

# KERAGAMAN GENETIK BEBERAPAKLON DURIAN (*Durio zibethinus* Murray) ASAL JAWA BARAT BERDASARKAN SIDIK RANDOM AMPLIFIED POLIMORPHIC DNA<sup>1</sup>

[Genetic Diversity of Durian (*Durio zibethinus* Murray) from West Java Based on Random Amplified Polymorphic DNA Fingerprint]

Kusumadewi Sri Yulita<sup>213\*</sup> dan Muna Murnianjari<sup>3</sup>

<sup>2</sup>Pusat Penelitian Biologi-LIPI, Raya Bogor Km. 46, Cibinong 16911

<sup>3</sup>FMIPA Universitas Negeri Jakarta

•email: yulita.kusumadewi@gmail.com

## ABSTRACT

Durian (*Durio zibethinus*) is one of the most popular tropical fruits in SE Asia. Indonesia has several local clones that have not yet been widely introduced to local fruit markets. This present study aimed to assess genetic diversity of 17 clones of durian from West Java based on RAPD fingerprints. Thirty RAPD's primers were initially screened and four were selected for the analysis. These four primers (OPA 13, OPD 8, OPN 6 and OPA 18) generated 63 scorable bands to which 100% of them were polymorphic. OPA-13 at 700bp was exclusively possessed by Tangle clone and other bands were shared among the other clones. Clustering analysis was performed based on RAPD profiles using the UPGMA method. The range of genetic similarity value among genotypes was 0.15-0.73 suggesting high genetic variation among them. Results from genetic diversity analysis based on plant propagation system showed a higher genetic diversity value in occulating (87.30%) plants than that of grafting (60.32%).

**Kata kunci/key word:** Keragaman genetik/genetic diversity, durian (*Durio zibethinus*), RAPD, klon/clone.

## PENDAHULUAN

*Durio zibethinus* Murray merupakan salah satu komoditas buah-buahan yang banyak dibudidayakan saat ini dan bernilai ekonomi cukup penting. Beberapa kultivar durian unggul yang telah dikembangkan di Indonesia antara lain Sunan, Sukun, Petruk, Sitokong, Mas, Otong, Tembaga, Perwira, Bokor, Hepe dan Sriwig (Subhadrabandhu *et al.*, 1997). Besarnya keragaman kultivar merupakan sumber plasma nutfah penting sebagai bahan seleksi untuk pemuliaan tanaman durian. Di wilayah Jawa Barat terdapat beberapa klon durian yang telah dikenal masyarakat karena sudah lama dibudidayakan dan pada umumnya merupakan buah yang diminati.

Saat ini, penelitian tentang keragaman genetik beberapa klon durian asal Jawa Barat belum dilakukan, padahal durian merupakan salah satu kekayaan plasma nutfah buah-buahan yang penting untuk dikembangkan. Salah satu cara untuk mengetahui keragaman plasma nutfah durian adalah dengan melihat keragaman genetik. Keragaman genetik dapat diestimasi melalui perbedaan individu pada berbagai tingkatan misalnya pada tingkat DNA baik berupa perbedaan urutan maupun ukuran basa nukleotida.

RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*)

merupakan salah satu penanda molekuler yang umum digunakan untuk melihat polimorfisme di tingkat DNA (Chakrabarti *et al.*, 2001) dengan teknik PCR (*Polymerase Chain Reaction*). Penggunaan penanda RAPD mudah dalam persiapannya, relatif sederhana namun memberikan hasil yang lebih cepat dibandingkan penanda molekuler lainnya, tidak membutuhkan pengetahuan mengenai urutan DNA dari organisme target (Hillis *et al.*, 1996), jumlah DNA yang digunakan dalam reaksi hanya sedikit ( $\pm$  25 nanogram per reaksi), penggunaan peralatan laboratorium yang minimal, non-radioaktif, dan dapat menggunakan primer universal yang sudah ada (Soltis *et al.*, 1998). Pada saat ini, penanda RAPD telah banyak digunakan dalam penelitian keragaman genetik (Adetula, 2006; Fan *et al.*, 2004, Guo *et al.*, 2007; Ishak, 2000; Jain *et al.*, 2007; Nurhaimi-Haris *et al.*, 1998; Poerba *et al.*, 2007; Toruan-Mathius *et al.*, 2002, Ferriol *et al.*, 2003), sidik DNA (Baum, 1999; Chakrabarti *et al.*, 2001; Chakrabarti *et al.*, 2006; Zacarias *et al.*, 2004) dan identitas kultivar (Galderisi *et al.*, 1999; Keller-Przybylcowicz *et al.*, 2006).

