rachman, R. P. (2019). Keragaman Genetik Nyamplung (*Calophyllum inophyllum* L.) di Tegakan Alam Dompu dan Tegakan Benih Provenan Wonogiri Menggunakan Penanda Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD). [Skripsi]. Yogyakarta: UIN Sunan Kalijaga.
- Rana, M., Arora, K., Singh, S. P., & Singh, A. K. (2012). Multi-locus DNA fingerprinting and genetic diversity in jute (*Corchorus* spp.) based on Sequence-Related Amplified Polymorphism. *J. Plant Biochem. Biotechnol*, 1(1).
- Rebrean, F. A., Fustos, A., Szabo, K., Lisandru, T. T., Rebrean, M. S., Varga, M. I., & Pamfil, D. (2023). Genetic diversity and structure of *Quercus petraea* (Matt.) Liebl. Populations in central and northern Romania Revealed by SRAP Markers. *Diversity*, 15(10), 1093. <https://doi.org/10.3390/d15101093>.
- Robarts, D. W., & Wolfe, A. D. (2014). Sequence-Related Amplified Polymorphism (SRAP) markers: A potential resource for studies in plant molecular biology. *Applications in Plant Sciences*, 2(7), 1400017. <https://doi.org/10.3732/apps.1400017>
- Robinson, J. C. (1999). *Bananas and Plantains*. New York: CABI Publishing.
- Rukmana, R. (1999). *Usaha Tani Pisang*. Yogyakarta: Kanisius.
- Safhi, F. A., Alshamrani, S. M., Alshaya, D. S., Hussein, M. A. A., & Abd El-Moneim, D. (2023). Genetic Diversity Analysis of Banana Cultivars (*Musa* sp.) in Saudi Arabia Based on AFLP Marker. *Current Issues In Molecular Biology*, 45(3), 1810 – 1819. <https://doi.org/10.3390/cimb45030116>.
- Saitou, N., & Nei, M. (1987) The Neighbor-Joining Method: A New Method for Reconstructing Phylogenetic Trees. *Mol Biol Evol*, 4, 406–425.
- Sambrook, J., & Maniatis, T. (2001). *Molecular Cloning (A Laboratory Manual)* Vol. 2. New York (US): Spring Harbor Laboratory Press.
- Sambrook, J., & Russell, D. W. (2001). *Molecular Cloning (A Laboratory Manual)* (3rd ed.). Cold Spring Harbor Laboratory Press.
- Schenk, J. J., Becklund, L. E., Carey, S. J., & Fabre, P. P. (2023). What is the "Modified" CTAB Protocol? Characterizing Modifications to the CTAB DNA Extraction Protocol. *Applications in plant sciences*, 11(3). <https://doi.org/10.1002/aps3.11517>
- Sharma, P., Mehta, G., Muthusamy, S. K., Singh, S. K., and Singh, G. P. (2021). Development and validation of heat-responsive candidate gene and miRNA gene based SSR markers to analysis genetic diversity in wheat for heat tolerance breeding. *Mol. Biol. Rep*, 48, 381–393. <https://doi.org/10.1007/s11033-020-06059-1>
- Simmonds, N. W. (1956). Botanical Result of the Banana Collecting Expedition. *Kew Bulletin*, 11(3), 463-490.
- Singh, H. P., Raigar, O. P., & Chahota, R. K. (2022). Estimation of Genetic Diversity and Its Exploitation in Plant Breeding. *Botanical Review*, 88, 413–435. <https://doi.org/10.1007/s12229-021-09274-y>

- Sitompul, S. M., & Guritno, B. (1995). *Analisis Pertumbuhan Tanaman*. Yogyakarta: UGM Press.
- Smouse, R. P. P., & Peakall, R. (2012). GenAlEx 6.5: Genetic Analysis in Excel. Population Genetic Software for Teaching and Research-an Update. *Bioinformatics*, 28(19), 2537-2539.
- Sneath, P. H. A., & Sokal R. R. (1973). *Numerical Taxonomy*. San Francisco: Freeman.
- Soraisham, R., Tongbram, P., Thingnam, S. S., Aheibam, B., Zothanzama, J., Lourembam, D. S., & Thangjam, R. (2025). Deciphering genetic relationships within and among banana (*Musa* spp.) genome groups using ISSR and SRAP markers, *Journal of Genetic Engineering and Biotechnology*, 23(3). <https://doi.org/10.1016/j.jgeb.2025.100540>.
