



**ANALISIS KERAGAMANGENETIK DNA UBI JALAR (*Ipomea batatas* L.) DENGAN
MARKA *RANDOM AMPLIFIED POLYMORPHIC* DNA (RAPD)**

Tri Wulan Dari, Zahratul Idami, Kartika Manalu,

Universitas Islam Negeri Sumatera Utara, Indonesia

*Corresponding author E-mail: triwuland80@gmail.com

DOI : <https://doi.org/10.30605/2dg8y347>

Accepted : 8 Maret 2026 Approved : 21 maret 2026 Published : 22 Maret 2026

Abstract

Sweet potato (*Ipomea batatas* L.) is a national food security supported by one of the potential plant resources. After rice, corn, and cassava, sweet potato (*Ipomea batatas* L.) contains the fourth highest carbohydrate. Sweet potato is a good source of thiamine (vitamin B1), riboflavin, vitamin A, vitamin B, and vitamin C. The purpose of this study was to determine the genetics of the analysis results presented in sweet potato (*Ipomea batatas* L.) using dendograms and DNA banding patterns in sweet potatoes based on RAPD markers. The research method used is an experimental method to collect data by conducting direct experiments, isolating DNA, and conducting PCR using the RAPD technique; Six RAPD primers were used: OPA 2, OPA 3, OPA5, OPA7, OPD 11, and OPD 13. The study resulted in genetic diversity seen from the DNA banding pattern that forms polymorphism. RAPD produces bands measuring 100-900 bp. The genetic diversity of 4 types of *Ipomea batatas* L. plants analyzed using the NTSYS pc-2.02i application on the kinship relationship displayed with a dendogram shows the same diversity, namely orange sweet potatoes with yellow sweet potatoes, which have the highest level of similarity because they join at a coefficient value of around 0.91. While in purple sweet potatoes joining the group (yellow sweet potatoes and orange sweet potatoes) at a coefficient value of 0.86 indicates that purple sweet potatoes are slightly more different but still in the group. Then in white sweet potatoes have a connection coefficient value of around 0.81 which indicates that this sample is the most different compared to the others)

Keywords : *Genetic Diversity, Ipomea batatas L, RAPD*

PENDAHULUAN

Indonesia merupakan negara dengan keanekaragaman hayati yang melimpah. Tumbuhan dan hewan yang ditemukan di seluruh wilayah Indonesia merupakan contoh keanekaragaman hayati yang mencakup tingkat gen, spesies, dan ekosistem. Pada suatu spesies, keanekaragaman genetik dapat dimanfaatkan untuk karakterisasi pengelolaan plasma nutfah, pemilihan genotipe, adaptasi, serta sidik jari genetik (Gusmiaty, 2021). Keanekaragaman makhluk hidup dikendalikan oleh berbagai faktor dan dipengaruhi oleh perubahan laju spesiasi, tingkat kepunahan, serta migrasi yang terjadi di suatu wilayah. Variasi genetik juga dapat berkembang akibat mutasi atau rekombinasi. Keragaman populasi tanaman dapat dianalisis secara morfologis dengan mengamati fenotipe tanaman secara langsung atau menggunakan penanda tertentu (Kawengian et al., 2016).

DNA adalah salah satu bahan yang digunakan dalam studi biologi molekuler; DNA merupakan materi genetik yang ditemukan pada makhluk hidup dan mengandung semua informasi yang diperlukan untuk aktivitas metabolisme. Molekul DNA terdiri dari gula, fosfat, dan basa nitrogen, yang dapat diekstraksi dari sel bakteri, tumbuhan, hewan, dan manusia. Rekayasa genetika mencakup isolasi DNA, yaitu proses pemindahan DNA dari satu makhluk ke makhluk lain untuk tujuan tertentu. Pada tanaman, DNA terdapat di dalam nukleus, kloroplas, dan mitokondria, sedangkan pada hewan DNA ditemukan di nukleus dan mitokondria (Hapsari, 2015). Penanda genetik merupakan sifat keturunan yang termasuk dalam kategori indikator morfologi, sitologi, dan molekuler yang terkait dengan genotipe tertentu. Penilaian variasi genetik dalam suatu organisme dapat ditingkatkan dengan penyertaan penanda berbasis DNA. Sebagai asam nukleat, DNA sendiri menyimpan materi genetik dan mengendalikan perkembangan biologis seluler dalam organisme hidup (Mawardi & Simonapendi, 2018).

