

Keragaman Genetik Matoa (*Pometia pinnata*) menggunakan Penanda Molekuler SSR

*Genetic Diversity of Matoa (*Pometia pinnata*) based on SSR Markers*

Maliki Febriantono Saputra¹, Dhika Prita Hapsari^{2*}, Deden Derajat Matra²

¹Program Studi Agronomi dan Hortikultura Departemen Agronomi dan Hortikultura,
Institut Pertanian Bogor (IPB University)

²Departemen Agronomi dan Hortikultura, Fakultas Pertanian, Institut Pertanian Bogor, (IPB University)
Jl. Meranti, Kampus IPB Darmaga, Bogor 16680, Indonesia

*Penulis Korespondensi: dhipritahapsari@gmail.com

Disetujui: 10 Desember 2024 / Published Online Januari 2025

ABSTRACT

Indonesia is a country rich in biodiversity with various types of plant species. One of the diversity of fruit plants comes from the Matoa fruit plant (*Pometia pinnata*). Matoa is a plant from the Sapindaceae family which is spread throughout the tropics. The matoa plant is widely used as a traditional medicine which is known to contain a group of compounds including flavonoids, tannins and saponins. Analysis of matoa genetic diversity is the basic information for implementing selection and crossbreeding activities in matoa breeding programs. Microsatellite markers are one of the codominant molecular marker analysis methods. This study aimed to conduct primary selection of ssr for kinship analysis of 10 Dramaga matoa accessions with 4 outgroups of *Pometia pinnata* Kalimantan using a microsatellite marker approach. DNA was isolated using the CTAB methods. The ten microsatellite primers used were Pp.e.6402R(L), Pp.e.66857R(L), Pp.e.80271R(L), Pp.e.89451R(L), Pp.e.115726R(L), Pp.e.161167R(L), Pp.e.186462R(L), Pp.e.187105R(L), Pp.e.238124R(L), Pp.e.287861R(L). SSR marker analysis using PCR DreamTaq Green Master Mix. The average allele obtained from the 10 loci tested was ± 2 . There was 1 pair of loci that had the lowest N_A , namely the Pp.e.287861R(L) locus which had 1 allele, and only 2 DNA was read at the 10 pairs of primary loci that were used, the DNA was derived from IPBA8, IPBA9 accessions.

Keywords: allele, biodiversity, fruit plants, genetic, microsatellite markers

ABSTRAK

Indonesia adalah negara yang kaya akan keanekaragaman hayati dengan berbagai jenis spesies tumbuh-tumbuhan. Keanekaragaman tersebut terdiri dari tanaman buah yang salah satunya berasal dari buah Matoa (*Pometia pinnata*). Matoa merupakan tanaman dari famili *Sapindaceae* yang tersebar di wilayah tropis. Tanaman matoa banyak dimanfaatkan sebagai obat-obatan tradisional yang diketahui mengandung kelompok senyawa diantaranya flavonoid, tanin, dan saponin. Analisis keragaman genetik matoa menjadi informasi dasar untuk pelaksanaan kegiatan seleksi dan persilangan lanjutan dalam program pemuliaan matoa. Marka mikrosatelit merupakan salah satu metode analisis marka molekuler kodominan. Tujuan dari penelitian ini untuk melakukan seleksi primer ssr untuk analisis kekerabatan 10 aksesi matoa Dramaga dengan 4 *outgroup* *Pometia pinnata* kalimantan melalui pendekatan marka mikrosatelit. DNA diisolasi menggunakan CTAB. Sepuluh primer mikrosatelit yang digunakan adalah Pp.e.6402R(L), Pp.e.66857R(L), Pp.e.80271R(L), Pp.e.89451R(L), Pp.e.115726R(L), Pp.e.161167R(L), Pp.e.186462R(L), Pp.e.187105R(L), Pp.e.238124R(L), Pp.e.287861R(L). Amplifikasi mengacu pada protokol *ThermoScientific DreamTaq Green PCR Master Mix*. Rata-rata alel yang didapat dari 10 lokus yang diuji ± 2 . Ditemukan 1 pasang lokus yang memiliki N_A paling rendah yaitu lokus Pp.e.287861R(L) yang memiliki alel 1, dan hanya 2 DNA yang dapat diamplifikasi pada 10 pasang lokus primer yang digunakan, yaitu DNA yang berasal dari aksesi IPBA8, IPBA9.

