

Keragaman Jeruk Gunung Omeh (*Citrus nobilis* Lour.) di Sumatera Barat Berdasarkan Marka RAPD (*The Diversity of Gunung Omeh Citrus (Citrus nobilis* Lour.) in West Sumatera Based on RAPD Marker)

Nirmala Friyanti Devy¹⁾ dan Hardiyanto²⁾

¹⁾Balai Penelitian Tanaman Jeruk dan Buah Subtropika, Jln. Raya Tlekung No. 1, Junrejo, Batu, Jawa Timur, Indonesia 65301

²⁾Pusat Penelitian dan Pengembangan Hortikultura, Jln. Tentara Pelajar No. 3C, Kampus Penelitian Pertanian Cimanggu, Bogor, Jawa Barat, Indonesia 16111

E-mail: nfdevy@gmail.com

Diterima: 9 Januari 2017; direvisi: 11 Oktober 2017; disetujui: 25 Oktober 2017

ABSTRAK. Jeruk siam Gunung Omeh/Gn. Omeh (*Citrus nobilis* Lour.) merupakan jeruk lokal yang berkembang di seluruh sentra jeruk Sumatera Barat. Namun, buah yang ada di pasar sangat beragam fenotipiknya. Tujuan penelitian adalah untuk mengelompokkan sebaran tanaman jeruk Gn. Omeh yang berada pada empat Kabupaten berdasarkan karakter genetik dan morfologi. Penelitian dilakukan pada bulan Januari sampai dengan Juni 2016, dengan 21 contoh daun dan buah berasal dari petani di empat kabupaten pengembangan wilayah jeruk Sumatera Barat (Kabupaten Limapuluh Kota, Agam, Solok Selatan, dan Tanah Datar), dan dua contoh daun kontrol masing-masing asal BPMT dan PIT di Kabupaten Limapuluh Kota. Keragaman morfologi daun dan buah dianalisis dengan Analisis Komponen Utama (*Principal Component Analysis/PCA*). Data yang dihasilkan dianalisis lebih lanjut dengan kluster analisis untuk mengamati pengelompokannya. Hasil penelitian menunjukkan tingkat kemiripan secara genetik 23 contoh jeruk Gn. Omeh yang dianalisis menggunakan dua macam RAPD marker, yaitu OPA 04 dan OPA 18 yang menghasilkan 24 pita, di mana 83,3% adalah polimorfik. Berdasarkan dendrogram yang dihitung menurut UPGMA, 23 contoh daun jeruk secara genetik terbagi menjadi dua kelompok besar. Pada kelompok I, terdapat dua contoh asal Kabupaten Limapuluh Kota, sedangkan 21 contoh sisanya berada pada kelompok II. Pada derajat kemiripan antara 86,5–96%, tanaman PIT mirip dengan A1 dan satu subkelompok dengan S2, A5, T3, T5, dan S1, sedangkan BPMT mirip dengan T4, dan satu subkelompok dengan A4 dan A3. Berdasarkan karakter morfologi pada derajat kemiripan 75%, jeruk Gn. Omeh di Sumatera Barat terbagi menjadi lima kelompok, di mana pada kelompok 1, 3, 4, dan 5 masing-masing adalah contoh L1, T5, S5, dan S2, sedangkan 18 tanaman lainnya masuk di dalam kelompok 2. Dari hasil analisis secara genetik maupun morfologi menghasilkan derajat variasi yang cukup tinggi di antara 23 contoh yang ada. Hal ini menunjukkan bahwa keragaman buah yang ada diduga disebabkan oleh penggunaan benih serta pengelolaan tanaman yang beragam.

Kata kunci: Jeruk (*Citrus nobilis* Lour.); RAPD; Morfologi

ABSTRACT. The Gunung Omeh citrus (*Citrus nobilis* Lour.) is a local citrus growing throughout the citrus center of West Sumatera. However, the fruits available in the market are very diverse phenotypic. The purpose of this study is to classify the spread of citrus cv. Gn. Omeh derived from four districts based on genetic and morphological characters. The study was conducted from January to June 2016, with 21 of leaf and fruit samples collected from four Citrus District Regional Development farmers in the West Sumatera (Limapuluh Kota, Agam, Solok Selatan, and Tanah Datar). Besides that, control leaf samples derived from Budwood Multiplication Block/BPMT and Single Mother Tree/PIT were used. The morphological diversity both leaves and fruits were analyzed by Principal Component Analysis (PCA). The result showed that the level of genetic similarity in 23 samples of orange Gn. Omeh analyzed using two markers RAPD namely OPA 04 and OPA 018 which generate 24 bands, where 83.3% were polymorphic. The resulting data were further analyzed by cluster analysis to observe groupings. Based on the dendrogram calculated according to UPGMA, 23 samples genetically are divided into two major groups. In the first group, there are two samples from Limapuluh Kota, while the remaining 21 samples are in second group. On the degree of similarity between 86.5–96%, PIT similar to the A1 plant and it belong to the same subgroup with S2, A5, T3, T5, S1. While BPMT similar to T4 plant, and it belong to the same subgroup with A4 and A3. Based on morphological characters at a 75% degree of similarity, the Gn. Omeh citrus in West Sumatra is divided into five groups, where the L1, T5, S5, and S2 plant sample belongs to the groups 1, 3, 4, and 5, respectively, while 18 others in Group 2. From the analysis of both genetic and morphological characters, it generates fairly high degree of variation among 23 samples. This shows that the diversity of the marketed is thought to be caused by the use of seed plants and crop cultivated management are diverse.

Keywords: *Citrus nobilis* Lour.; RAPD; Morphological

Jeruk Gunung Omeh (*Citrus nobilis* Lour.) berasal dari Kecamatan Gunung Omeh, Kabupaten Lima Puluh Kota, Provinsi Sumatera Barat. Jenis ini telah dilepas sebagai varietas unggul jeruk Gn. Omeh, berdasarkan SK Mentan Nomor : 79/Kpts/SR.120/I/2008 dengan pohon induk tunggal (PIT) berasal dari kebun milik H.

Yanis. Tanaman PIT merupakan sumber dari tanaman inti (tanaman induk bebas penyakit hasil pembersihan dengan menggunakan teknologi penyambungan tunas pucuk *in vitro*), diperbanyak menjadi tanaman kelas dasar (di Blok Fondasi/BF) dan turunannya menjadi kelas pokok (di Blok Penggandaan Mata Tempel/

BPMT). Secara umum, jeruk ini termasuk dalam kelompok siam, mempunyai citarasa yang manis, segar dengan tingkat kemanisan 10,5–11,5°Brix, bentuk buah bundar pipih, ukuran buah sedang (300–400 g) dan warna kulit kuning. Warna daging buah oranye dengan produktivitas per pohon 50–75 kg/pohon/tahun. Menurut Rajagukguk *et al.* (2013) atribut pada buah jeruk yang menurut konsumen sangat penting adalah rasa dan kesegaran, sedangkan dalam kategori penting adalah warna, harga, kandungan air, kandungan vitamin, aroma, tekstur, dan daya simpan. Apabila dibandingkan dengan sikap konsumen terhadap atribut tersebut maka jeruk siam Gn. Omeh termasuk dalam kategori disukai.