Penelitian kali ini bertujuan untuk mengetahui keragaman genetik antar klon durian asal Jawa Barat dan memperoleh identitas klon durian berdasarkan

**Tabel 1.** Daflar sampel durian

No.	Nama klon	Material	Asal	Tahun Tanam
1.	Tambleg 1 (T1)	Okulasi	Pandeglang	1998
2.	Tambleg 2 (T2)	Okulasi	Pandeglang	1998
3.	Si Lilin 1 (L1)^	Enten	Ragunan	1983
4.	Isi Manis (IM)	Okulasi	Pandeglang	1998
5.	Sibadak 1 (SB1)	Okulasi	Sumedang	1998
6.	Simaung (SM)	Okulasi	Pandeglang	1998
7.	Kendil (KE)	Okulasi	Cibinong	1998
8.	Sitokong KJ 1 (ST1)	Enten	Rramat Jati	1998
9.	Handalam (HA)	Enten	Jakarta	1986
10.	Nian 1 (NI)	Enten	Pandeglang	1998
11.	Kamarung (KA)	Enten	Parung	1998
12.	Bokor 1 (B1)	enten	Cipaku	1986
13.	Si Pingku (SP)	Enten	Rancamaya	1986
14.	Bokor 2 (B2)	Okulasi	Sumedang	1998
15.	Sibadak 2 (SB2)	Enten	Sukaraja	1986
16.	Sitokong KJ 3 (ST3)	Enten	Kramat Jati	1986
17.	Si Lilin 2 (L2)	Enten	Rancamaya	1986

profil pita **RAPD**.

#### **BAHANDANMETODE**

Sampel tanaman durian yang dianalisis sejumlah 17 yang berasal dari Kebun Plasma Nutfah (KPN) LIPI, Cibinong dan dikoleksi dalam bentuk daun yang dikeringkan dalam silica gel (Tabel 1).

#### **Ekstraksi total DNA genom**

Total DNA genom diisolasi dengan menggunakan protokol CTAB (Delaporta *et al*, 1983) yang dimodifikasi dengan penambahan RNase 200  $\mu$ g/mL. Lima  $\mu$ L total DNA genom di elektroforesis dalam 0.7% gel agarose dalam larutan penyangga TAE, kemudian diwarnai dengan ethidium bromida dan difoto menggunakan lampu ultraviolet untuk memastikan kuantitas dan kualitas DNA. DNA yang telah diisolasi disimpan dalam -20°C.

#### **AnalisisRAPD**

Skrining dilakukanterhadap 30 primer A, C dan N (Operon Technologies) untuk memperoleh primer dengan tingkat keberulangan tinggi dan konsisten untuk digunakan dalam analisis RAPD. Volume reaksi total PCR adalah 15  $\mu$ L yang terdiri atas 1 x PCR *Master Mix* (Fermentas), 2  $\mu$ M primer (Promega), dan ~10 ng DNA *template*. Kondisi mesin PCR untuk amplifikasi DNA diawali dengan denaturasi awal pada suhu 94°C selama 2 menit, diikuti oleh 45 siklus yang terdiri dari: fase denaturasi (94°C selama 1 menit); fase penempelan

(36°C selama 1 menit) dan fase pemanjangan (72° C selama 2 menit) (Williams *etal*, 1990). Setelah45 siklus selesai, proses amplifikasi PCR diakhiri dengan fase pemanjangan pada suhu 72° C selama 5 menit.

#### **Perkiraan keragaman genetik berdasarkan analisis pengelompokan dan ordinasi**

Setiap pita RAPD dianggap sebagai satu lokus putatif. Hanya lokus yang menunjukkan pita yang jelas yang digunakan untuk diskor 1 bila ada pita dan 0 bila tidak ada pita. Data RAPD yang telah diskor selanjutnya digunakan untuk menghitung persentase lokus polimorfik (*P*).

Data skoring dikelompokkan hingga membentuk matriks binari di program Microsoft Excel. Matriks tersebut kemudian diolah menggunakan program SIMQUAL (*Similarity for qualitative data*) dengan koefisien DICE dalam paket NTSYS-pc versi 2.02 (Rohlf, 1993). Hasil analisis yang dihasilkan berupa dendrogram pengelompokan berdasarkan UPGMA (*Unweightedpair group with arithmetical averages*).