- Sulistiyawati, P., & Widyatmoko, A. Y. P. B. C. (2017). Keragaman Genetik Populasi Kayu Merah (*Pterocarpus indicus* Willd) Menggunakan Marka Random Amplified Polymorphism DNA. *Jurnal Pemuliaan Tanaman Hutan*, 11(1), 67-76.
- Susilawati. (2006). Konservasi Tanah dan Air di Daerah Semi Kering Propinsi Nusa Tenggara Timur. *Jurnal Teknik Sipil*, 3(1), 33-43.
- Sutriana. (2025). Keanekaragaman Genetik Tanaman Pisang (*Musa* sp.) di Indonesia: Pendekatan Molekuler dan Implikasinya untuk Konservasi dan Pemuliaan. *Jurnal Ilmiah Multidisiplin AMSIR*, 3(2), 139-145. <https://doi.org/10.62861/jimat%20amsir.v3i2.625>
- Suyanti, A., & Supriyadi. (2008). *Pisang Budidaya Pengolahan dan Prospek Pasar*. Depok: Penebar Swadaya.
- Talebi, M., Rahimmalek, M., & Norouzi, M. (2015). Genetic diversity of *Thymus daenensis* subsp. *daenensis* using SRAP markers. *Biologia*, 70, 453-459.
- Tamura, K., Stecher, G., & Kumar, S. (2021). MEGA11: Molecular Evolutionary Genetics Analysis Version 11. *Molecular Biology and Evolution*, 38, 3022-3027. <https://doi.org/10.1093/molbev/msab120>
- Valmayor, R. V., Jamaluddin, S. H., Silayoi, B., Kusumo, S., Danh, L. D., Pascua, O. C., & Espino, R. R. C. (2000). *Banana cultivar names and synonyms in Southeast Asia*. Philippines: International Network for the Improvement of Banana and Plantain – Asia and the Pacific Office. Los Banos, Laguna.
- Van den houwe, I., Chase, R., Sardos, J., Ruas, M., Kempenaers, E., Guignon, V., Massart, S., Carpentier, S., Panis, B., Rouard, M., & Roux, N. (2020). Safeguarding and Using Global Banana Diversity: A Holistic Approach. *CABI Agriculture and Bioscience*, 1(15), 1-22. <https://doi.org/10.1186/s43170-020-00015-6>
- Vandemark, G. J., Ariss, J. J., Baughan, G. A., Larsen, R. C., & Hughes, T. J. (2006). Estimating genetic relationships among historical sources of alfalfa germplasm and selected cultivars with Sequence-Related Amplified Polymorphisms. *Euphytica*, 152, 9–16.
- Vezina, A. (2013). *Morphology of Banana Plant*. Penerbit Andi: Yogyakarta.
- Volkaert, H. (2011). Molecular Analysis Reveals Multiple Domestications of Edible Bananas. *Proceedings of the International ISHS-ProMusa*

- Symposium on Global Perspective on Asian Challenges. *Acta Horticultura*, 897.
- Wahyudi, D., Nursita, D. C., & Hapsari, L. (2022). Genetic Diversity Among and Within Genome Groups of Banana Cultivars Based on ISSR markers, *International Journal of Agriculture & Biology*, 28, 366-374. <https://doi.org/10.17957/IJAB/15.1990>
- Wang, S., Liu, Y., Ma, L., Liu, H., Tang, Y., Wu, L., Wang, Z., Li, Y., Wu, R., & Pang, X. (2014). Isolation and characterization of microsatellite markers and analysis of genetic diversity in Chinese jujube (*Ziziphus Jujuba* Mill.). *PLoS ONE*, 9, e99842.
- Wang, X., Gou, W., Wang, T., Xiong, Y., Xiong, Y., Yu, Q., Dong, Z., Ma, X., Liu, N., & Zhao, J. (2023). Genetic diversity analysis and molecular characteristics of wild centipedegrass using sequence-related amplified polymorphism (SRAP) markers. *Peer J*, 11, e15900. <https://doi.org/10.7717/peerj.15900>
- Wang, Y., Chen, C., Copenhaver, G. P., & Wang, C. R. (2023). Editorial: Meiosis in Plants: Sexual Reproduction, Genetic Variation and Crop Improvement. *Frontiers in plant science*, 14, 1294591. <https://doi.org/10.3389/fpls.2023.1294591>
- Wanvisait, P., Pinthong, K., Tankrathok, A., Sukkapan, P., & Srisamoot, N. (2019). Assessing Genetic Diversity Of Some Banana Cultivars Using Inter Simple Sequence Repeats (ISSR) markers. *Khon Kaen Agr Journal*, 47(1).