Untuk menjaga kesinambungan kualitas maupun produksi, sesuai dengan alur yang telah ditetapkan maka pada perbanyakan jeruk bebas penyakit mata tempel yang digunakan harus berasal dari BPMT. Dengan dijalankannya sistem ini maka seharusnya jeruk yang ada di suatu pengembangan wilayah akan seragam, baik secara genetik maupun fenotipnya. Namun demikian, jeruk yang menyebar di masyarakat mempunyai banyak keragaman, walaupun secara alami menurut terjadinya keragaman pada jeruk antara lain disebabkan adanya kawin silang, mutasi spontan, serta apomikses.

Keragaman yang tampak pada jeruk Gn. Omeh belum diketahui secara jelas, apakah secara genetik atau dipengaruhi oleh kondisi lingkungan di mana tanaman tersebut berasal. Penggunaan marka molekuler merupakan teknik yang tepat digunakan untuk mengidentifikasi keragaman pada tanaman. Menurut Golein *et al.* (2012) analisis ini dapat digunakan untuk pengelompokan variasi serta hubungan filogenetik antarspesies jeruk.

Pada analisis keragaman genetik banyak metode yang digunakan, antara lain *amplified fragment length polymorphism* (AFLP), *sequence-specific amplified polymorphism* (S-SAP), *selectively amplified microsatellite polymorphic* (SAMPL), dan *simple sequence repeat* (SSR) dengan hasil dendrogram yang mempunyai kemiripan dengan derajat yang tinggi (Biwas *et al.* 2011, El-Mouei *et al.* 2011). *Inter-simple sequence repeat* (ISSR) juga banyak digunakan pada jeruk karena sangat sederhana dalam pelaksanaannya (Zietkiewicz *et al.* 1994, Marak & Laskar 2010, Yuliati *et al.* 2010, Fang *et al.* 1997, Scarano *et al.* 2002).

Selain metode di atas, RAPD juga merupakan salah satu teknik yang banyak digunakan karena relatif lebih mudah, cepat, dan hanya membutuhkan DNA dalam jumlah yang sedikit (Dehesdani *et al.* 2007). Dari berbagai publikasi, RAPD banyak digunakan untuk mendeteksi keragaman suatu varietas jeruk (Sankar *et al.* 2014, Hvarleva *et al.* 2008). Dehesdani *et al.* (2007)

menggunakan metode ini untuk mendeteksi keragaman jeruk manis di Iran; Filho *et al.* (1998) pada jeruk keprok, Maya *et al.* (2012) pada hubungan genetik 15 spesies jeruk di Banglades, Kumar *et al.* (2013) dan Mondal (2014) pada keragaman kultivar jeruk lime, dan Alpaa *et al.* (2010) dapat mengelompokkan jeruk Nipis/Lime berdasarkan resistensi tanaman terhadap kanker yang disebabkan oleh bakteri.

Marka morfologi juga banyak digunakan untuk mengkaji variasi yang terjadi pada jeruk keprok (Ernesto *et al.* 2005), keprok lokal di Buthan (Dorji & Yapwattanaphun 2011), jeruk di daerah Himala (Sharma *et al.* 2004), serta variasi antara keprok Kinnow dan RL lemon (Jaskani *et al.* 2006, Altaf & Khan 2008). Menurut Koehler *et al.* (2003) dan Campos *et al.* (2005) keragaman secara molekuler dan morfologi tidak saling tergantung, hanya saling melengkapi.

Penelitian ini bertujuan untuk mengelompokkan sebaran tanaman jeruk Gn. Omeh yang berada pada empat Kabupaten (Agam, Limapuluh Kota, Tanah Datar, dan Solok Selatan) berdasarkan karakter genetik dan morfologinya. Hipotesis dari penelitian ini adalah dengan ditetapkannya Kawasan Pertanian Tanaman Pangan dan Hortikultura Provinsi Sumatera Barat berdasarkan SK Gubernur Sumbar No. 521.305.2013 serta adanya standar alur perbanyakan benih jeruk bebas penyakit secara nasional maka secara genetik maupun morfologi, tanaman dan buah jeruk Gn. Omeh di Sumatera Barat mempunyai kualitas yang relatif seragam karena berasal dari turunan induk PIT dan BPMT yang sama.

BAHAN DAN METODE

Waktu dan Tempat

Penelitian dilakukan pada bulan Januari sampai dengan Juni 2016, dengan menggunakan 22 contoh daun dan buah jeruk Siam Gunung Omeh yang berasal dari petani di empat Kabupaten Pengembangan Wilayah Jeruk Sumbar, yaitu Kabupaten Limapuluh Kota (lima contoh), Agam (lima contoh), Solok Selatan (tujuh contoh), Tanah Datar (lima contoh), dan satu contoh lainnya merupakan kontrol, di mana daunnya dari (BPMT) yang berada di kebun H. Yanis, Kecamatan Gn. Omeh, Kabupaten Limapuluh Kota (Tabel 1).

Contoh L3 (berasal dari tanaman PIT) merupakan kontrol karena tanaman ini merupakan induk pertama tanaman jeruk Gn. Omeh yang diambil sebagai tanaman inti, yaitu tanaman induk bebas penyakit yang dihasilkan dengan menggunakan teknologi

penyambungan tunas pucuk *in vitro*, diperbanyak menjadi tanaman kelas dasar (BF) dan turunannya menjadi kelas pokok (BPMT).

Analisis Genetik

Analisis genetik dilakukan dengan cara mengisolasi dan mengamplifikasi DNA dengan primer RAPD. Analisis dilakukan pada 23 contoh daun jeruk siam Gn. Omeh. Daun jeruk yang masih segar dicuci sampai bersih dan permukaannya disterilkan dengan menggunakan alkohol 70%. Ekstraksi DNA dilakukan dengan menggunakan contoh daun segar sebanyak 0,2 g dilakukan menggunakan metode Doyle & Doyle (1990) yang telah dimodifikasi. Dua macam primer digunakan dalam metode RAPD, yaitu OPA 04 dan OPA 18. Adapun amplifikasi contoh DNA dilakukan dengan urutan sebagai berikut:

Program mesin PCR adalah satu siklus denaturasi suhu 95°C selama 2 menit, diikuti dengan 45 siklus denaturasi suhu 95°C selama 1 menit, *annealing* suhu 35°C selama 1 menit, dengan ekstensi suhu 72°C selama 1 menit. Siklus PCR untuk penanda RAPD ini diakhiri dengan satu siklus ekstensi akhir dengan suhu 72°C selama 5 menit. Reaksi PCR dilaksanakan dengan volume 25 µl menggunakan 12,5 µl GoTaq®

Green Master Mix (Promega), 2 µl DNA genom (setara 10 ng) sebagai cetakan DNA, 2 µl primer (OPA 04 atau OPA 18) dengan kepadatan 10 µM, dan ddH₂O sebanyak 8,5 µl.

