

Pengelompokan Aksesori Pisang Menggunakan Karakter Morfologi IPGRI

Sukartini

Balai Penelitian Tanaman Buah Tropika, Jl. Raya Solok-Aripan Km. 8, Solok 27301
Naskah diterima 6 Februari 2006 dan disetujui untuk diterbitkan tanggal 3 Oktober 2006

ABSTRAK. Penelitian dilaksanakan di Kebun Raya Purwodadi Pasuruan dan Kebun Percobaan Sumani dan Aripan Balai Penelitian Tanaman Buah Tropika Solok, pada bulan Desember 2000 sampai Juni 2001. Tujuan penelitian mengetahui jarak genetik dan hubungan kekerabatan aksesori pisang. Bahan penelitian adalah 26 aksesori pisang. Kegiatan identifikasi dilakukan terhadap 35 karakter yang terdiri dari 28 karakter kualitatif dan 7 karakter kuantitatif berdasar *descriptor for banana* IPGRI. Hasil penelitian menunjukkan bahwa aksesori pisang kepek Putih dan kepek Kuning mempunyai jarak genetik terkecil 0,0588 dengan kemiripan karakter morfologi paling banyak, yaitu 94,1176%. Sedangkan jarak genetik terbesar terdapat pada kluster aksesori pisang Monyet dengan semua pisang lainnya, yaitu sebesar 0,17 dengan kemiripan sifat morfologi paling sedikit, 83,1169%. Pisang Monyet dapat digunakan sebagai salah satu tetua untuk memperoleh variasi genetik yang lebih besar. Pisang kepek Putih dan kepek Kuning hampir mirip sehingga untuk efisiensi koleksi plasma nutfah tanaman pisang dapat dipilih salah satu.

Katakunci: *Musa* spp.; Aksesori; Pengelompokan; Karakter morfologi; IPGRI

ABSTRACT. Sukartini. 2007. IPGRI Morphology Characters for Clustering of *Musa* spp. Accessions. The research was conducted at Purwodadi Botanical Garden Pasuruan, Sumani and Aripan Field Station of Indonesian Tropical Fruits Research Institute on December 2000-June 2001. The research objective was to know the genetic distance and relationship among the 26 banana accessions. The research material covered 26 banana accessions. Identification activity was done toward 35 characters constitute of 28 qualitative and 7 quantitative characters based on descriptor for banana IPGRI. The results showed that kepek Putih and kepek Kuning banana accession have the lowest genetic distance i.e. 0.0588 with the most maximum similar morphology characters of 94.1176%. Meanwhile, the highest genetic distance i.e. 0.17, was showed by banana Monyet cluster against other banana accession with the minimum similarity morphological characters 83.1169%. Banana Monyet is better to be used as parental to obtain higher genetic variation. Banana kepek Putih and kepek Kuning could be chosen either one for efficiency on germplasm maintenance.

Keywords: *Musa* spp.; Accession; Clustering; Morphology characters; IPGRI.

Indonesia merupakan salah satu pusat gen tanaman pisang. Salah satu langkah awal untuk mengenal lebih jauh besarnya keragaman hayati tersebut adalah melakukan identifikasi keragaman

genetik (Simmonds dan Shepherd 1955). Selain itu kegiatan identifikasi tersebut juga penting bagi keperluan perbaikan sifat tanaman pisang dalam upaya menghasilkan varietas atau klon-klon baru yang lebih baik untuk dibudidayakan.