- Waples, R. S. (2014). Testing for Hardy–Weinberg proportions: Have we lost the plot. *Journal of Heredity*, 106(1), 1–19. <https://doi.org/10.1093/jhered/esu062>
- Wilfinger, W. W., Mackey, K., & Krug, D. E. (1997). RNA integrity determination using RNA-based assays. *BioTechniques*, 22(3), 556–563.
- Wilson, I. G. (1997). Inhibition and facilitation of nucleic acid amplification. *Applied and Environmental Microbiology*, 63(10), 3741–3751. <https://doi.org/10.1128/AEM.63.10.3741-3751.1997>
- Wirawan, B. D. S., Putra, E. T. S., & Yudono, P. (2016). Pengaruh Pemberian Magnesium, Boron, dan Silikon Terhadap Aktivitas Fisiologis, Kekuatan Struktural Jaringan Buah, dan Hasil Pisang (*Musa acuminata*) “Raja Bulu”. *Jurnal Vegetalika*, 5(4), 1-14.
- Wright, S. (1984). *Evolution and the Genetics of Populations, Volume 4: Variability within and among Natural Populations*. Chicago, IL, USA: University of Chicago Press.
- Wu, X. Y., Chen, B. Y., Lu, G., Wang, H. Z., Xu, K., Guizhan, G., & Song, Y. (2009). Genetic diversity in oil and vegetable mustard (*Brassica juncea*) landraces revealed by SRAP markers. *Genet. Resour. Crop Evol*, 56, 1011–1022.
- Wu, Y., Zhao, H., Li, X., & Zhao, X. (2010). Genetic diversity analysis of *Pogostemon cablin* using SRAP markers. *Biochemical Systematics and Ecology*, 38(3), 500–505. <https://doi.org/10.1016/j.bse.2010.05.001>

- Wu, Y. G., Guo, Q. S., He, J. C., Lin, Y. F., Luo, L. J., & Liu, G. D. (2010). Genetic diversity analysis among and within populations of *Pogostemon cablin* from China with ISSR and SRAP markers. *Biochem. Syst. Ecol.*, 38, 63–72.
- Xie, W., Zhang, X., Cai, H., Liu, W. & Peng, Y. (2010). Genetic diversity analysis and transferability of cereal EST-SSR markers to orchardgrass (*Dactylis Glomerata* L.). *Biochem. Syst. Ecol.*, 38, 740–749.
- Yeh, F. C., Yang, R. C., Boyle, T., Ye, Z., Mao, J., Francis, C. Y., Timothy, B., & Mao, X. (1999). *POPGENE Version 1.32. The User-Friendly Shareware for Population Genetic Analysis*. Edmonton, AB, Canada: Molecular Biology and Biotechnology Centre, University of Alberta.
- Yan, W., Li, J., Zheng D., Friedman, C., & Wang, H. (2019). Analysis of Genetic Population Structure and Diversity in *Mallotus oblongifolius* Using ISSR and SRAP Markers. *PeerJ*, 7:e7173. <https://doi.org/10.7717/peerj.7173>
- Yulita, K., Susila, Rachmat, H. H., Dwiyanti, F. G., Atikah, T. D., Subiakto, A., Pratama, B., Setyawati, T., Wardani, W., Fambayun, R. A., Arrofa, N., & Kamal, I. (2022). Population Genetic of the Indonesian Rosewood (*Dalbergia latifolia*) from Java and West Nusa Tenggara Revealed Using Sequence-Related Amplified Polymorphism, *Forest Science and Technology*, 18(4), 172-181. <https://doi.org/10.1080/21580103.2022.2123051>
- Zaefizadeh, M., & Golief, R. (2009). Diversity and Relationship Among Durum Wheat Landraces (Subconvars) by SRAP and Phenotypic Marker Polymorphism. *Journal of Biological Sciences*. 4, 960-966.
- Zhang, C., Lifei, Z., Mian, W., Yueyi, T., Haixiang, Z., Qi, S., Qiang, Y., & Jiancheng, Z. (2022). Evaluation of SRAP Markers Efficiency In Genetic Diversity of *Aspergillus Flavus* From Peanut-Cropped Soils in China. *Oil Crop Science*, 7(3), 135-141.
- Zhao, W., Fang, R., Pan, Y., Chung, J. W., Chung, I. M., & Park, Y. J. (2009). Analysis of Genetic Relationship of Mulberry (*Morus* L.) Germ Plasm Using Sequence-Related Amplified Polymorphism (SRAP) Marker. *African Journal of Biotechnology*. 8(11), 2604-2610.