Salah satu teknik untuk mendeteksi variasi genetik adalah Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD), suatu penanda molekuler yang dapat mengidentifikasi urutan nukleotida polimorfik pada area pengkode dan non-pengkode protein dan tidak terpengaruh

oleh faktor lingkungan. Teknik RAPD telah digunakan dalam analisis keanekaragaman genetik berbagai tanaman, termasuk ubi jalar (*Ipomoea batatas* L.) (Kawengian et al., 2016). Ubi jalar merupakan tanaman umbi-umbian yang kaya akan karbohidrat dan menempati urutan kedua sebagai sumber pangan utama di Indonesia setelah padi, jagung, dan singkong. Terutama varietas yang memiliki warna umbi oranye atau ungu, ubi jalar kaya akan vitamin, β -karoten, serta antioksidan yang bermanfaat bagi kesehatan. Ubi jalar memiliki nilai gizi yang tinggi dan mudah diolah menjadi berbagai hidangan. Seiring dengan semakin banyaknya orang yang menyadari pentingnya menjalani gaya hidup sehat, permintaan akan komponen makanan yang tidak hanya manis dan lezat tetapi juga sehat pun meningkat. Ubi jalar ungu menjadi salah satu komoditas menarik karena mengandung senyawa antosianin yang berpotensi sebagai antioksidan alami (Damayanti et al., 2021).

Penelitian sebelumnya telah menggunakan primer RAPD untuk mengkarakterisasi keanekaragaman genetik pada berbagai tanaman, seperti kemiri (*Aleurites moluccana*), kentang (*Solanum tuberosum* L.) (Runtunuwu. et al., 2011), dan kurma (*Phoenix dactylifera* L.) (Sitepu et al., 2019). Namun, penggunaan marka RAPD serta jenis primer yang dapat teramplifikasi untuk analisis keanekaragaman genetik ubi jalar di Indonesia masih terbatas. Data genetik mengenai ubi jalar lokal saat ini masih belum tersedia, sehingga penelitian ini dilakukan untuk menganalisis keanekaragaman genetik ubi jalar (*Ipomoea batatas* L.) berdasarkan DNA polimorfik yang diaplikasikan secara acak (RAPD). Tujuan dari penelitian ini adalah untuk mengidentifikasi pola pita DNA pada ubi jalar (*Ipomoea batatas* L.) menggunakan penanda RAPD dan untuk mengungkap genetika ubi jalar sebagaimana direpresentasikan oleh dendrogram. Diharapkan penelitian ini akan dapat memberikan rincian yang lebih menyeluruh tentang genetika ubi jalar Indonesia. Diharapkan bahwa penelitian ini akan memajukan pengetahuan tentang keragaman genetik ubi jalar, khususnya yang berkaitan dengan pola pita DNA yang dihasilkan oleh teknik RAPD. Lebih jauh, diharapkan bahwa penelitian ini akan mendidik masyarakat

tentang analisis DNA ubi jalar dan potensinya untuk menciptakan kultivar yang lebih baik. Temuan penelitian ini berpotensi menjadi panduan untuk penelitian selanjutnya di bidang bioteknologi tanaman, khususnya dalam pemuliaan dan konservasi ubi jalar berbasis analisis genetik.

METODE

Analisis Keragaman Genetik DNA Ubi Jalar (*Ipomea batatas* L.) Menggunakan Marka RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) menjadi fokus penelitian ini, yang dilaksanakan di Laboratorium Genetika Lantai 4 Fakultas Sains dan Teknologi Universitas Islam Negeri Sumatera Utara pada bulan Juni sampai dengan Agustus 2024.