Kegiatan eksplorasi, inventarisasi, dan pelestarian plasma nutfah pisang di Indonesia sangat terbatas. Hal ini disebabkan koleksi tanaman pisang saat ini berada di tempat yang terpencar-pencar. Keadaan ini menyebabkan pengelolaan tanaman koleksi menjadi tidak optimal, sehingga tampilan tanaman juga tidak optimal dan seringkali mengacaukan data karakteristik varietas atau klon. Identifikasi morfologi suatu populasi plasma nutfah adalah suatu kegiatan memeriksa keragaman aksesori berdasarkan sejumlah karakter penciri morfologi tanaman. Karakter-karakter tersebut dapat digunakan untuk membedakan 1

aksesori dengan aksesori yang lain (IPGRI 1996). Identitas morfologi yang terkumpul dapat digunakan untuk analisis kekerabatan antar- aksesori. Berkaitan dengan hal tersebut, banyak sedikitnya jumlah karakter morfologi yang mempunyai heritabilitas/repeatabilitas tinggi akan menentukan keakuratan pengelompokan aksesori-aksesori (Lamadji 1998).

Jarak genetik dan hubungan kekerabatan 1 jenis pisang dengan jenis lainnya merupakan gambaran dari keragaman populasi. Keragaman populasi tanaman pisang sangat diperlukan dalam penyusunan strategi pemuliaan guna mencapai perbaikan varietas pisang secara efisien (Simmonds dan Shepherd 1955). Semakin kecil jarak genetik (mendekati 0) dari 2 aksesori atau lebih yang dibandingkan maka semakin besar kemiripan yang dijumpai pada 2 atau lebih aksesori

tersebut, artinya hubungan kekerabatan antara aksesori-aksesori tersebut semakin dekat. Sebaliknya semakin besar jarak genetik (mendekati 1) dari 2 atau lebih aksesori yang dibandingkan maka semakin jauh kekerabatan di antara aksesori-aksesori tersebut. Aksesori-aksesori yang mempunyai jarak genetik besar antara satu dengan lainnya atau aksesori-aksesori yang mempunyai hubungan kekerabatan jauh adalah aksesori-aksesori yang baik digunakan untuk kegiatan pemuliaan. Sebaliknya aksesori-aksesori yang mempunyai jarak genetik kecil antara satu dengan lainnya atau aksesori-aksesori yang mempunyai hubungan kekerabatan sangat dekat, maka di antara aksesori-aksesori tersebut dapat dipilih 1 saja untuk koleksi plasma nutfah bila sarana dan prasarana sangat terbatas.

Proses reproduksi seksual menciptakan kombinasi gen baru, genotip baru, dan akibatnya muncul fenotip dan keragaman baru dalam populasi. Keragaman fenotip dapat diketahui dengan mengidentifikasi perbedaan dan persamaan fenotip tanaman pisang. Besarnya kemiripan fenotip memberikan gambaran mengenai hubungan kekerabatan antaraksesori-aksesori pisang tersebut. Nilai jarak genetik memberikan informasi mengenai tingkat kesamaan karakter-karakter yang dimiliki aksesori-aksesori pisang dalam suatu filogenetik, sehingga hubungan kekerabatan antaraksesori-aksesori tersebut dapat diketahui pula (Sokal 1975). Informasi mengenai hubungan kekerabatan antaraksesori pisang dapat diperoleh melalui metode *multivariate* (Sokal dan Rohlf 1962). Prinsip metode *multivariate* adalah mengelompokkan aksesori-aksesori pisang berdasarkan kesamaan karakter, kemudian membandingkannya dengan kelompok-kelompok yang lain (Sneath 1976). Penelitian bertujuan mengetahui nilai jarak genetik dan hubungan kekerabatan 26 tanaman pisang berdasarkan kesamaan karakter morfologi yang diamati.