Kata kunci: alel, genetik, keanekaragaman genetik, marka mikrosatelit, tanaman buah

PENDAHULUAN

Indonesia merupakan negara yang memiliki keanekaragaman hayati melimpah dengan berbagai jenis spesies tumbuh-tumbuhan seperti buah-buahan endemik. Keanekaragaman tanaman buah yang dapat ditemukan diantaranya berasal dari tanaman buah matoa (*Pometia pinnata*). Matoa adalah salah satu tanaman dari famili *Sapindaceae* yang dapat ditemukan dan tersebar di wilayah tropis (Rahimah *et al.*, 2013). Tanaman matoa banyak dimanfaatkan salah satunya sebagai bahan obat-obatan tradisional. Buah matoa diketahui mengandung kelompok senyawa diantaranya flavonoid, tanin, dan saponin (Dalimartha, 2005). Pelestarian buah matoa menjadi penting untuk dipelajari karena banyak manfaat yang dihasilkan dari tanaman matoa. Hal dasar yang diperlukan untuk pelestarian matoa yang murni adalah dengan mempelajari genetiknya, terkhusus gen penanda yang menjadi ciri dari matoa. Gen penanda dalam istilah ilmu genetika disebut dengan marka molekuler.

Marka molekuler yaitu suatu karakter atau sifat yang dapat diturunkan atau diwariskan pada keturunannya dan berasosiasi maupun berkorelasi dengan genotipe tertentu. Marka molekuler juga dapat digunakan untuk mengkaraktisasi atau mendeteksi genotipe tertentu. Pengembangan marka molekuler yang terpaut dengan karakter-karakter kualitas atau yang disebut dengan pendekatan QTL (*Qualitative Trait Loci*) untuk karakter kualitatif. Marka molekuler terbagi menjadi beberapa kelompok, diantaranya marka morfologi, marka sitologi, dan marka molekuler (Refflinur, 2015). Marka morfologi memiliki kelemahan polimerfismenya yang rendah, sedangkan marka sitologi jarang digunakan untuk pemetaan genetik karena memerlukan teknik molekuler (Refflinur, 2015). Marka molekuler dapat dibedakan menjadi marka isozim dan marka DNA (Nuraida, 2012). Marka DNA lebih disukai karena memiliki polimorfisme yang tinggi (Refflinur, 2015). Beberapa jenis marka molekuler digunakan untuk mendeteksi atau mengetahui tingkat polimerfisme, salah satu yang sering digunakan adalah mikrosatelit.

Mikrosatelit merupakan marka molekuler untuk mempelajari pautan (*linkage*), pemetaan, analisis populasi, sistem perkawinan, dan struktur populasi. Mikrosatelit banyak digunakan sebagai penciri genetik karena keberadaannya sangat banyak, bersifat kodominan, dan polimorfik tinggi (Bennet, 2000). Mikrosatelit juga dapat digunakan dalam keperluan identifikasi individu, keanekaragaman dan struktur populasi, atau mempelajari evolusi dari spesies yang berkerabat

(Clisson *et al.*, 2000). DNA mikrosatelit banyak digunakan sebagai marka molekuler untuk mendukung aktivitas pemuliaan ternak seperti kegiatan identifikasi ternak, penetapan pewarisan dan penggalan sumber-sumber genetik (Rusfidra *et al.*, 2013). Selain mikrosatelit, terdapat beberapa marka molekuler lain dan diklasifikasi sebagai marker berbasis hibridisasi dan *polymerase chain reaction*. Diantaranya RFLPs yang merupakan marka berbasis hibridisasi. Marka ini bersifat kodominan namun memiliki kelemahan yaitu kuantitas DNA yang dibutuhkan sangat tinggi (Kumar *et al.*, 2009). Penelitian ini bertujuan melakukan validasi karakter marka molekuler *Pometia pinnata* berdasarkan marka mikrosatelit.