Metode penelitian untuk mengetahui keragaman genetik DNA pada tanaman ubi jalar (*Ipomea batatas* L.) menggunakan langkah-langkah sebagai berikut: analisis data, PCR (Polymerase Chain Reaction), pengambilan sampel, isolasi DNA, dan elektroforesis. Prosedur untuk melihat pola pita DNA tumbuhan ubi jalar (*Ipomea batatas* L.) yaitu menggunakan metode RAPD yang berasal dari Desa Gedangan Kecamatan Pulo Bandring Kabupaten Asahan. Penelitian ini menggunakan berbagai peralatan laboratorium, termasuk spidol permanen, aluminium foil, gunting, kamera digital, sarung tangan, spatula, mortal dan alu, penangas air digital (18-ONE), vortex (Biosan Multi-vortex V-32), tabung mikrosentrifuge, kolom putar, sentrifus (Eppendorf), tabung koleksi, elektroforesis horizontal mini HUIO (BIO-RAD), gradien PCR (Polymerase Chain Reaction) (Eppendorf), labu Erlenmeyer 100 ml, tabung PCR 0,2 ml, gelas ukur 100 ml, mikro pipet (Rainin) dengan volume 10 µl, 20 µl, 100 µl, dan 1000 µl, ujung mikro pipet kuning, putih, dan biru, gelas kimia 500 ml, dan hotplate (Benchmark), serta gelas kimia. Peralatan yang dibutuhkan untuk penelitian ini dikumpulkan dari Desa Gedangan, Kabupaten Asahan antara lain jaringan, cetakan DNA, alkohol 70%, plastik klip udara (plastik ziplock), aluminium foil, dan sampel daun ubi jalar muda (*Ipomoea batatas* L.), gloves, ice gel pack kotak, Kit Favorgen, PCR mix, primer OPA2 (5'-TGC CGA GCTG-3'), OPA3 (5'-AGT CAG CCA C-3'), OPA5 (5'-AGG GGT CTT G-3'), OPA7 (5'-GAA ACG GGT G-3'), OPD11 (5'-AGC GCC ATT G-3'), OPD13 (5'-GGG GTG

ACG A-3'), ddH₂O (deionized water) atau akuabides, serbuk agarose (Invitrogen), DNA Ladder 100 bp (Geneaid), DNA loading dye, Kit PCR with day, dan DNA gel stain.

Penelitian ini menggunakan sampel daun muda ubi jalar (*Ipomea batatas* L.) sampel daun tumbuhan ubi jalar yang masih segar dibersihkan dan disemprot menggunakan alkohol 70% setelah sampel dikeringkan menggunakan tissue selanjutnya dibungkus menggunakan aluminium foil, kemudian sampel disimpan kedalam plastic kedap udara (zip-lock) dan selanjutnya semua sampel daun yang didapatkan disimpan kedalam ice box yang berisi ice pack kotak. Jika telah sampai di laboratorium sampel dipindahkan kedalam freezer agar masa penyimpanan sampel bertahan lebih Panjang, freezer diatur dengan suhu rendah (-20°C).

Favorgen Plant DNA Mini Kit berfungsi sebagai panduan untuk proses isolasi DNA. Lumpang dan alu digunakan untuk menggiling sampel daun muda segar yang telah ditimbang hingga 100 mg. Sampel kemudian ditempatkan dalam tabung 1,5 ml, 400 µl buffer FAPGI dan 4 µl RNase ditambahkan, dan tabung diinkubasi selama 10 menit pada suhu 65°C. Setelah inkubasi, 130 µl buffer FAPG2 ditambahkan, diaduk, dan dibiarkan mengendap di atas es selama lima menit. Setelah dipindahkan ke kolom filter dalam tabung pengumpul 2 ml, larutan inkubasi disentrifugasi selama lima menit pada 18.000 x g. Cairan yang terkumpul dipindahkan ke collection tube baru, dicampur dengan buffer FAPG3, dan divortex selama 10 detik. Campuran tersebut kemudian dipindahkan ke filter column dan disentrifugasi kembali. Proses pencucian dilakukan dengan buffer W1 dan wash buffer. Setelah tahap pencucian selesai, buffer elusi (100 µl) ditambahkan, diinkubasi pada suhu ruang selama 5 menit, lalu disentrifugasi selama 30 detik. DNA murni yang diperoleh disimpan dalam freezer bersuhu -20°C.

Pada tahap amplifikasi PCR, larutan PCR mix (10 µl) dimasukkan ke dalam mini tube, diikuti oleh kit mix (5 µl), DNA template (2 µl), primer (2 µl), dan NPW (1 µl). Setelah semua komponen tercampur, sampel dimasukkan ke dalam alat PCR gradient untuk amplifikasi. Dimulai dengan permulaan panas pada suhu 94°C selama 5 menit, proses amplifikasi PCR gradien Eppendorf terdiri dari

ekstensi primer pada suhu 72°C selama 1,5 menit, denaturasi pada suhu 94°C selama 45 detik, annealing pada suhu 36°C-37°C selama 1 menit, dan ekstensi akhir pada suhu 72°C selama 55 menit, diikuti dengan penahanan pada suhu 4°C. Sampel DNA hasil amplifikasi kemudian diuji secara kualitatif menggunakan elektroforesis.