Pemisahan pita DNA hasil amplifikasi dilakukan dengan metode elektroforesis pada gel agarose 1,5% yang mengandung etidium bromide (10 mg/l) di dalam larutan 0,5 x TBE selama 40 menit pada kekuatan arus 100 volt. Deteksi pita DNA dilakukan dengan sistem biodokumentasi.

Skoring dan Analisis Dendrogram

Skoring pita DNA dilakukan berdasarkan keberadaan pita DNA pada setiap tanaman. Pita-pita DNA yang terbentuk dari hasil analisis molekuler *marker* dianggap sebagai satu karakter yang mewakili satu lokus DNA. Pita-pita DNA dengan laju migrasi yang sama diasumsikan sebagai lokus yang homolog. Profil DNA tersebut selanjutnya diterjemahkan ke dalam data biner berdasarkan kehadiran pita DNA (1) dan tidak ada pita DNA (0) untuk membangun matriks kemiripan. Pengelompokan di dalam dendrogram dihitung menurut UPGMA menggunakan metode SAHN pada program NTSys-PC versi 2,10 (Rohlf 1992).

Tabel 1. Nama dan asal daun contoh jeruk siam Gn. Omeh (*Name and origin of sample leaf of Gn. Omeh tangerine*)

Kode (Code) contoh	Lokasi (Locations)			Nama petani (Farmer)	Umur tanaman (Plant age)	Keterangan (Remark)
	Kabupaten (District)	Kecamatan (Subdistrict)	Asal benih (Origin)			
L1	Limapuluh Kota	Gunung Omeh	Pandan Godang	Darianis	4	-
L2			Jorong Lakuang	Epi	5	-
L3			Jorong Lakuang	H. Yanis	30	PIT
L4		Lima Nagari	Situjuh Banda Dalam	Yulni E.	3,5	-
L5			Situjuh Banda Dalam	H. Fahri	3,5	-
T1	Tanah Datar	Kec. X Koto	Keltan Fajar Harapan	Syafrizal st T.	9	-
T2			Keltan Maju Bersama	Syafrizal	9	-
T3			Keltan Maju Bersama	Devi	4	-
T4			Keltan Kabun Gadang	Aldoni	4	-
T5			Keltan Kabun Gadang	Amril st P.	5	-
A1	Agam	Kamang Magek	Keltan Ingin Maju	H. Akmal	6,5	-
A2			Keltan Ingin Maju	Nirman	4	-
A3			Keltan Ingin Maju	Mak Ciak	6	-
A4		Kamang Gaduik	Keltan Pauah Saiyo	M. Masir	7	-
A5			KeltanT. Pondan Gadang	Dt simarajo	7	-
BP	Limapuluh Kota	Gunung Omeh	Jorong Lakuang	H. Yanis	4	BPMT
S1	Solok Selatan	Sangir	Bantuan Dinas	M. Rusdi	2,3	-
S2			Bantuan Dinas	Riki	2,5	-
S3		Pauh Duo	Bantuan Dinas	Endar Yanto	8	-
S4		Sei Pagu	Bantuan Dinas	Lismiarti	3,5	-
S5			Bantuan Dinas	Ros	3,5	-
S6			Bantuan Dinas	Nurwinsyah	3,5	-
S7			Bantuan Dinas	Armen	3,5	-

Jaccard Coefficient

Dihitung untuk menduga tingkat kemiripan antar contoh tanaman, dengan rumus $S_{ij} = a+d/a+b+c$, di mana, S_{ij} = tingkat kemiripan antara dua individu i dan j , a = jumlah pita yang ada baik pada i dan j , b = jumlah pita yang ada pada i dan absen di j , c = jumlah pita yang ada pada j dan absen di i , dan d = jumlah pita yang absen baik di i dan j .

Analisis Keragaman Morfologi

Morfologi daun dan buah yang diamati adalah panjang dan lebar daun tua, jumlah juring, tinggi, diameter buah, jumlah biji, jumlah biji abortus, dan ketebalan kulit buah

Analisis data menggunakan metode Analisis Komponen Utama/*Principal Component Analysis (PCA)* serta Analisis Gerombol/*Cluster Analysis*. Data dianalisis dengan bantuan *software Multivariate* program Minitab 16. PCA digunakan untuk analisis kluster dengan metode jarak Euclides, sedangkan analisis kluster dilakukan berdasarkan komponen utama yang dihasilkan.

HASIL DAN PEMBAHASAN

Hubungan Genetik di Antara Siam Gunung Omeh di Sumbar

Berdasarkan hasil amplifikasi DNA, penanda OPA 04 dan OPA 18 mampu mengenali daerah sekuen RAPD yang ada pada genom jeruk pada frekuensi dan kuantitas yang berbeda. Dari hasil amplifikasi DNA 23 contoh daun jeruk Gn. Omeh dan Madu, dihasilkan total pita DNA sebanyak 24, di mana 83,3% (20 pita) tersebut adalah polimorfis (Tabel 2), dengan pola pita pada Gambar 4 dan 5.

Dari hasil analisis kluster (Gambar 3), didapat bahwa 23 tanaman jeruk Gn. Omeh yang berasal dari empat kabupaten terbagi menjadi dua kelompok besar. Dua contoh tanaman asal Limapuluh Kota (L1 dan L4) berada dalam kelompok I, sedangkan 21 sisa contoh lainnya berada pada kelompok II.

Pada kelompok II terdiri dari dua subkelompok, umumnya jeruk yang berasal dari suatu kabupaten

tidak berada dalam satu kluster, misalnya pada sub kelompok IIA contoh tanaman yang ada adalah berasal dari Limapuluh Kota dan Solok Selatan (L2 dan S6), sedang sisa contoh lainnya berada pada subkelompok IIB.

Pada subkelompok IIB, tingkat kemiripan yang maksimum (96%) terdapat pada tanaman PIT (L3) dengan A1 serta tanaman BPMT (BP) dengan T4. Lebih jauh lagi (86,5%), tanaman S2, A5, T3, T5, S1, dan S3 berada dalam satu subgrup dengan tanaman PIT (L3). Selain T4, tanaman yang berada dalam satu subgrup dengan BPMT (BP) adalah A4 dan A3.