Matriks kesamaan dari data ini digunakan kembali untuk memperoleh ordinasi 3 dimensi berdasarkan nilai eigen dan vektor eigen menggunakan program NTSYS-pc 2.02 (Rohlf, 1993).

#### **Perkiraan keragaman genetik berdasarkan cara perbanyakan tanaman**

Indeks keragaman genetik untuk memperkirakan keragaman genetik berdasarkan cara perbanyakan

**Tabel 2.** Urutan primer dan jumlah fragmen DNA yang terbentuk

Primer	Urutan DNA	Jumlah fragmen DNA yang terbentuk	Fragmen DNA polimorfik
OPA-13	CAGCACCCAC	18	18 (100%)
OPA-18	AGGTGACCGT	11	11(100%)
OPN-6	GAGACGCACA	20	20 (100%)
OPD-8	GTGTGCCCA	14	14 (100%)
Jumlah		63	63 (100%)

**Tabel 3.** Matriks kesamaan genetik antar 17 klon durian asal Jawa Barat

	T1	T2	LI	IM	SB1	ST1	HA	K	SM	KE	NI	B1	SP	B2	SB2	ST3	L2
T1	1.00																
T2	0.24	1.00															
LI	0.16	0.20	1.00														
IM	0.15	0.26	0.45	1.00													
SB1	0.33	0.21	0.41	0.20	1.00												
ST1	0.29	0.31	0.62	0.30	0.40	1.00											
HA	0.35	0.36	0.50	0.34	0.37	0.67	1.00										
K	0.27	0.44	0.52	0.36	0.38	0.61	0.72	1.00									
SM	0.25	0.22	0.27	0.37	0.22	0.30	0.29	0.29	1.00								
KE	0.40	0.30	0.35	0.49	0.41	0.33	0.42	0.49	0.34	1.00							
NI	0.26	0.28	0.33	0.41	0.38	0.36	0.39	0.45	0.56	0.64	1.00						
B1	0.18	0.22	0.59	0.36	0.38	0.61	0.72	0.58	0.24	0.32	0.40	1.00					
SP	0.36	0.30	0.44	0.29	0.46	0.52	0.56	0.58	0.29	0.32	0.40	0.58	1.00				
B2	0.30	0.16	0.32	0.31	0.42	0.29	0.43	0.36	0.19	0.40	0.37	0.45	0.36	1.00			
SB2	0.20	0.24	0.64	0.38	0.42	0.57	0.61	0.73	0.25	0.34	0.42	0.73	0.55	0.40	1.00		
ST3	0.25	0.41	0.55	0.40	0.50	0.56	0.52	0.62	0.33	0.46	0.43	0.54	0.54	0.42	0.67	1.00	
L2	0.22	0.17	0.52	0.25	0.36	0.53	0.57	0.50	0.27	0.24	0.33	0.60	0.70	0.33	0.67	0.64	1.00

tanaman (okulasi dan enten), yaitu berdasarkan indeks keragaman Nei dan Shannon dengan menggunakan program POPGENE 32 versi 1.31 (Yeh *et al.*, 1997).