Uji kualitatif DNA menggunakan alat elektroforesis gel agrosa dengan dilengkapi Mini Horizontal Electrophoresis DNA dengan agrose 1% dan divisualisasikan dengan menggunakan UV transluminator. Tujuan pengujian DNA kualitatif adalah untuk menilai kualitas hasil amplifikasi DNA atau isolasi DNA genom keseluruhan. Proses uji kualitatif DNA diawali pembuatan gel agrosa diawali dengan proses penimbangan bubuk agrose sebanyak 0,4 gr menggunakan timbangan digital. Bubuk agrosa kemudian dilarutkan ke dalam larutan TBE buffer 40 ml didalam tabung Erlenmeyer dan ditutup menggunakan aluminium foil. Sebelum campuran larutan dipanaskan diatas hot plate larutan tersebut dihomogenkan terlebih dahulu, selanjutnya larutan dipanaskan diatas hot plate hingga mendidih. Untuk mempertahankan warna bening larutan, agarosa harus larut seluruhnya dalam larutan penyangga TBE selama proses pelarutan. Satu mikroliter larutan pewarna gel merah ditambahkan setelah agarosa larut seluruhnya, dan semuanya dicampur. Setelah itu, larutan gel dituangkan ke dalam cetakan yang telah dipasang sisir, dan dibiarkan mengeras. Selanjutnya sisir yang berada dicetakan di lepas secara perlahan dan selanjutnya gel yang telah mengeras dimasukan ke dalam Mini Horizontal Electrophoresis dan direndam dengan campuran larutan buffer TBE serta akuades hingga gel terendam. selanjutnya sampel DNA hasil PCR (Polymerase Chain Reaction) 8 µl dengan masing masing primer yang telah ditetapkan dimasukan kedalam masing – masing sumuran yang telah ditentukan menggunakan mikro pipet. Kemudian proses elektroforesis dimulai hingga perpindahan sampel yang diuji terjadi dalam waktu 45 menit dengan tegangan Listrik 70 volt. Tahapan terakhir hasil uji kualitatif DNA dilakukan menggunakan gel documentation dan divisualisasi dengan UV transluminator untuk menampilkan urutan pita DNA yang dihasilkan.

Informasi yang diperoleh dari hasil fotografi gel adalah profil pita DNA dengan ukuran tertentu pada setiap sampel. Untuk menentukan ada atau tidaknya pita yang sama, data tersebut kemudian diubah menjadi data biner. Data biner memberikan nilai satu untuk setiap pita DNA yang terdapat pada lokasi yang sama di beberapa sampel yang digunakan, dan nol (0) untuk tidak adanya pita DNA. UPGMA (Unweighted Pair-Group Method with Arithmetic Averages) digunakan untuk membuat pita DNA antar sampel guna membuat gugus, yang kemudian ditampilkan sebagai dendrogram. Data biner tersebut dimasukkan ke dalam program NTSYS pc-2.02i untuk mengelompokkan dan menyusun dendrogram.