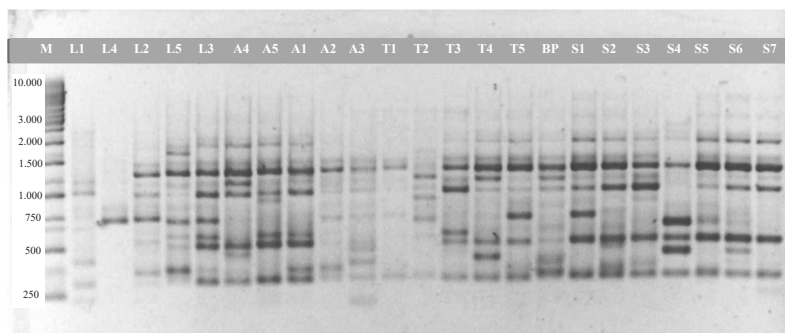
Dengan adanya penyebaran kemiripan antara PIT dengan tujuh contoh lainnya yang berasal dari tiga kabupaten (Solok Selatan, Agam, dan Tanah Datar), diduga pada proses perbanyakan benihnya, sumber mata tempel yang dipakai oleh para penangkar-penangkar tersebut diambil dari tanaman PIT atau turunannya (tanaman yang teridentifikasi). Berbeda dengan penyebaran mata tempel dari PIT, penyebaran mata tempel asal BPMT tidak terlalu luas, hanya pada Kabupaten Tanah Datar dan Agam saja.

Berdasarkan lokasi pertumbuhan, tanaman contoh lainnya yang berasal dari satu Kabupaten tidak selalu dalam satu kluster, padahal perbanyakan benih dilakukan secara vegetatif. Hal ini menjelaskan bahwa setiap petani contoh mendapatkan benih jeruk dari berbagai penangkar yang menggunakan sumber mata tempel yang berbeda sehingga secara genetik tanaman jeruk Gn. Omeh yang telah berkembang mempunyai keragaman. Hal ini didukung oleh pendapat Das *et al.* (2004), di mana dari 25 klon contoh tanaman jeruk keprok yang berasal dari jaringan nuselar, dengan menggunakan teknik RAPD keragaman pada tanaman juga terdeteksi, di mana kemiripan secara genetik maksimal pada 65%, sedangkan ketidakmiripan minimal dicapai pada 11%. Dengan teknologi yang sama, Sankar *et al.* (2014) juga berhasil memisahkan klon-klon yang berbeda dalam satu varietas jeruk manis.

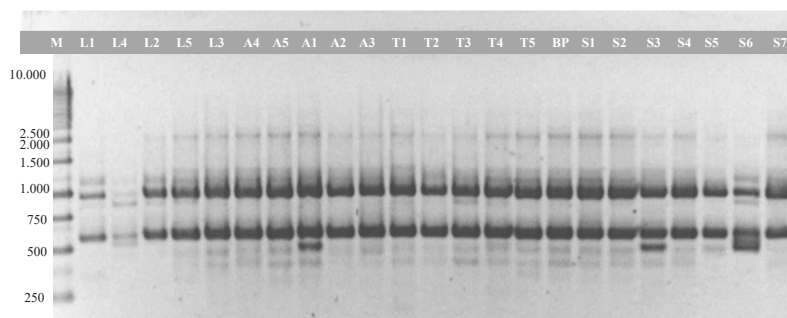
Jaccard coefficient (S_{ij}) digunakan untuk menduga tingkat kemiripan antarindividu. Secara genetik, tingkat kemiripan antarindividu tanaman jeruk Gn. Omeh di Sumatera Barat hanya sedang dengan rerata nilai S_{ij} dari 23 contoh tanaman adalah 0,687. Secara

Tabel 2. Primer dan jumlah lokus hasil amplifikasi penanda OPA 04 dan OPA 18 (*Primer and number locus of marker amplification OPA 04 and OPA 18 result*)

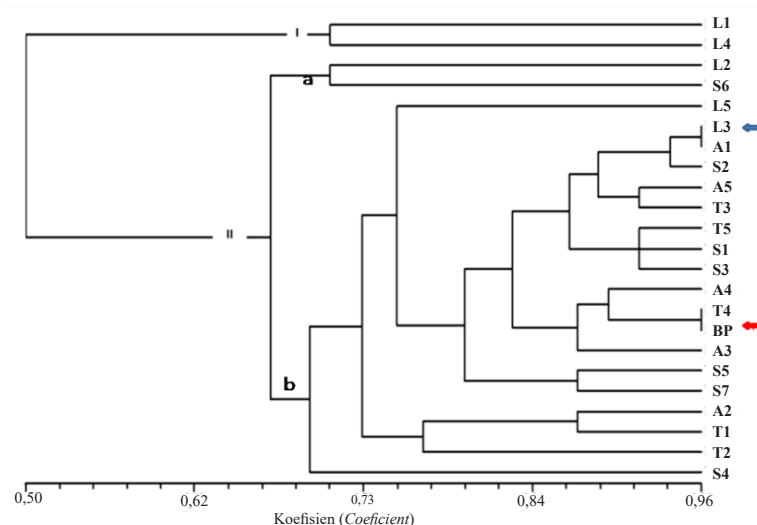
Primer	Sequence (5'-3')	Total lokus (<i>Locus total</i>)	Lokus polimorfik (<i>Polymorphic locus</i>)	% Polimorfik
OPA 04	AATCGGGCTG	16	16	100
OPA 18	AGGTGACCGT	6	4	66,6
Total		22	20	83,3



Gambar 1. Gel dengan menggunakan primer OPA 04 (*Gel used primary OPA 04*)



Gambar 2. Gel dengan menggunakan primer OPA 18 (*Gel used primary OPA 18*)



Gambar 3. Dendrogram pengelompokan 23 jeruk Gn. Omeh di Sumatera Barat (*Dendrogram of 23 Gn. Omeh citrus classification in Sumatera Barat*)

individu diperoleh bahwa yang mempunyai tingkat kemiripan paling rendah adalah antara L2 dengan BPMT (0,318) dan diikuti oleh L2 dengan T1, T2, dan T3 (0,364), sedangkan tingkat kemiripan individu yang sangat tinggi diperoleh antara S4 dengan L5, S3 dengan A3 dan BPMT, BPMT dengan A4, serta S2 dengan S1 (0,909) (Tabel 3). Menurut Filho *et al.* (1998), di antara jenis-jenis jeruk yang ada, tingkat kemiripan genetik yang paling tinggi terjadi pada jeruk keprok, di mana dari 35 aksesi yang diuji, nilai minimum koefisien Jaccard yang diperoleh adalah 0,77.