BAHAN DAN METODE

Waktu dan Tempat

Penelitian dilaksanakan mulai bulan November 2022 hingga bulan Mei 2023. Analisis molekuler dilakukan di Laboratorium *Seed Center*, Kebun Percobaan Leuwikopo, Departemen Agronomi dan Hortikultura, Institut Pertanian Bogor. Bahan yang digunakan dalam penelitian antara lain: sampel daun dewasa dari 10 aksesi matoa yang berasal dari IPB Dramaga (IPBA1, IPBA2, IPBA3, IPBA4, IPBA5, IPBA6, IPBA7, IPBA8, IPBA9, IPBA10) dan 4 aksesi matoa hasil eksplorasi dari Kalimantan Selatan. Selain itu, bahan pendukung yang digunakan ialah *buffer* CTAB (*Buffer Cetyl Trimethyl Ammonium Bromide*), isopropanol, etanol, CIA, gel agarosa dan *DreamTaq Green PCR Master Mix*. Alat yang digunakan dalam penelitian antara lain peralatan untuk ekstraksi DNA seperti, mortar, alu, mikropipet, *dry bath incubator*, spektrofotometer (Multiskan *SkyHigh Microplate Spectrophotometer*), mesin PCR, alat elektroforesis, dan *UV transilluminator*.

Ekstraksi DNA

Ekstraksi DNA adalah memisahkan DNA yang ada pada sel dengan komponen lainnya. Setelah DNA didapatkan akan diketahui kadar dan kemurniannya (Wardhani, 2017). Metode ekstraksi DNA daun matoa menggunakan metode CTAB (*Buffer Cetyl Trimethyl Ammonium Bromide*). Daun dipotong sehingga berukuran 50-100 mg kemudian dihaluskan menggunakan mortar. DNA kemudian disimpan pada suhu -20 °C. Pengujian kuantitas dan kualitas DNA menggunakan alat *Multiskan SkyHigh Microplate Spectrophotometer* untuk mengetahui nilai konsentrasi dalam ng.µL⁻¹ dan rasio absorbansi A260/A280 dan A260/A230 untuk menghitung kemurnian DNA.

Amplifikasi DNA

Polymerase Chain Reaction (PCR) merupakan salah satu metode yang dapat digunakan untuk memperbanyak DNA suatu organisme yang biasanya disebut amplifikasi DNA. Metode berbasis PCR sering kali digunakan didalam identifikasi organisme, baik melalui DNA *fingerprinting* maupun melalui DNA *barcoding*. Metode identifikasi genetik menggunakan metode

PCR telah banyak berkembang. Protokol amplifikasi DNA pada PCR mengacu pada *DreamTaq Green PCR Master Mix*. Informasi primer yang digunakan tercantum pada Tabel 1 serta *master mix* untuk setiap sampel DNA dengan volume bahan tercantum pada Tabel 2, kondisi PCR menggunakan protokol *DreamTaq Green PCR Master Mix* disajikan dalam Tabel 3 dan Informasi mengenai kode dan asal aksesori DNA matoa (*Pometia pinnata*) disajikan pada Tabel 4.

Tabel 1. Informasi primer mikrosatelit ekstraksi DNA matoa (*Pometia pinnata*)

Kode primer	Nama primer	Sekuen DNA	
PPA1	Pp.e.6402	F	5'-AAGTGGCCTTGCTTTGCTTG-3'
		R	5'-GCACTGCAGCCGGGATATAT-3'
PPA2	Pp.e.66857	F	5'-CGGTGTCTTTTGTGTCTCTGC-3'
		R	5'-AGGCGTCGCTTTGTATCAGT-3'
PPA3	Pp.e.80271	F	5'-GCTCACACTCTGCACGACTT-3'
		R	5'-TTTGCTCCCCATATGCCAAA-3'
PPA4	Pp.e.89451	F	5'-TCAAGATGGTGATGGCTCTTCT-3'
		R	5'-TGGTGGTTTCTAAGCGTGCT-3'
PPA5	Pp.e.115726	F	5'-CACCATGATCACCGGCTGA-3'
		R	5'-ACTCCGTTTTGACGTGTGGT-3'
PPA6	Pp.e.161167	F	5'-GGCCTCGCATTTCAAACATTG-3'
		R	5'-GCATCATCAAGGAAACGCTT-3'
PPA7	Pp.e.186462	F	5'-AGAGTACGTGCAGGTTTTTCAC-3'
		R	5'-CCTCCTTGCTTCGTCTCCAT-3'
PPA8	Pp.e.187105	F	5'-ACCTTGTTTGAACCAGAACCAC-3'
		R	5'-CCAGAAGGGTGTGTTGTTGG-3'
PPA9	Pp.e.238124	F	5'-GACGGTGGTTTGTGTCTTAACA-3'
		R	5'-CCTGATCAAGTAGAAGCCGCA-3'
PPA10	Pp.e.287861	F	5'-GGGAAACGTGTGTCTGACCAA-3'
		R	5'-TCAACAACCCTACCTAATGACC-3'