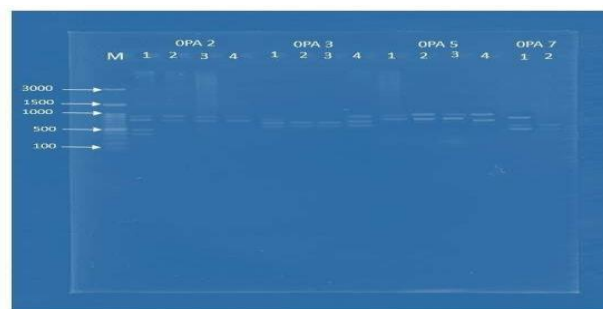
HASIL PENELITIAN

Pola pita DNA pada primer diperiksa untuk mengetahui primer yang mampu mengamplifikasi pita DNA polimorfik secara jelas dan efektif. Setelah itu, primer polimorfik dapat diaplikasikan pada analisis dan penelitian genetik. Primer digunakan untuk mengidentifikasi primer acak yang menyediakan penanda pita dalam hal kuantitas lokus yang diperoleh dan kualitas pita yang ditampilkan. Tingkat kesamaan antara primer dan urutan nukleotida DNA templat menentukan apakah primer berhasil dalam mengamplifikasi templat DNA. Sementara itu, Berdasarkan data amplifikasi DNA, setiap sampel memiliki ketebalan pita yang berbeda-beda (Gusmiaty et al., 2012). Pola pita DNA ubi jalar yang diamplifikasi menunjukkan tingkat genetik yang tinggi. Pedoman pemuliaan dapat diperoleh dari variasi genetik berdasarkan pola pita DNA yang diamplifikasi. Dua primer yang dapat mengamplifikasi pita polimorfik dalam sampel DNA yang diuji ditemukan dengan menganalisis temuan dari enam primer RAPD. Primer OPD11 dan OPD13 membentuk primer kedua. Meskipun sampel DNA juga dapat diamplifikasi oleh primer lain, pita yang dihasilkan bersifat monomorfik. Primer tersebut adalah primer OPA-2, OPA-3, OPA-5, dan OPA-7. Sebaliknya, kualitas dan kuantitas DNA, serta suhu pemanasan primer, memengaruhi keberhasilan primer dalam memperbanyak cetakan DNA. Keberhasilan primer didasarkan pada apakah urutan nukleotida primer homolog dengan urutan nukleotida cetakan DNA atau

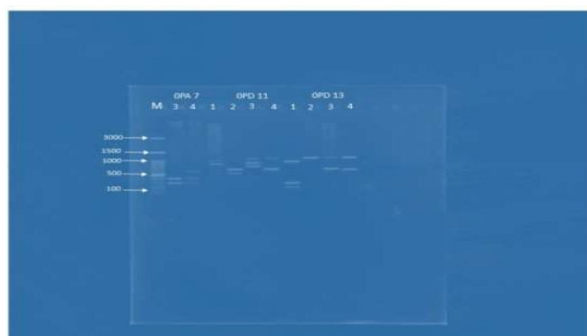
tidak. Menurut Yustinadewi et al. (2018), rancangan primer yang tidak tepat menyebabkan reaksi PCR tidak bekerja dengan optimum sehingga pita DNA tidak muncul atau primer dimer. Selain itu, konsentrasi primer yang tinggi ataupun rendah mengakibatkan tidak terjadinya amplifikasi atau pembentukan primer dimer (Setyawati & Zubaidah, 2021).

Menurut Annisa et al. (2024), keberhasilan PCR dipengaruhi oleh optimalisasi primer sehingga dihasilkan pita yang tebal dan Panjang nukleotida sesuai dengan target. Suhu annealing terlalu tinggi mengakibatkan primer

tidak menempel pada cetakan DNA. Konsentrasi DNA sangat penting dalam tahapan amplifikasi sehingga konsentrasi DNA yang digunakan tidak terlalu besar. Amplifikasi DNA yang buruk disebabkan oleh konsentrasi DNA yang tinggi, sedangkan primer mengalami kesulitan untuk terhubung dengan cetakan DNA jika terdapat terlalu banyak cetakan DNA. Menurut Putri dan Ketut (2015), konsentrasi DNA memberikan dampak terhadap kualitas fragmen pita DNA hasil amplifikasi. Ketika divisualisasikan pada gel agarose.



Gambar 1. Menghasilkan pola pita DNA yang monomorfisme pada primer OPA-2, OPA-3, OPA-5, dan OPA-7



Gambar 2. Menghasilkan pola pita DNA yang polimorfisme pada primer OPD- 11, dan OPD-13

Ubi jalar kuning, oranye, ungu, dan putih adalah empat varietas ubi jalar yang digunakan dalam proses pengambilan sampel. Hasil molekuler untuk *Ipomea batatas* L. dimulai dengan tahap isolasi DNA, yang mengekstrak DNA murni untuk digunakan dalam proses PCR (Polymerase Chain Reaction) dan elektroforesis. Agar DNA dapat digunakan dalam berbagai penyelidikan molekuler dan bebas dari kontaminasi yang dapat mengganggu proses PCR, DNA harus diisolasi dengan peralatan steril, cepat, hati-hati, dan praktis. Dengan menggunakan alat isolasi komersial, hasil DNA yang bersih diperoleh dengan cepat dan dengan kontaminasi minimal. Penelitian sebelumnya tentang isolasi DNA famili Solanaceae menjadi dasar untuk teknik isolasi berbasis kit komersial. Kit komersial dari DNA genom Senanggen, yang dimaksudkan untuk memberi anotasi pada DNA mitokondria, kloroplas, dan genom dari berbagai spesies tanaman, digunakan untuk mengekstraksi DNA dari daun (favorgen Prcol, 2020).