Hubungan Morfologi di Antara Siam Gunung Omeh di Sumbar

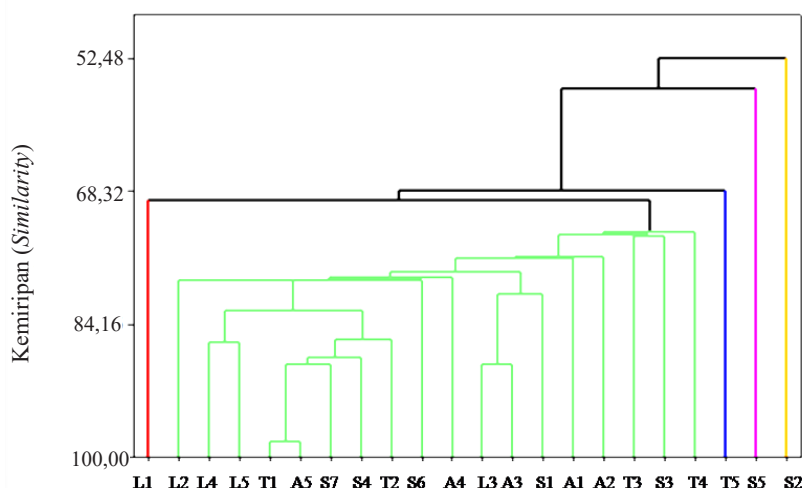
Dari hasil analisis 22 contoh tanaman (BPMT tidak termasuk karena tanaman tidak berbuah), didapat empat sumbu komponen utama (PC) yang mempunyai *total initial eigen values*/nilai akar ciri dari 0,99 – 2,30 yang berkontribusi terhadap total keragaman sebesar 78,2 %. Pada PC1, PC2, PC3, dan PC4 masing-masing memberi kontribusi kepada keragaman morfologi sebesar 28,8; 22,5; 14,4; dan 12,5%. Faktor-faktor penentu yang mendukung terjadinya keragaman

Tabel 3. Koefisien Jaccard dari 23 contoh jeruk Gn. Omeh berdasarkan polimorfis yang diperoleh dari dua primer (Jaccard coefficient from 23 sample of Gn. Omeh citrus based on polymorphism from two primary)

	L1	L2	L3	L4	L5	T1	T2	T3	T4	T5	A1	A2	A3	A4	A5	BP	S1	S2	S3	S4	S5	S6	S7
L1	1																						
L2	0,682	1																					
L3	0,727	0,682	1																				
L4	0,545	0,591	0,818	1																			
L5	0,565	0,500	0,727	0,727	1																		
T1	0,591	0,364	0,682	0,591	0,773	1																	
T2	0,591	0,364	0,682	0,682	0,773	0,818	1																
T3	0,591	0,364	0,591	0,591	0,773	0,727	0,818	1															
T4	0,636	0,591	0,727	0,636	0,545	0,500	0,591	0,682	1														
T5	0,500	0,455	0,591	0,591	0,682	0,636	0,636	0,727	0,864	1													
A1	0,591	0,636	0,773	0,773	0,773	0,727	0,727	0,727	0,773	0,818	1												
A2	0,727	0,682	0,636	0,545	0,455	0,500	0,591	0,591	0,818	0,682	0,682	1											
A3	0,545	0,409	0,636	0,636	0,818	0,773	0,864	0,864	0,545	0,591	0,773	0,545	1										
A4	0,636	0,409	0,727	0,636	0,727	0,955	0,864	0,773	0,545	0,591	0,773	0,545	0,818	1									
A5	0,591	0,364	0,682	0,591	0,682	0,727	0,818	0,818	0,773	0,818	0,727	0,591	0,682	0,727	1								
BP	0,545	0,318	0,636	0,636	0,727	0,864	0,955	0,727	0,545	0,591	0,682	0,545	0,818	0,909	0,773	1							
S1	0,545	0,409	0,727	0,727	0,818	0,773	0,864	0,864	0,636	0,636	0,773	0,545	0,818	0,818	0,864	0,818	1						
S2	0,636	0,409	0,727	0,727	0,818	0,773	0,864	0,864	0,636	0,682	0,773	0,455	0,818	0,818	0,864	0,818	0,909	1					
S3	0,545	0,409	0,636	0,636	0,818	0,773	0,955	0,773	0,636	0,682	0,773	0,636	0,909	0,818	0,773	0,909	0,818	0,818	1				
S4	0,455	0,591	0,636	0,727	0,909	0,682	0,682	0,682	0,545	0,682	0,773	0,545	0,727	0,636	0,591	0,636	0,727	0,727	0,727	1			
S5	0,591	0,636	0,773	0,682	0,864	0,636	0,727	0,727	0,591	0,545	0,727	0,500	0,773	0,682	0,636	0,682	0,773	0,773	0,773	0,818	1		
S6	0,591	0,545	0,682	0,545	0,773	0,773	0,727	0,636	0,500	0,545	0,636	0,409	0,682	0,682	0,636	0,682	0,773	0,773	0,682	0,682	0,818	1	
S7	0,682	0,545	0,864	0,773	0,773	0,727	0,818	0,727	0,682	0,500	0,727	0,591	0,773	0,773	0,727	0,773	0,864	0,864	0,773	0,682	0,818	0,818	1

Tabel 4. Jarak antara kelompok (*Distance between groups*)

	Kelompok (Group) 1	Kelompok (Group) 2	Kelompok (Group) 3	Kelompok (Group) 4	Kelompok (Group) 5
Kelompok (Group) 1	-	2,70	4,55	4,10	3,10
Kelompok (Group) 2	2,70	-	2,37	3,24	2,90
Kelompok (Group) 3	4,55	2,37	-	2,36	4,31
Kelompok (Group) 4	4,10	3,24	2,36	-	3,66
Kelompok (Group) 5	3,10	2,90	4,31	3,66	-



Gambar 4. Dendrogram morfologi 22 jeruk Gn. Omeh Sumbar (*Morphology dendrogram of 22 Gn. Omeh citrus of Sumbar*)

berasal dari karakter tinggi buah (PC1), panjang, dan lebar daun tua (PC2), jumlah biji, dan biji yang abortus (PC3), serta ketebalan kulit buah (PC4).

Berdasarkan karakter utama ini, dihasilkan dendrogram dengan lima kelompok tanaman berdasarkan derajat kemiripan 75%, dengan jarak kemiripan terjauh antara kelompok 1 dengan 3, dan yang terdekat antara kelompok 2 dengan 3. Anggota kelompok 1, 3, 4, dan 5 masing-masing adalah L1, T5, S5, dan S2, sedangkan 18 tanaman lainnya masuk di dalam kelompok 2 (Gambar 4, Tabel 4).