## HASIL

### Profil pita RAPD

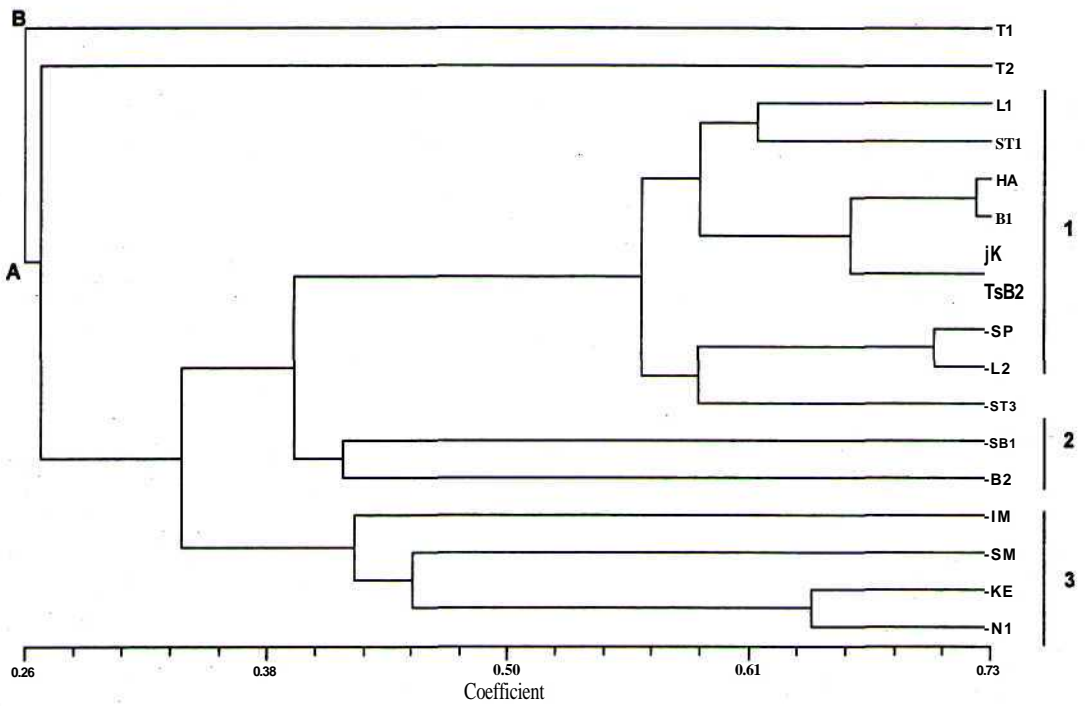
Enam tanaman durian digunakan dalam proses skrining primer untuk memilih primer yang menghasilkan pita DNA polimorfik. Hasil seleksi skrining menggunakan 30 primer menunjukkan bahwa primer OPA 13, OPA 18, OPN 6 dan OPD 8 menghasilkan profil pita RAPD yang jelas dan mudah dibaca. Dari keempat primer ini diperoleh 63 pita DNA yang berukuran 250pb hingga 2000pb. Keseluruhan pita ini 100% polimorfik (Tabel 2). OPN-6 merupakan primer yang paling banyak menghasilkan pita DNA polimorfik

dibanding tiga primer lainnya.

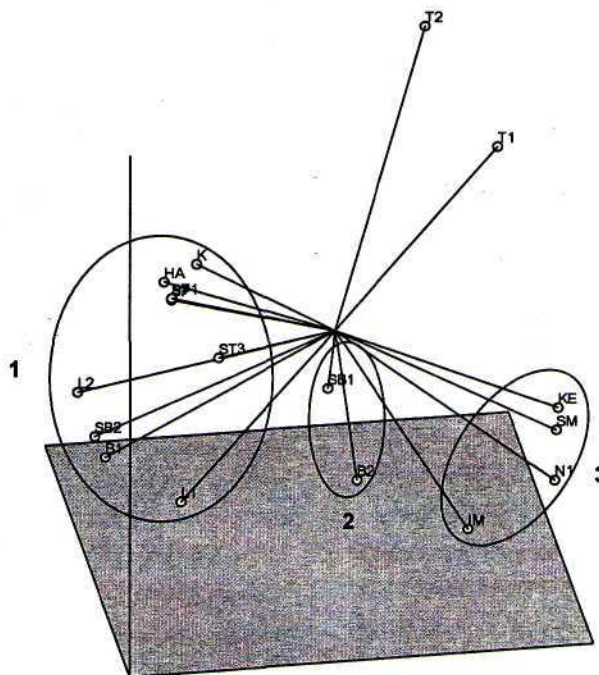
### Analisis pengelompokan antar klon durian

Berdasarkan matriks kesamaan genetik, nilai kesamaan genetik 17 klon durian berkisar antara 0.15-0.73 (Tabel 3). Semakin tinggi nilai jarak genetik maka tingkat kesamaan semakin besar dan sebaliknya. Nilai jarak genetik terbesar (0.73) terdapat antara K-SB2 dan B1-SB2. Nilai jarak genetik terkecil yaitu **0.15 terdapat** antara klon T1-IM.