Amplifikasi DNA menggunakan PCR terjadi dalam tiga tahap: denaturasi, annealing, dan ekstensi. Ketepatan suhu dan waktu pada setiap langkah sangat penting untuk proses PCR. Denaturasi dimulai dengan tahap hot-start yang berlangsung selama 30 detik pada suhu 72°C. Proses denaturasi yang lama dapat menurunkan kualitas DNA, oleh karena itu harus dihindari.

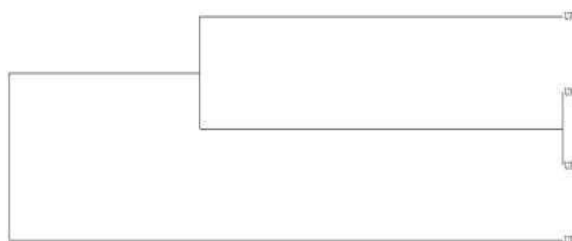
Tabel 1 Hasil amplifikasi 6 Primer RAPD

NO	Primer	Urutan Basa (5'-3')	Jumlah DNA Teramplifikasi	Ukuran Fragmen DNA
1	OPA 2	5' TGC CGA GCTG 3'	4	400-900
2	OPA 3	5' AGT CAG CCAC 3'	4	600-900
3	OPA 5	5' AGG GGT CTT G 3'	3	300-900
4	OPA 7	5' GAAACG GGT G3'	3	300-500
5	OPD 11	5' AGC GCCATT G 3'	8	300-900
6	OPD 13	5' GGG GTG ACG A 3'	5	100-900

Setelah denaturasi, primer dilekatkan dan dimasukkan (annealing) ke lokus gen target untuk memulai proses amplifikasi. Anil dilakukan selama 30 detik pada suhu 36°C. Memilih suhu annealing yang tepat sangat penting untuk keberhasilan amplifikasi. Suhu di bawah 27°C atau di atas 60°C dapat menyebabkan kesalahan priming dan kegagalan penempelan primer. Hasil 4 sampel DNA ubi jalar dapat diamplifikasi dengan amplifikasi menggunakan enam primer RAPD OPA-2, OPA-3, OPA-5, OPA-7, OPD-11, dan OPD-13. Setelah itu, hasil amplifikasi dielektroforesis; Gambar 4 menunjukkan visualisasi hasil amplifikasi. 1 Primer OPA-2, OPA-3, OPA-5, dan OPA-7. 4 sampel DNA ubi jalar dengan total empat pita dan ukuran fragmen pita berkisar antara 400 bp hingga 900 bp dapat diamplifikasi menggunakan OPA-2. Primer OPA-3 mampu mengamplifikasi 4 sampel DNA ubi jalar dengan jumlah pita sebanyak 4 pita dengan ukuran fragmen 600bp -900bp. Sebanyak tiga pita dengan ukuran fragmen berkisar antara 300 bp sampai 900 bp dihasilkan dari amplifikasi empat sampel DNA ubi jalar menggunakan primer OPA-5. Sebanyak 4 sampel DNA ubi jalar dengan jumlah 3 pita dan ukuran fragmen berkisar antara 300 bp sampai 900 bp diamplifikasi oleh primer OPA-7. Sebanyak empat sampel DNA ubi jalar dengan jumlah 8 pita dan ukuran fragmen berkisar antara 300 bp sampai 900 bp diamplifikasi oleh primer OPD-11. Dan sebanyak empat sampel DNA ubi jalar dengan jumlah 5 pita dan ukuran fragmen 100–900 bp diamplifikasi oleh primer OPD-13.