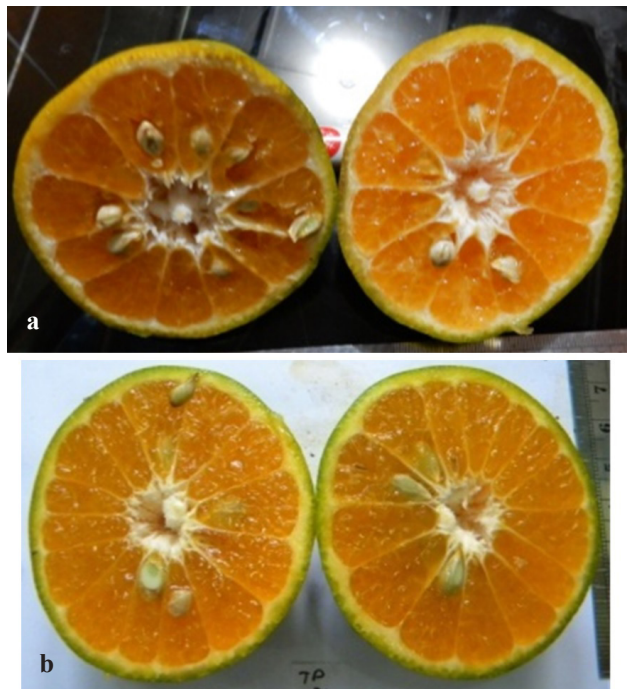
Berdasarkan Tabel 4, secara morfologi tanaman yang mempunyai kemiripan terjauh adalah antara kelompok I dengan kelompok III (atau L1 dengan T5). Dua tanaman ini secara morfologi dan genetik (Gambar 3 dan 4) tidak berada dalam satu kluster, di mana keduanya mempunyai kemiripan genetik dan morfologi masing-masing sebesar 68,3% dan 50%, kondisi ini diekspresikan oleh buah yang dihasilkannya, di mana pada L1 jumlah biji yang ada relatif lebih banyak dibandingkan pada T5 (Gambar 5a).

Pada dendrogram yang terbentuk, tanaman PIT (L3) secara genetik menjadi satu subkluster dengan A1 (Gambar 3) dan secara morfologi satu subkluster dengan A3 (Gambar 4), dengan tingkat kemiripan

genetik antara L3-A1 dan L3-A3 masing-masing sebesar 96% dan 82,7%. Namun, secara morfologi tingkat kemiripannya terbalik, di mana antara tanaman PIT (L3) dengan A3 mempunyai kemiripan 89%, tetapi dengan A1 hanya 76,2%, sedangkan berdasarkan Tabel 3 antara A3 dengan A1 mempunyai tingkat kemiripan morfologi sebesar 77,3% (Gambar 6). Dengan adanya kemiripan yang tinggi, tanaman-tanaman ini bisa dikembangkan pada daerah yang sama dengan hasil buah yang relatif seragam.

Keragaman fenotipik yang dihasilkan oleh buah selain disebabkan adanya keragaman genetik diduga juga disebabkan adanya cara pengelolaan serta ketinggian lokasi pertanaman yang berbeda. Menurut Chelong & Sdoodee (2013), perkembangan buah pada jeruk dipengaruhi oleh lokasi, di mana perkembangannya bertambah cepat pada lokasi dengan suhu yang relatif lebih tinggi. Selain itu, perbedaan faktor curah hujan, evaporasi, dan kelembapan tanah yang menyebabkan kekurangan kandungan air juga berpengaruh pada pertumbuhannya.

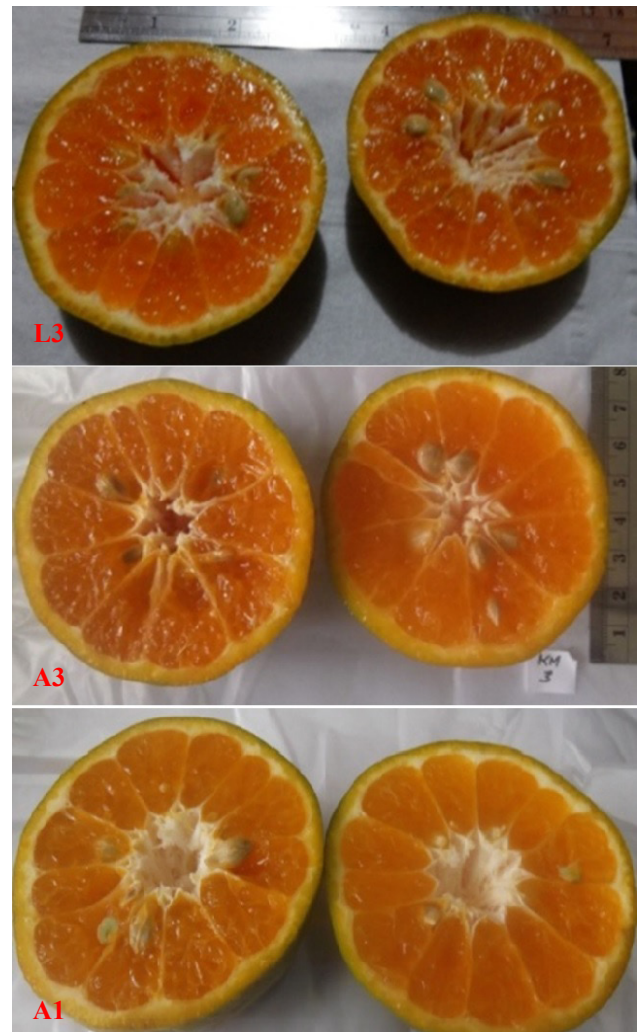
Menurut Ahmad *et al.* (2006), perlakuan pemangkasan berat pada tanaman jeruk Kinnow akan mendorong tanaman memproduksi secara maksimal, meningkatkan kualitas buah serta warna buah. Pada tanaman jeruk keprok (Rokaya *et al.* 2016), ketinggian



Gambar 5a. Jarak kemiripan terjauh antara L1 (a) dengan T5 (b) [*The longest similarity distance between L1 (a) with T5 (b)*]

lokasi antara 1.000 – 1.300 m dpl. menghasilkan produksi yang optimal dengan kualitas buah dan kandungan jus yang optimal juga. Pada lokasi yang lebih rendah, tingkat pemasakan buah relatif lebih cepat dengan perbandingan *total soluble solids* (TSS) atau °Brix dengan asam pada buah secara nyata meningkat. Peningkatan kadar TSS yang terdiri dari 80% gula (glukose, fruktose, dan sukrose), 10% asam (sitrat, asam malik, dan oksalik), serta 10% komponen yang mengandung nitrogen (asam amino) merupakan salah satu tanda dari kemasakan buah, selain itu juga terjadi akumulasi warna, kandungan gula, dan jus pada buah dengan diiringi berkurangnya kandungan keasamannya (Lado *et al.* 2014)