Analisis kluster menunjukkan pemisahan tanaman durian ke dalam kluster yang mengelompok secara acak yang tidak berdasarkan klon maupun independen -yang tidak mengelompok dengan tanaman lainnya (Gambar 1). Terdapat dua kluster utama yaitu A dan B (koefisien kesamaan 0.26). Kluster A terdiri dari 16 tanaman dan kluster B hanya terdiri dari satu



**Gambar 1.** Dendrogram kesamaan antara 17 klon durian asal Jawa Barat. T: Tangleg, SP: Si Pingku, B: Bokor, SM: Simaung, HA: Handalam, K: Kamarung, KE: Kendil, L: Si Lilin, IM: Isi Manis, ST: Sitokong, N: Nian, SB: Sibadak. Nomor di sebelah kanan (1,2,3) menjelaskan pengelompokan yang ditunjukkan oleh ordinasasi 3 dimensi

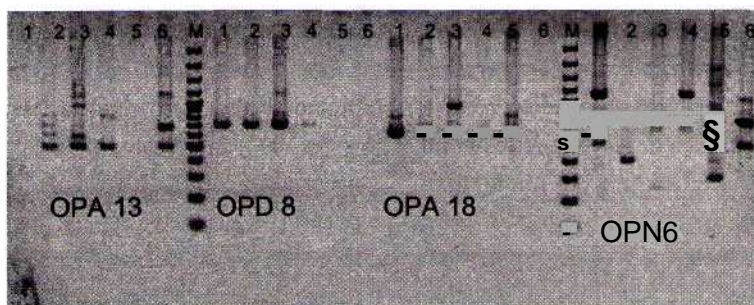


**Gambar 2.** Diagram ordinasasi 3-dimensi 17 klon durian asal Jawa Barat. T: Tangleg, SP: Si Pingku, B: Bokor, SM: Simaung, HA: Handalam, K: Kamarung, KE: Kendil, L: Si Lilin, IM: Isi Manis, ST: Sitokong, N: Nian, SB: Sibadak



**Tabel 4:** Estimasi keragaman genetik berdasarkan cara perbanyakan tanaman

Populasi KuUivnr	Jumlah individu	Jumlah lokus polimorfik	Persentase lokus polimorfik	Indeks Nei	Indeks Shannon
1. Okulasi	7	55	87.30%	0.2487	0.4041
2. Enten	10	38	60.32%	0.1812	0.3050
Total			17		



**Gambar 3.** Profil pita RAPD berdasarkan primer OPA13, OPD 8, OPA18 dan OPN 6 pada enam spesies durian. M=Marker/penanda 3 kb. 1) *D. Dulcis*, 2) *D. kutejensis*, 3) *D. oxyleanus*, 4) *D. Dulcis 2*, 5) *D. zibethinus*, 6) *D. macarantha*

tanaman, yaitu T1. Sementara dalam kluster A, T2 tidak mengelompok dengan tanaman lainnya.

Hasil analisis ordinasasi 3-dimensi (Gambar 2) memperlihatkan kelompok 1 yang berisikan K, HA, ST1, ST3, L2, SB2, B1 dan LI. Pada kelompok 2, terjadi pengelompokan antara SB1 dan B2. Di kelompok 3, terjadi pengelompokan antara KE, SM, NI dan IM. Sementara T1 dan T2 terpisah jauh dari klon lainnya.

#### Perkiraan keragaman genetik berdasarkan cara perbanyakan tanaman

Hasil analisis keragaman genetik antara dua cara perbanyakan menunjukkan bahwa jumlah lokus polimorfik pada populasi okulasi adalah 55 (dengan persentase 87.30%). Sedangkan kelompok enten, jumlah lokus polimorfiknya adalah 38 dengan persentase 60.32%. Nilai indeks keragaman Nei dan Shannon pada kelompok okulasi adalah 0.25 dan 0.40 lebih tinggi dibandingkan dengan nilai indeks keragaman pada kelompok enten yaitu 0.18 untuk indeks Nei dan 0.30 untuk indeks Shannon (Tabel 4).

#### PEMBAHASAN

Berdasarkan hasil seleksi primer, OPN 6 merupakan primer yang mampu menghasilkan pita DNA polimorfik yang tertinggi. Sedangkan OPA 13, OPA 18 dan OPD 8 cenderung menghasilkan pola pita

umum dan diduga mampu mengenali fragmen-fragmen DNA yang bersifat *conserved* atau memiliki tingkat mutasi yang cenderung lebih rendah. Sifat polimorfisme keempat primer ini konsisten dan berulang. Hal ini terlihat pada hasil amplifikasi DNA enam spesies durian (Gambar 3).

Pita yang dihasilkan setelah amplifikasi DNA dengan PCR sangat bergantung pada bagaimana primer mengenal daerah komplementernya pada cetakan (*template*) DNA yang digunakan. Semakin banyak situs penempelan dari primer yang digunakan, maka semakin banyak jumlah pita DNA yang dihasilkan (Poerba dan Yuzammi, 2008).