BAHAN DAN METODE

Bahan penelitian adalah 26 aksesori pisang. Lokasi penelitian di Kebun Raya Purwodadi, Pasuruan dan Kebun Percobaan Balai Penelitian Tanaman Buah Tropika, Solok. Penelitian dilakukan pada bulan Desember 2000 sampai bulan Juni 2001. Identifikasi dilakukan pada suatu rumpun tanaman pisang (terdiri dari ± 10 tanaman) pada

masing-masing aksesori pisang yang mewakili keadaan vegetatif dan generatif tanaman pisang. Peubah yang diamati merupakan hasil identifikasi terhadap 28 karakter kualitatif dan 7 karakter kuantitatif menggunakan *descriptor for banana* sesuai yang ditulis di dalam IPGRI (1996) (Lampiran 1). Karakter kualitatif meliputi (1) ketegakan daun, (2) kekerdilan, (3) warna batang semu, (4) bercak pada pangkal petiole, (5) bentuk kanal petiole, (6) warna permukaan atas daun, (7) warna permukaan bawah daun, (8) lapisan lilin pada daun, (9) bentuk pangkal daun, (10) warna punggung tulang daun, (11) warna daun yang masih menggulung, (12) bulu tangkai tandan, (13) posisi buah dalam sisir, (14) kelopak jantung dan bunga jantan, (15) bentuk *rachis*, (16) tipe jantung, (17) bentuk jantung, (18) bentuk ujung bawah kelopak jantung, (19) warna permukaan luar kelopak jantung, (20) warna permukaan dalam kelopak jantung, (21) bekas kedudukan kelopak jantung, (22) bentuk kelopak jantung, (23) bentuk kelopak jantung sebelum jatuh, (24) lilin kelopak jantung, (25) bunga jantan, ruang bakal biji, (26) bentuk buah, (27) sudut buah, dan (28) ujung buah. Sedangkan karakter kuantitatif meliputi (1) tinggi batang, (2) tinggi anakan, (3) panjang daun, (4) lebar daun, (5) rasio panjang/lebar daun, (6) panjang tangkai tandan, dan (7) jumlah buah per sisir. Data hasil karakterisasi di lapang kemudian dianalisis dengan program *biodiversity provesional version 2.0* dengan hasil akhir berupa dendogram yang terdiri dari klaster-klaster yang pengelompokannya didasarkan atas persentase kesamaan (Sokal 1961 1963, Simmonds dan Weatherup 1990a, b). Nilai jarak genetik dapat diketahui berdasarkan nilai jarak taksonomi dibagi 100. Sandi genom masing-masing aksesori pisang yang tercantum di belakang nama masing-masing aksesori pisang adalah sandi genom yang telah direkomendasikan oleh Valmayor *et al.* (1999).

HASIL DAN PEMBAHASAN

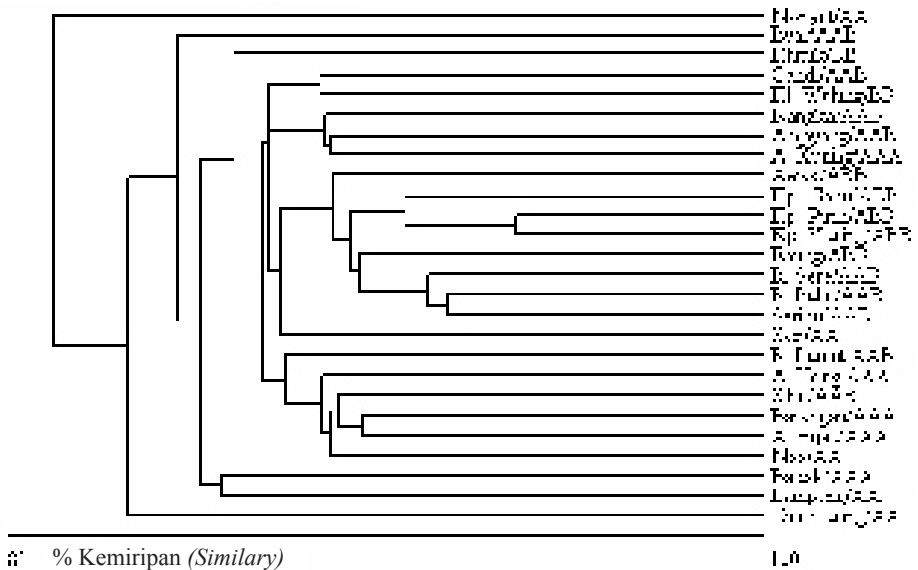
Pengelompokan berdasar persentase kesamaan karakter kualitatif dan kuantitatif yang diamati menghasilkan gambaran kedudukan masing-masing aksesori dalam dendogram, nilai jarak genetik sekaligus menunjukkan keamatan hubungan kekerabatan atau kemiripan karakter antaraksesori pisang (Gambar 1). Pisang kepok Pu-