Tabel 2. Komposisi bahan *master mix* untuk setiap template sampel DNA

No.	Nama bahan	Volume (μL)
1	Air <i>Rnase-free</i>	8.5
2	Dream Taq Green PCR Master Mix	12.5
3	Working Primer	2.0
7	DNA template	2.0
Jumlah		25.0

Tabel 3. Siklus PCR untuk protocol *DreamTaq Green PCR Master Mix*

No.	Proses	Suhu °C	Waktu	Siklus
1	<i>Initial denaturation</i>	95	3 menit	1 x
2	<i>Denaturation</i>	95	0.5 menit	35 x
3	<i>Annealing</i>	58	0.5 menit	35 x
4	<i>Extention</i>	72	1 menit	35 x
5	<i>Final extention</i>	72	15 menit	1 x
6	<i>Final storage</i>	4	∞	1 x

Tabel 4. Informasi kode dan asal akses DNA matoa (*Pometia pinnata*)

No	Kode Akses	Asal
1	IPBA1	Bogor
2	IPBA2	Bogor
3	IPBA3	Bogor
4	IPBA4	Bogor
5	IPBA5	Bogor
6	IPBA6	Bogor
7	IPBA7	Bogor
8	IPBA8	Bogor
9	IPBA9	Bogor
10	IPBA10	Bogor
11	DDMA1	Kalimantan
12	DDMA2	Kalimantan
13	DDMA3	Kalimantan
14	DDMA4	Kalimantan

Elektroforesis DNA

Serbuk agarose 1% dilarutkan dengan pelarut TBE 10x untuk membuat Gel agarose. Larutan dimasukkan dalam *microwave* hingga tercampur rata, kemudian diberi pewarna *gel Red*. Larutan agarose dituangkan ke dalam baki gel secara merata kemudian sisir diletakkan pada tempat yang sesuai untuk membuat sumur-sumur gel. Agarose ditunggu hingga keras lalu dimasukkan ke dalam alat elektroforesis dan larutan buffer TBE 10x dituang hingga merendam gel agarose. Sebanyak 5 µL amplicon hasil PCR kemudian dimasukkan kedalam sumur-sumur gel. Gel agarose dijalankan selama 30 menit dengan menggunakan alat elektroforesis (*Mupid EXu Submarine Electrophoresis System*) pada tegangan 100 volt. Kemudian divisualisasikan dengan UV transilluminator.

HASIL DAN PEMBAHASAN

DNA merupakan makromolekul yang tersusun oleh nukleotida sebagai molekul dasar yang membawa sifat genetik. DNA terbentuk dari empat tipe nukleotida yang berikatan secara kovalen, juga direpresentasikan oleh sejumlah huruf-huruf alphabet yaitu A, C, G, dan T. Setiap huruf adalah inisial dari asam nukleat atau nukleotida (*nucleotides*) penyusun, yaitu *adenine* (A), *cytosine* (C), *guanine* (G), *thymine* (T). Molekul DNA memiliki struktur dua pita yang terjalin (*double helix*) yang bersatu dan berfungsi sebagai penyusun materi genetik (Ernawati *et al.*, 2015). Isolasi DNA adalah memisahkan DNA yang ada pada sel dengan komponen yang lainnya. Setelah DNA di dapatkan akan diketahui kadar dan kemurniannya (Wardhani, 2017). Hasil uji kualitas