Hasil elektroforesis dari sampel ubi jalar terdiri dari pembacaan primer OPA- 2, OPA-3, OPA-5, OPA-7, OPD-11, dan OPD-13 . Berdasarkan data pita polimorfisme dan pita monomorfisme (Tabel 4.3) pola pita yang muncul dari sampel yang berhasil teramplifikasi menunjukkan pola pita polimorfisme 2 pita DNA pada primer OPA-2, sedangkan pola pita monomorfisme pada OPA-2 yang muncul 2 pola pita DNA. Pola pita yang muncul dalam amplifikasi menunjukkan pola pita polimorfisme 1 pita DNA pada primer OPA-3, sedangkan pola pita monomorfisme pada OPA-2 yang muncul 3 pola pita DNA. Pola pita yang dapat di amplifikasi dapat menunjukkan pola pita polimorfisme 0 pita DNA pada primer OPA-5, sedangkan pola pita monomorfisme pada OPA-5 yang muncul 2 pola pita DNA. Pola pita yang muncul yang dapat teramplifikasi menunjukkan pola pita polimorfisme 2 pita DNA pada primer OPA-7, sedangkan pola pita monomorfisme pada primer OPA-7 t muncul 2 pola pita DNA. Pola pita yang dapat di amplifikasi dapat menunjukkan pola pita polimorfisme 8 pita DNA pada primer OPD-11 sedangkan pola pita monomorfisme pada primer OPD-11 tidak muncul. Dan pola pita yang dapat di amplifikasi dapat menunjukan pola pita polimorfisme 5 pita DNA pada primer OPD-13, sedangkan pola pita pita monomorfisme pada OPD-13 tidak muncul.

Hasil elektroforesis analisis NTSYS-pc versi 2.00 untuk primer OPA-2, OPA-3, OPA-5, OPA-7, OPD-11, dan OPD-13 mengungkapkan bahwa terdapat 27 pola pita DNA pada seluruh fragmen pita DNA. Dengan memanfaatkan aplikasi NTSYS-pc, pohon filogenetik dibangun menggunakan pendekatan UPGMA (Unweighted Pair Group approach with Arithmetic Averages) berdasarkan temuan perhitungan koefisien kesamaan pencocokan dasar.



Gambar 3. Dendrogram Empat Sampel *Ipomea batatas* L. yang dihasilkan dari Analisis NTSYS gabungan Enam Primer.

Keterangan:

UJU = Ubi Jalar Ungu

UJK = Ubi Jalar Kuning

UJP = Ubi Jalar Putih

UJO = Ubi Jalar Orange

Hubungan keragaman spesies tumbuhan anggota genus *Ipomea batatas* L. yang diperlihatkan pada Gambar 4.3 (menggunakan similarity coefficient) yang menunjukkan pengelompokan keragaman yang sama, yaitu ubi jalar orange dengan ubi jalar kuning yaitu memiliki tingkat kemiripan tertinggi karena mereka bergabung pada nilai koefisien sekitar 0,91 hal ini menunjukkan bahwa keduanya memiliki kemiripan genetic yang sangat erat. Namun, ubi jalar ungu masuk dalam kelompok ubi jalar oranye dan kuning dengan nilai koefisien sebesar 0,86, yang berarti bahwa meskipun agak berbeda, keduanya masih sebanding secara genetic dengan ubi jalar oranye dan kuning. Nilai koefisien hubungan untuk ubi jalar putih adalah sekitar 0,81, yang berarti bahwa sampel ini paling berbeda dari yang lain. Dendrogram menunjukkan bahwa ada dua kelompok utama. Kelompok pertama terdiri dari ubi jalar oranye dan kuning, yang cukup mirip satu sama lain. Kelompok kedua adalah ubi jalar putih yang menunjukkan perbedaan genetic terbesar dibandingkan dengan kelompok lainnya. Keanekaragaman yang tinggi dalam genus *Ipomea batatas* L. terlihat dari perbedaan nilai koefisien pada dendrogram ini. Ubi jalar putih adalah sampel yang paling beragam atau unik secara genetic. Semakin besar nilai koefisien pada sumbu horizontal, semakin beragam atau berbeda genetic antar kelompok. Hal ini menunjukkan adanya variasi genetic diantara sampel *Ipomea batatas* L.

Menurut Nurmawati et,al, (2010) Angka satu pada analisis dendrogram menunjukkan kemiripan yang lengkap di antara anggota kelompok, sementara nilai yang mendekati nol

menunjukkan kesenjangan yang lebih besar di antara mereka. Keragaman genetic meningkat ketika jarak genetic individu satu sama lain meningkat. Menurut Triandiza et,al.(2022), nilai jarak genetic 0,10-0,99 termasuk dalam kelompok rendah dan memiliki hubungan keanekaragaman yang sangat dekat. Jika semakin rendah nilai jarak gentiknya yang didapatkan maka semakin jauh hubungan keanekaragamannya dari tanaman yang diuji. Nilai jarak genetic yang semakin besar menunjukkan bahwa semakin jauh pula hubungan keanekaragaman dari tanaman yang diuji.