tih dan kepok Kuning yang keduanya bergenom ABB mempunyai kemiripan karakter morfologi paling banyak dengan nilai persentase kesamaan tertinggi, yaitu 94,1176%. Sedangkan antara pisang Monyet (AA) dengan semua aksesori pisang mempunyai persamaan karakter morfologi paling sedikit, yaitu 83,1169%, sehingga untuk kegiatan pemuliaan, pisang Monyet baik digunakan sebagai salah satu tetua pada penggabungan sifat atau persilangan dengan aksesori-aksesori pisang lainnya untuk menghasilkan variasi genetik yang lebih besar. Semakin jauh jarak genetik atau semakin berbeda karakter morfologi dari 2 aksesori yang akan disilangkan maka peluang terjadinya variasi keragaman genetik semakin besar. Sedangkan untuk kegiatan koleksi plasma nutfah pisang dapat dipilih salah satu saja di antara pisang kepok Putih dan kepok Kuning. Pemilihan ini dimaksudkan karena sifat pisang kepok Putih dan kepok Kuning hampir mirip, sehingga akan lebih efisien pada pengelolaan kebun koleksi yang mempunyai sarana dan prasarana terbatas, sedangkan bila sarana dan prasarana memenuhi kedua klon pisang tersebut dapat dipelihara bersama-sama.

Pada dendrogram terlihat bahwa pisang-pisang dengan genom yang sama tidak selalu

terlihat mengumpul dalam 1 kelompok yang sama, keadaan ini berlaku pada semua macam genom AA (Monyet, Sasi, Mas, Lampung, dan Cici Kuning), BB (Klutuk dan Klutuk Wulung), AAB (Byar, Candi, Nangka, Ampyang, Raja Sere, Raja Pulut, Seribu, Raja Lumut, dan Sililit), ABB (Awak, kepok Gabu, kepok Putih, kepok Kuning, dan Ebung), dan kelompok genom AAA (ambon Kuning, ambon Hong, Barangan, ambon Hijau, dan Badak). Hal ini semakin menguatkan teori bahwa pada pisang-pisang tersebut terjadi proses penyerbukan bebas. Terjadinya penyerbukan bebas antaraksesori-aksesori pisang akan memperbesar peluang variasi genetik yang terjadi pada pisang-pisang tersebut. Variasi tersebut dapat berupa beragamnya komposisi genom pada suatu aksesori yang disebabkan oleh perbedaan asal genom tersebut. Sehingga apabila terdapat 2 atau lebih aksesori pisang yang mempunyai genom sama belum tentu mempunyai asal genom yang sama pula. Hal ini sesuai dengan uraian dari Simmonds dan Shepperd (1955) yang menyatakan bahwa peristiwa seperti seleksi partenokarpi, seleksi sterilitas, sterilitas total, dan seleksi hibridisasi serta poliploidisasi menyebabkan terjadinya penyebaran genom A dari jenis *M. acuminata* liar

Bray-Curtis Cluster Analysis (Single Link)



Gambar 1. Dendrogram hasil kluster karakter morfologi dari 26 aksesori tanaman pisang (Dendrogram of clustering morphological characters from 26 accessions)