Kenaikan temperatur udara cenderung lebih tinggi pada lokasi rendah, hal ini berpengaruh pada kecepatan perkembangan tanaman, karena siklus tanaman untuk mencapai fase berbunga dipengaruhi oleh jumlah suhu yang diterima tanaman atau akumulasi *growing degree-days* (GDD). Walaupun GDD yang diterima tanaman relatif lebih tinggi, namun dapat juga kadar TSS tidak ikut meningkat, hal ini diduga dipengaruhi oleh tingginya curah hujan dan kelembapan tanah pada saat fase pemasakan buah. Pada kondisi tersebut, cadangan karbohidrat yang ada pada tanaman tidak mencukupi untuk mensintesa gula pada buah, karena sebagian telah terpakai pada fase awal vegetatif, sedangkan pada fase generatif, dengan lingkungan yang tidak kondusif



Gambar 6. Buah jeruk Gn. Omeh asal L3 (PIT), A3, dan A1 [*Gn. Omeh citrus origin L3 (PIT, A3, and A1)*]

maka karbohidrat yang terbentuk juga tidak optimal (Chelong & Sdoodee 2013).

Temperatur lingkungan yang dipengaruhi oleh ketinggian lokasi, akan berpengaruh pada derajat warna yang dihasilkan pada buah jeruk. Pada jenis lemon, suhu di bawah 15°C akan mendorong terjadinya proses *degreening* secara alamiah sehingga kulit buahnya akan berwarna kuning merata (Manera *et al.* 2012). Pada lingkungan yang hangat atau panas, akan mendorong terjadinya proses kehilangan klorofil pada tanaman serta menghambat terjadinya proses pembentukan karotenoid. Keadaan ini akan mengakibatkan warna kulit buah menjadi relatif tetap hijau dan pucat. Di sisi lain, kondisi udara dingin, akan mendorong terjadinya perubahan warna yang menarik pada buah jeruk. Menurut Stewart & Wheaton (1971), pembentukan warna yang optimal pada jeruk disebabkan meningkatnya kadar *kriptoxantin* (pigmen orange-merah) dan β -*citraurin* (pigmen merah).

Selain memengaruhi warna, temperature udara juga berpengaruh terhadap ketebalan kulit. Walaupun tahapan proses fisiologisnya belum diketahui secara jelas, pada kenyataannya semakin rendah temperatur akan menginduksi kulit buah yang semakin tebal (Cohen *et al.* 1972).

KESIMPULAN DAN SARAN

Jeruk siam Gn. Omeh di kawasan pengembangan Sumatera Barat berdasarkan karakter genetik terbagi menjadi dua kelompok besar, di mana pada Kelompok I terdiri dari dua contoh asal Kabupaten Limapuluh Kota (L1 dan L4) dan 21 contoh lainnya (dua asal Limapuluh Kota, lima asal Tanah Datar, lima asal Agam, dan tujuh asal Solok Selatan) masuk pada Kelompok II.

Pada Kelompok II, contoh tanaman yang berasal dari satu kabupaten tidak berada dalam satu subkelompok.

Pada derajat kemiripan antara 86,5–96%, tanaman PIT mirip dengan A1 dan satu subkelompok dengan S2, A5, T3, T5, S1, sedangkan BPMT mirip dengan T4, dan satu subkelompok dengan A4 dan A3.

Berdasarkan karakter morfologi, pada derajat kemiripan 75% jeruk Gn. Omeh di Sumatera Barat terbagi menjadi lima kelompok, di mana anggota Kelompok 1, 3, 4, dan 5 masing-masing adalah L1, T5, S5, dan S2, sedangkan 18 tanaman lainnya masuk di dalam kelompok dua.

Tanaman yang mempunyai kemiripan buah mendekati preferensi konsumen (tanaman asal PIT/L3) adalah A1 dan A3 yang berasal dari Kabupaten Agam

Informasi hasil penelitian ini dapat menjadi acuan bahwa penggunaan benih yang benar dan berlabel sangat dianjurkan, karena akan menjamin keseragaman varietas, dan mengurangi keragaman kualitas buah yang dihasilkan dan dipasarkan.