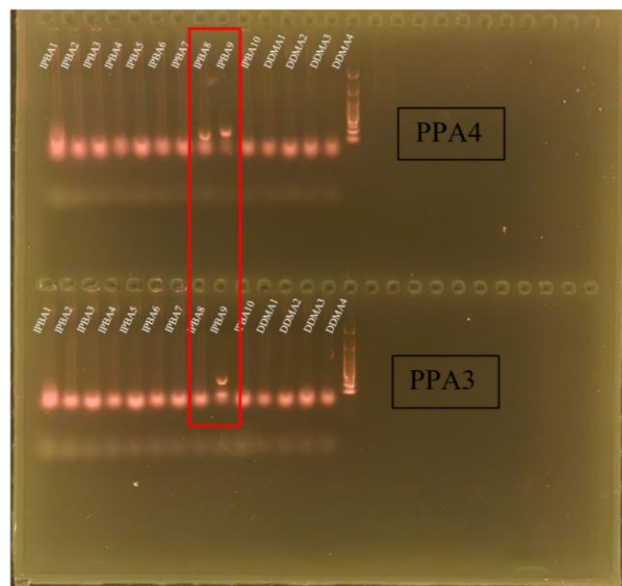
dan kuantitas DNA dengan alat *Multiskan SkyHigh Microplate Spectrophotometer* dapat dilihat pada Tabel 5 berikut.

Tingkat kemurnian DNA berkorelasi dengan kualitas DNA. Kualitas DNA dapat ditentukan dengan melihat nilai perbandingan serapan panjang gelombang (A260/A280) pada sampel DNA yang diukur melalui spektrofotometer (Muladno, 2002). Menurut Faatih (2009), DNA dinyatakan murni apabila memiliki nilai perbandingan serapan pada panjang gelombang (A260/A280) berkisar 1.8-2.0. Rata-rata nilai kemurnian DNA hasil isolasi daun matoa adalah 1,775. Hasil tersebut menunjukkan bahwa kemurnian DNA yang didapat memiliki kualitas sudah murni dan dapat digunakan untuk tahap analisis molekuler selanjutnya. DNA hasil isolasi di amplifikasi menggunakan mesin PCR. Primer yang digunakan dalam replikasi DNA matoa adalah PPA1, PPA2, PPA3, PPA4, PPA5, PPA6, PPA7, PPA8, PPA9, PPA10. Primer tersebut merupakan primer mikrosatelit untuk matoa hasil identifikasi oleh Songnuan *et al.* (2014). DNA hasil amplifikasi PCR dielektroforesis menggunakan *Mupid EXu Submarine Electrophoresis System*.

Hasil elektroforesis pada lokus PPA1, PPA2, PPA3, PPA4, PPA5, PPA6 menunjukkan adanya pita atau alel yang terbaca jelas tanpa adanya degradasi (Gambar 1). Primer PPA1, PPA2, PPA3, PPA4, PPA5, PPA6 ini dimungkinkan merupakan primer monomorfiks karena hanya menghasilkan satu pita dengan ukuran cenderung sama pada visual elektroforesis. Primer PPA3 dan PPA5 hanya memunculkan satu pita pada IPBA9, sedangkan primer PPA1 hanya memunculkan satu pita pada IPBA8. Sisanya primer PPA2, PPA4, dan PPA6 hanya memunculkan satu pita pada IPBA8 dan IPBA9.

Tabel 5. Konsentrasi dan kemurnian DNA

Accession code	Concentration (ng.μL ⁻¹)	Purity A260/280	Purity A260/230
IPBA1	997.60	2.18	1.18
IPBA2	552.30	1.88	1.81
IPBA3	163.50	2.03	2.16
IPBA4	208.90	1.92	1.91
IPBA5	623.20	2.02	2.01
IPBA6	1117.00	1.08	1.84
IPBA7	347.20	2.00	2.00
IPBA8	8.47	1.89	2.59
IPBA9	1011.00	1.08	1.99
IPBA10	678.10	1.27	1.51
DDMA1	579.30	1.75	1.07
DDMA2	251.50	2.01	1.80
DDMA3	1302.00	1.97	1.49
DDMA4	408.80	1.79	1.47



Gambar 1. Pita hasil elektroforesis DNA pada lokus PPA3, PPA4

Tabel 6. Informasi *scoring* kemunculan alel dengan bilangan *binner*

Sampel	PPA1	PPA2	PPA3	PPA4	PPA5	PPA6	PPA7	PPA8	PPA9	PPA10
IPBA1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
IPBA2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
IPBA3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
IPBA4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
IPBA5	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0
IPBA6	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
IPBA7	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
IPBA8	1	1	0	1	0	1	1	1	1	0
IPBA9	0	1	1	1	1	1	1	1	1	0
IPBA10	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
DDMA1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
DDMA2	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
DDMA3	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
DDMA4	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
Catatan	+	+	+	+	+	+	+	+	+	-

Keterangan: + = polimorfisme, - = monomorfiks.