Tabel 1. Hasil pengelompokan berdasar kesamaan karakter morfologi 26 aksesii pisang (Results of clustering based on morphological characters of 26 accessions)

| Tahapan (Step) | Klaster (Cluster) | Jarak genetik (Genetic Distance) | Kemiripan (Similarity) | Tahapan (Step) | Klaster (Cluster) | Jarak genetik (Genetic Distance) | Kemiripan (Similarity) |
|----------------|-------------------|----------------------------------|------------------------|----------------|-------------------|----------------------------------|------------------------|
| 1 | 25 | 0,0588 | 94,1176 | 14 | 12 | 0,1055 | 89,4410 |
| 2 | 24 | 0,0750 | 92,5000 | 15 | 11 | 0,1136 | 88,6364 |
| 3 | 23 | 0,0797 | 92,0245 | 16 | 10 | 0,1151 | 88,4848 |
| 4 | 22 | 0,0853 | 91,4634 | 17 | 9 | 0,1180 | 88,1988 |
| 5 | 21 | 0,0932 | 90,4762 | 18 | 8 | 0,1180 | 88,1988 |
| 6 | 20 | 0,0963 | 90,3614 | 19 | 7 | 0,1190 | 88,0952 |
| 7 | 19 | 0,0980 | 90,1961 | 20 | 6 | 0,1238 | 87,4172 |
| 8 | 18 | 0,1011 | 89,8876 | 21 | 5 | 0,1285 | 87,1429 |
| 9 | 17 | 0,1025 | 89,7426 | 22 | 4 | 0,1341 | 86,3254 |
| 10 | 16 | 0,1030 | 89,6970 | 23 | 3 | 0,1395 | 86,0465 |
| 11 | 15 | 0,1034 | 89,6852 | 24 | 2 | 0,1510 | 84,8921 |
| 12 | 14 | 0,1042 | 89,5906 | 25 | 1 | 0,1688 | 83,1169 |
| 13 | 13 | 0,1049 | 89,5028 | | | | |

dan genom B dari jenis *M. balbisiana* liar pada evolusi kelompok *Eumusa*.

Selanjutnya tahapan pengelompokan berdasarkan kesamaan karakter morfologi dari 26 aksesii pisang yang menghasilkan persentase nilai jarak genetik dapat dilihat pada Tabel 1.

Pada tahap 1 program *biodiversity provensional version 2.0* akan membuat pengelompokan klaster-klaster (25 klaster) berdasarkan kemiripan karakter-karakter terbanyak yang pada penelitian ini terdapat pada pisang kepok Putih dengan kepok Kuning, yaitu sebesar 94,1176%, sehingga diperoleh jarak genetik sebesar 0,0588 dan merupakan jarak terkecil di antara klaster-klaster tersebut. Selanjutnya pada tahap 2 dihitung 24 klaster-klaster lainnya dengan kemiripan karakter sebesar 92,5 yang dijumpai pada pisang Raja Pulut dengan Seribu, sehingga diperoleh jarak genetik sebesar 0,0750. Demikian seterusnya sampai pada penghitungan klaster terakhir, yaitu antara pisang Monyet dengan semua pisang lainnya yang mempunyai kemiripan karakter terkecil yaitu sebanyak 83,1169 dan jarak genetik sebesar 0,17.

KESIMPULAN

1. Aksesii kepok Putih dengan kepok Kuning mempunyai jarak genetik terkecil yaitu sebesar 0,0588 dan mempunyai kemiripan karakter morfologi paling banyak yaitu 94,1176%, sehingga pada koleksi plasma nutfah yang efisien dapat dipilih salah satu.
2. Nilai jarak genetik terbesar dijumpai pada klaster antara pisang Monyet dengan semua pisang lainnya yaitu sebesar 0,17 dengan kemiripan karakter morfologi paling sedikit, yaitu sebesar 83,1169%, sehingga untuk memperbesar peluang terjadinya variasi genetik pada kegiatan pemuliaan, maka pisang Monyet baik digunakan sebagai salah satu tetua.