DAFTAR PUSTAKA

- Ahmad, S, Chatha, ZA, Nasir, MA, Aziz, A, Virk, NA & Khan, AR 2006, 'Effect of Pruning on the yield and quality of Kinnow fruit', *J. Agri. Soc. Sci.*, vol. 2, no. 1, pp. 51-3.
- Alpaa, K, Gopal, K, Gopi, V, Aliya, S, Sreenivasulu, B & Purushotham, K 2010, 'Finger printing of acid lime varieties and clones having varied resistance to bacterial canker, using RAPD marker', *Archives of Phytopathology and Plant Protection*, vol. 43, no. 7, pp. 624-33.
- Altaf, N & Khan, AR 2008, 'Variation within Kinnow (*Citrus reticulata*) and Rough Lemon (*Citrus jambhiri*)', *Pak. J. Bot.*, vol. 40, no. 2, pp. 589-98.
- Biwas, MK, Chai, L, Amar, MH, Zhang, X & Deng, X 2011, 'Comparative analysis of genetic diversity in citrus germplasm collection using AFLP, SSAP, SAMPL, and SSR markers', *Scientia Horticulturae*, vol. 129, pp. 798-803.
- Campos, ET, Espinosa, MAG, Warburton, ML, Varela, AS & Monter, AV 2005, 'Characterization of mandarin (*Citrus* spp.) using morphological and AFLP markers', *Interciencia*, vol. 30, no. 11, pp. 687-93.
- Chelong, I-a & Sdoodee, S 2013, 'Effect of climate variability and degree-day on development, yield and quality of Shogun (*Citrus reticulata* Blanco) in Southern Thailand', *J. (Nat.Sci.)*, vol. 47, pp. 333-41.
- Cohen, A, Lomas, J & Rassis, A 1972, 'Climatic effects on fruit shape and peel thickness in 'Marsh seedless' grapefruit', *J. Am. Soc. Hort. Sci.*, vol. 97, pp. 768-71.
- Das, A, Mondal, B, Sakar, J & Chaudhury 2004, 'RAPD profiling of some elite clones of mandarin orange (*Citrus reticulata* Blanco) in the North Eastern Himalayan Region of India', *The Journal of Horticultural Science and Biotechnology*, vol. 74, no. 6, pp. 850-54.
- Dehesdani, A, Kazemitabar, SK & Rahimian 2007, 'Assessment of genetic diversity of Navel sweet orange cultivars grown in Mazandaran Province using APP markers', *Asian Journal of Plant Science*, vol. 6, no. 7, pp. 1119-24.
- Dorji, K & Yapwattanaphun, C 2011, 'Assessment of morphological diversity for local mandarin (*Citrus reticulata* Blanco.) accessions in Bhutan', *Journal of Agricultural Technology*, vol. 7, no. 2, pp. 485-95.
- Doyle, JJ & Doyle, JL 1990, 'Isolation of plant DNA from fresh tissue', *Focus*, vol. 12, pp. 13-5.
- El-Mouei, R, Choumane, W & Dway, F 2011, 'Molecular characterization and genetic diversity in genus citrus in Syria', *Int. J. Agric. Biol.*, vol. 13, pp. 351-6.
- Ernesto, TC, Espinosa, G, Alejandra, M, Warburton, ML, Amalio, SV & Ángel, VM 2005, 'Characterization of mandarin (*Citrus* spp.) using morphological and AFLP markers', *Interciencia*, vol. 30, no. 11, pp. 687-93.
- Fang, DQ, Roose, ML, Krueger, RR & Federici, CT 1997, 'Finger printing trifoliate orange germ plasm accessions with isozymes, RFLPs, and inter-simple sequences repeat markers', *Theoretical and Applied Genetics*, vol. 95, pp. 211-9.
- Filho, HDC, Machado, MA, Targon, MLPN, Moreira, MCPQDG & Pompeu, JJr 1998, 'Analysis of the genetic diversity among mandarins (*Citrus* spp.) using RAPD markers', *Euphytica*, vol. 102, pp. 133-9.
- Golein, B, Bigonah, M, Azadvar, M & Golohammadi, M 2012, 'Analysis of genetic relationship between 'Bakraee (*Citrus* sp.) and some known citrus genotype through SSR and PCR-RFLP markers', *Scientia Horticulturae*, vol. 148, pp. 147-53.
- Hvarleva, T, Kapari-Isaia, T, Papayiannis, L, Atanassov, A, Hadjinicola, A & Kyriakou, A 2008, 'Characterization of citrus cultivars and clones in Cyprus through microsatellite and RAPD analysis', *Biotechnology & Biotechnological Equipment*, vol. 22, no. 3, pp. 787-94.
- Jaskani, MJ, Abbas, H, Khan, MM, Shahid, U & Hussain, Z 2006, 'Morphological description of three potential citrus rootstocks', *Pak. J. Bot.*, vol. 38, no. 2, pp. 311-7.
- Koehler-Santos, P, Dornelles, ALC & Freitas, LBd 2003, 'Characterization of mandarin citrus germplasm from Southern Brazil by morphological and molecular analysis', *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, vol. 38, no. 7, <<http://dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2003000700003>>.

20. Kumar, M, Parthiban, S, Saraladevi, D & Ponnuswami, V 2013, 'Genetic diversity analysis of acid lime (*Citrus aurantifolia* Swingle) cultivars', *The Bioscan*, vol. 8, no. 2, pp. 481-4.
21. Lado, J, Rodrigo, MJ & Zacarias, L 2014, 'Maturity indicators and citrus fruit quality', *Stewart Postharvest Review*, vol. 2, no. 2, pp. 1-7.
22. Manera, J, Brotons, JM, Conesa, A & Porras, I 2012, 'Relationship between air temperature and degreening of lemon (*Citrus lemon* L. Burm. f.) peel color during maturation', *Australian Journal of Crop Science*, vol. 6, no. 6, pp. 1051-8.
23. Marak, CK & Laskar, MA 2010, 'Analysis of phenetic relationship between *Citrus indica* Tanaka and a few commercially important citrus species by ISSR marker', *Sci. Hort.*, vol. 124, pp. 345-348.
24. Maya, MA, Rabbani, MG, Mahboob, MG & Matsubara, Y 2012, 'Assessment of genetic relationship among 15 citrus fruits using RAPD', *Asian Journal of Biotechnology*, vol. 4, no. 1, pp. 30-7.
25. Mondal, B, Pramanick, S & Saha, R 2014, 'Application of RAPD technique for molecular marking of lime (*Citrus aurantifolia*) genotypes of West Bengal', *European Journal of Biotechnology and Bioscience*, vol. 2, no. 6, pp. 53-8.
26. Rajagukguk, MJ, Sayekti, WD & Situmorang, S 2013, 'Sikap dan pengambilan keputusan konsumen dalam membeli buah jeruk lokal dan jeruk impor di Bandar Lampung', *JIIA*, vol. 1, no. 4, pp. 351-7.
27. Rohlf, FJ 1992, *NTSYS-pc: Numerical taxonomy and multivariate analysis system*, version 1.7, Exeter Software, Setauket, NY.
28. Rokaya, PR, Baral, DR, Gautam, DM, Shrestha, AK & Paudyal, KP 2016, 'Effect of altitude and maturity stages on quality attributes of mandarin (*Citrus reticulata* Blanco)', *American Journal of Plant Sciences*, vol. 7, 958-66.
29. Sankar, TG, Gopi, V, Deepa, B & Gopal, K 2014, 'Genetic diversity analysis of sweet orange (*Citrus sinensis* Osbeck) varieties/clones through RAPD markers', *Int. J. Curr. Microbiol. App. Sci.*, vol. 3, no. 4, pp. 75-84.
30. Scarano, MT, Abbate, ML, Ferrante, S, Lucretti, S & Tusa, N 2002, 'ISSR - PCR technique: A usefull method for characterizing new allotetraploid somatic hybrid of Mandarin', *Plant Cell Reports*, vol. 20, pp. 1162-6.
31. Sharma, BD, Hore, DK & Gupta, SG 2004, 'Genetic resources of citrus of North-Eastern India and their potential use', *Genet Resour Crop Evol*, vol. 51, pp. 411-8.
32. Stewart, I & Wheaton, TA 1971, 'Effects of ethylene and temperature on carotenoids pigmentation of citrus peel', *Florida Agriculture Experiment Stations Journal Series*, no. 4151, pp. 264-6.
33. Yulianti, Y, Martasari, C, Karsinah & Hartanto, T 2010, 'Variasi genetik jeruk keprok SoE (*Citrus reticulata* Blanco) hasil radiasi sinar gamma menggunakan penanda ISSR', *Buletin Plasma Nuffah*, vol. 16, no. 2, pp. 134-9.
34. Zietkiewicz, E, Rafalski, A & Labuda, D 1994, 'Genome fingerprinting by simple sequence repeats (ssr) - anchored polymerase chain reaction amplification', *Genomic*, vol. 20, pp. 176-83.