Hasil elektroforesis pada empat lokus PPA7, PPA8, PPA9, dan PPA10 menunjukkan perbedaan yang menarik. Pada lokus PPA7 dan PPA9, terlihat adanya pita atau alel yang terbaca dengan jelas tanpa mengalami degradasi. Pada lokus PPA8 dan PPA10, terlihat pita atau alel yang tidak terbaca dengan jelas karena mengalami degradasi. Primer PPA7, PPA8, PPA9 dan PPA10 ini kemungkinan merupakan primer monomorfiks karena hanya menghasilkan satu pita dengan ukuran cenderung sama pada visual elektroforesis. Di sisi lain, pada lokus PPA7 hanya menghasilkan satu pita pada sampel IPBA8 dan IPBA9, sementara primer PPA8 hanya menghasilkan satu pita pada sampel IPBA8 dan IPBA9. Primer PPA9 menunjukkan adanya tiga pita pada sampel IPBA5, IPBA8, dan IPBA9, sementara primer PPA10 tidak menghasilkan satu pita pun.

Jumlah alel yang berbeda pada setiap lokus dapat digunakan untuk mengetahui tingkat polimorfisme (Kalinowski, 2002). Semakin banyak alel yang dimiliki oleh suatu lokus, maka lokus tersebut dapat memberikan informasi yang lebih baik tentang polimorfisme yang menggambarkan kecepatan perubahan genetik atau mutasi yang terjadi. Berdasarkan Tabel 6, nilai jumlah alel (N_A) diperoleh dengan menghitung alel yang muncul. N_A yang diperoleh pada lokus PPA1, PPA4 PPA6 memiliki jumlah yang sama yaitu 1, N_A lokus PPA2 berjumlah 2 dan N_A lokus PPA3, PPA5, PPA7, PPA8 memiliki jumlah yang sama yaitu 2, N_A lokus PPA9 memiliki jumlah yang terbanyak yaitu 3, alel tersebut berada di IPBA5, IPBA8, IPBA9. N_A lokus PPA10 memiliki nilai jumlah alel paling sedikit yaitu 0. Rata-rata alel pada setiap lokus adalah ± 2 . Hasil persilangan interspesies memunculkan alel-alel bervariasi seperti yang diungkapkan Pancoro *et al.* (2016). Perbedaan tetua pada tingkatan spesies memberikan peluang lebih tinggi untuk menghasilkan progeni F1 dengan alel-alel yang lebih bervariasi, sehingga sebaran frekuensi alel lebih tinggi dan memunculkan perbedaan jarak genetik yang jauh dibandingkan populasi lainnya.

KESIMPULAN

Terdapat 9 dari 10 primer mikrosatelit yang digunakan adalah polimorfik, dan primer PPA10 adalah monomorfik. Hasil elektroforesis menunjukkan bahwa pada beberapa lokus terdapat pita atau alel yang terbaca jelas tanpa adanya degradasi, sedangkan pada beberapa lokus lainnya terjadi degradasi sehingga pita atau alel tidak terbaca dengan jelas. Pada primer PPA8 hanya menghasilkan satu pita pada sampel IPBA8 dan IPBA9.