PUSTAKA

1. BPS. 1997. *Pengeluaran untuk Konsumsi Penduduk Indonesia 1996*. Susenas. Buku 1. Biro Pusat Statistik. Jakarta.
2. IPGRI. 1996. *Discriptors for Banana (Musa spp.)*. International Plant Genetic Resources Institute. Rome. Montpellier. 55 pp.
3. Lamadji, S. 1998. Pemberdayaan sifat morfologi untuk analisis kekerabatan plasma nutfah tebu. *Bull. P3GI*.

- 148:17-31.
4. Pedraza, T.Ramirez, L. González Diaz, J. de la C. Ventura Martin, S. Rodrigues Morales, and J. R Gálves Guerra. 2005. Production of banana and plantain hybrids in Cuba. *InfoMusa*. 4(1):11-12.
 5. Silva, S. de O.e., A.P. de Matos, E. J. Alves and K. Shepherd. 1997. Breeding diploid banana (AA) at EM-BRAPA/CNPMF. *InfoMusa*. 6(2):4-6.
 6. Simmonds, N.W. and Shepherd, K. 1955. The taxonomy and origins of the cultivated bananas. *Lennean Soc Bot*. 55:302-312.
 7. _____ and Weatherup, S.T.C. 1990a. Numerical taxonomy of the wild bananas (*Musa*). *New Phytol*. 115:567-571.
 8. _____ 1990b. Numerical taxonomy of the cultivated bananas (*Musa*). *Trop Agric Trinidad*. 67:90-2.
 9. Sneath, P.H.A. 1976. Phenetic taxonomy at the species level and above. *Taxon*. 25:437-450.
 10. Sokal, R.R. 1961. Distance as a measure of taxonomic similarity. *Systematic Zool*. 10:70-79.
 11. _____ 1963. The principles and practice of numerical taxonomy. *Taxon*. 12:190-199.
 12. _____ 1975. Classification, purposes, principles, progress, prospects. *Sci*. 185:1115-1123.
 13. _____ and Rohlf, F.J. 1962. The comparison of dendogram by objective methods. *Taxon*. 2: 33-40.
 14. Tomekpe, K., C.Henny and J.V. Escalant. 2004. A review of conventional improvement strategies for *Musa*. *InfoMusa*. 13(2):2-5.
 15. Valmayor, R.V., S.H. Jamaluddin, B. Silayoi, S. Kusumo, L.D. Danh, O.C. Pascua and R.R.C. Espino. 1999. Banana Names and Synonyms Workshop: Results and Recommendations. *RISBAP Bull*. 3(6): 1-4.

No. Karakter

| Divisi (Clustera) | Divisi |
|--|--|
| Divisi 1 (Clustera) 1. Divisi 1 (Clustera) 1. Divisi 1 (Clustera) | 1. Divisi 1 (Clustera) 2. Divisi 2 (Clustera) |
| Divisi 2 (Clustera) 1. Divisi 2 (Clustera) 1. Divisi 2 (Clustera) | 1. Divisi 1 (Clustera) 2. Divisi 2 (Clustera) |
| Divisi 3 (Clustera) 1. Divisi 3 (Clustera) 1. Divisi 3 (Clustera) | 1. Divisi 1 (Clustera) 2. Divisi 2 (Clustera) 3. Divisi 3 (Clustera) |
| Divisi 4 (Clustera) 1. Divisi 4 (Clustera) 1. Divisi 4 (Clustera) | 1. Divisi 1 (Clustera) 2. Divisi 2 (Clustera) 3. Divisi 3 (Clustera) 4. Divisi 4 (Clustera) |
| Divisi 5 (Clustera) 1. Divisi 5 (Clustera) 1. Divisi 5 (Clustera) | 1. Divisi 1 (Clustera) 2. Divisi 2 (Clustera) 3. Divisi 3 (Clustera) 4. Divisi 4 (Clustera) 5. Divisi 5 (Clustera) |