SIMPULAN DAN SARAN

Berdasarkan hasil penelitian, dapat disimpulkan bahwa analisis RAPD tanaman ubi jalar (*Ipomea batatas* L.) di Kabupaten Asahan, Kecamatan Pulo Bandring, Desa Gedangan, Dusun IV menggunakan enam primer berbeda (OPA-2, OPA-3, OPA-5, OPA-7, OPD-11, dan OPD-13) menghasilkan pola pita polimorfisme dan monomorfisme. Keragaman genetic dari empat jenis ubi jalar yang dianalisis menggunakan aplikasi NTSYS pc-2.02i dengan dendrogram menunjukkan pengelompokan yang sama, yaitu ubi jalar oranye dan ubi jalar kuning memiliki tingkat kemiripan tertinggi dengan nilai koefisien sekitar 0,91. Ubi jalar ungu bergabung dengan kelompok ubi jalar kuning dan oranye pada nilai koefisien 0,86, menunjukkan sedikit perbedaan tetapi masih dalam kelompok yang sama. Sementara itu, ubi jalar putih memiliki nilai koefisien penggabungan sekitar 0,81, menunjukkan bahwa sampel ini paling berbeda dibandingkan dengan yang lainnya.

DAFTAR RUJUKAN

- Damayanti, F., A'ini, Z. F., & Marhento, G. (2021). Data Keragaman Genetik Berdasarkan Karakter Morfologi pada Beberapa Aksesori Plasma Nutfah Ubi Jalar. *EduBiologia: Biological Science and Education Journal*, 1(1), 7. <https://doi.org/10.30998/edubiologia.v1i1.8078>
- Gusmiaty, Sari, N.A., Safira, T.N., Budiman A., L. S. (2021). Polimorfisme Penanda RAPD Untuk Analisis Keragaman Genetik Kemiri Aleurites mollucana di Kabupaten Maros. *Bioma, Jurnal Biologi Makassar*, 6(1), 22–30.
- Gusmiaty, ., Restu, M., & Pongtuluran, I. (2012). SELEKSI PRIMER UNTUK ANALISIS KERAGAMAN GENETIK JENIS BITTI (Vitex coffassus). *Perennial*, 8(1), 25. <https://doi.org/10.24259/perennial.v8i1.211>
- Kawengian, Y. B., Lengkong, E., & Mandang, J. (2016). Keragaman Genetik Beberapa Varietas Kentang (Solanum tuberosum L.) Berdasarkan Penanda Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD) (Genetic Diversity of Several Varieties of Potato (Solanumtuberosum L) Based on Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD)). *Jurnal Bios Logos*, 6(2). <https://doi.org/10.35799/jbl.6.2.2016.13>
- Mawardi, A., & Simonapendi, M. L. (2018). Uji Efektivitas Metode Isolasi DNA Genom Kopi Arabika (Coffea arabica L.) Asal Kabupaten Jayawijaya. *Jurnal Biologi Papua*, 8(1), 7–12. <https://doi.org/10.31957/jbp.10>
- Runtunuwu., Rogi, J. E. X., & Palendeng, J. H. (2011). IDENTIFIKASI VARIETAS KENTANG SUPERJOHN BERDASARKAN PENANDA RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA). *Eugenia*, 17(1), 52. <https://doi.org/10.35791/eug.17.1.2011.100>
- Setyawati, R., & Zubaidah, S. (2021). Optimasi Konsentrasi Primer dan Suhu Annealing dalam Mendeteksi Gen Leptin pada Sapi Peranakan Ongole (PO) Menggunakan Polymerase Chain Reaction (PCR). *Indonesian Journal of Laboratory*, 4(1), 36. <https://doi.org/10.22146/ijl.v4i1.65550>
- Sitepu, A. F., Bayu, E. S., & Siregar, L. (2019). Analisis Pola Pita Beberapa Genotipe Kurma (Phoenix dactylifera L.) Menggunakan Primer RAPD Analysis of PCR Amplification of Date Palm (Pheonix dactylifera L.) Genotypes Based on RAPD Primers. *Jurnal Online Agroekoteknologi*, 7(3), 502–507. <https://doi.org/10.32734/jaet>