DAFTAR PUSTAKA

- Bennet, P. 2000. Microsatellites. J. Clin. Pathol. Mol. Pathol. 53(4):177-183. DOI: <https://doi.org/10.1136/mp.53.4.177>.
- Botstein, D., R.L. White, M. Skolnick, R.W. Davis. 1980. Construction of a genetic map in man using restriction fragment length polymorphisms. Amer J Hum Genet. 32:314-331.
- Clisson, I., M. Lathuilliere, B. CroauRoy. 2000. Conservation and evolution microsatellite loci in primate taxa. Am. J. Prim. 50:205-214. DOI: [https://doi.org/10.1002/\(SICI\)1098-2345\(200003\)50:3<205::AID-AJP3>3.0.CO;2-Y](https://doi.org/10.1002/(SICI)1098-2345(200003)50:3<205::AID-AJP3>3.0.CO;2-Y).
- Dalimartha. 2005. Atlas Tumbuhan Obat Indonesia Jilid 3. Jakarta (ID): Puspa Swara.
- Ernawati, E., D. Puspitaningrum, A. Pravitasari. 2015. Implementasi algoritma Smith-Waterman pada local alignment dalam pencarian kesamaan penjejakan barisan DNA (studi kasus: DNA Tumor Wilms). Pseudocode. 1(2):170-7. DOI: <https://doi.org/10.33369/pseudocode.1.2.170-177>.
- Fatih, Mukhlissul. 2009. Isolasi dan digesti DNA kromosom. J. Penelitian Sains & Teknologi. 10(1): 61-67.
- Fuad, A.R.M., I. Ulfir, F. Kurniawan. 2016. Penggunaan agar-agar komersial sebagai media gel elektroforesis pada zat warna remazol: pengaruh komposisi buffer, pH buffer dan konsentrasi media. J. Sains Dan Seni ITS. 5(2):2337-3520.
- Furay, A. 2018. Kajian parameter mutu buah matoa jenis kuning (*Pometia pinnata*) menggunakan pengolahan citra digital [tesis]. Bogor: Institut Pertanian Bogor.
- Furqoni, A.H., A. Yudianto, P. Wardhani. 2017. Pengaruh rendaman air terhadap kualitas DNA pada sperma dengan STR-CODIS D13S317 dan D21S1. J. Biosains Pascasarjana. 19(1):41-54. DOI: <https://doi.org/10.20473/jbp.v19i1.2017.41-54>.
- Gupta, H.S., P.K. Agrawal, V. Mahajan, G.S. Bisht, A. Kumar, P. Verma, A. Srivastava, S. Saha, R. Babu, M.C. Pant, *et al.* 2009. Quality protein maize for nutritional security: rapid development of short duration hybrids through molecular marker assisted breeding. Curr Sci. 96:230-236.

- Kumar, P., V.K. Gupta, A.K. Mirsa, D.R. Modi, B.K. Pandey. 2009. Potential of molecular markers in plant biotechnology. *Plant Omics Journal*. 2(4):141-162.
- Moeljopawiro, S. 2010. Marka mikrosatelit sebagai alternatif uji BUSS dalam perlindungan varietas tanaman padi. *Buletin Plasma Nutfah*. 16(1):1-7. DOI: <https://doi.org/10.21082/blpn.v16n1.2010.p1-7>.
- Muladno. 2002. *Seputar Teknologi Rekayasa Genetika*. Bogor: Pustaka Wirausaha Muda.
- Nuraida, Dede. 2012. Pemuliaan Tanaman Cepat dan Tepat melalui Pendekatan Marka Molekuler. Malang (ID): El Hayah.
- Rahimah, E., A. Sayekti, Jayuska. 2013. Karakterisasi senyawa flavonoid hasil isolat dari fraksi etil asetat daun matoa (*Pometia pinnata* J.R. & G.). *J. Kimia Khatulistiwa (JKK)*. 2(2): 84-89.
- Refflinur, P. Lestari. 2015. Penentuan lokus gen dalam kromosom tanaman dengan bantuan marka DNA. *J. Litbang Pert*. 34(4):177-186. DOI: <https://doi.org/10.21082/jp3.v34n4.2015.p177-186>.
- Rusfidra, Y. Heryandi, Jamsari, E.Y. Rahman. 2013. Variasi genetik Itik Bayang berbasis marka mikrosatelit pada lokus AY287 dan lokus AY283. *Sains Peternakan*. 11:91-98. DOI: <https://doi.org/10.20961/sainspet.11.2.91-98>.
- Soedarmadji, S. 1996. *Teknik Analisa Biokimiawi*. Ed ke-1. Yogyakarta: Liberty.
- Powell, W., G.C. Machray, J. Provan. 1996. Polymorphism revealed by simple sequence repeats. *Tren Plant Sci*. 1:215–222. Di dalam: P. Kumar, V.K. Gupta, A.K. Mirsa, D.R. Modi, B.K. Pandey. 2009. Potential of molecular markers in plant biotechnology. *Plant Omics Journal*. 2(4):141-162. DOI: [https://doi.org/10.1016/S1360-1385\(96\)86898-0](https://doi.org/10.1016/S1360-1385(96)86898-0).
- Wambrauw, L.H. 2011. Karakterisasi morfologi dan isozim matoa (*Pometia pinnata*) [tesis]. Bogor: Institut Pertanian Bogor.