Ada atau tidaknya pita DNA spesifik sangat dipengaruhi oleh situs penempelan primer pada cetakan DNA. Weising *et al.* (1995) berpendapat bahwa ada beberapa hal yang menyebabkan perbedaan pita DNA yang teramplifikasi, yaitu (1) perubahan nukleotida pada sampel yang mencegah terjadinya amplifikasi, (2) delesi pada pelekatan primer, (3) insersi yang menyebabkan daerah pelekatan primer terlalu jauh untuk menyokong terjadinya amplifikasi dan (4) insersi dan delesi yang mengubah produk amplifikasi.

Pada studi ini diperoleh 63 pita DNA yang berukuran 250 pb hingga 2 kb. Pengamatan terhadap pola pita DNA hasil amplifikasi menunjukkan profil

DNA yang berbeda-beda. Perbedaan ini disebabkan oleh perbedaan urutan nukleotida pada keempat primer yang digunakan, sehingga menyebabkan perlekatan primer di sepanjang DNA genom sampel juga berbeda.

Berdasarkan matriks kesamaan genetik, nilai kesamaan genetik 17 tanaman durian berkisar antara 0.15-0.73 (Gambar 1). Klon Tambleg (T1 dan T2) memiliki nilai kesamaan terkecil atau paling berbeda dibandingkan dengan 15 tanaman lainnya. Hal tersebut diduga karena lokus yang terdapat pada sampel lainnya tidak terdapat di klon Tambleg. Ketiadaan lokus ini dapat disebabkan lokus tersebut telah hilang atau memang tidak ada, sehingga penanda/primer yang digunakan tidak mampu mengenali lokus yang terdapat pada klon Tambleg. Sebaliknya, klon Tambleg memiliki pita spesifik yang dihasilkan dari amplifikasi menggunakan primer OPA-13 pada ukuran 700 bp, sehingga identitas klon Tambleg dapat diketahui melalui profil pita ini.

Analisis kluster menunjukkan pemisahan sampel ke dalam kluster yang mengelompok secara acak dan tidak berdasarkan klon. Hal ini diduga karena profil RAPD diskor berdasarkan pada kesamaan ukuran pita DNA. Sehingga, apabila klon yang dianalisis mengelompok ke dalam satu kluster, maka menandakan tingkat kesamaan yang tinggi diantara lokus DNANYA.

Untuk mengetahui distribusi kesamaan antar tanaman berdasarkan data matriks RAPD, maka dibuat ordinasasi 3-dimensi (Gambar 2). Pengelompokan yang terlihat pada ordinasasi 3-dimensi, sesuai dengan pengelompokan yang ditunjukkan oleh dendrogram. Pada ordinasasi dan dendrogram, terlihat beberapa tanaman yang merupakan satu klon, yang seharusnya menjadi satu kelompok seperti Sibadak (SB), Tambleg (T), dan Bokor (B) terlihat terpencar ke dalam kluster dendrogram maupun kelompok ordinasasi yang berbeda. Hal ini diduga karena telah terjadi rekombinasi acak dalam sampel akibat terjadinya *outcrossing*-yang memang sangat umum terjadi pada tumbuhan berbunga menyerbuk silang- sehingga menyebabkan tingginya keragaman antar individu. Selain itu, karena primer RAPD mengenali daerah komplemen di DNA genom secara acak, sehingga bila dalam proses ekstraksi terjadi degradasi DNA pada daerah yang sama antar individu klon, maka ada kemungkinan dalam proses

amplifikasi PCR, primer mengenali fragmen DNA berbeda pada klon yang sama, sehingga menyebabkan perbedaan pada hasil amplifikasi antar tanaman dalam klon yang sama.

Tujuh belas tanaman durian asal Jawa Barat yang digunakan dalam penelitian ini berasal dari dua macam cara perbanyakan tanaman, yaitu okulasi dan enten. Okulasi adalah penempelan mata tunas dari pohon induk durian terpilih ke batang bawah yang diperoleh dari perbanyakan melalui biji. Sedangkan enten atau yang dikenal pula dengan sambung pucuk, merupakan cara perbanyakan dengan cara penyatuan pucuk (batang atas) dengan batang bawah sehingga terbentuk tanaman baru. Keduanya merupakan pola perbanyakan gabungan antara generatif dan vegetatif. Kelompok okulasi terdiri atas tujuh tanaman dan kelompok enten terdiri atas 10 tanaman.

Analisis keragaman genetik antara kelompok okulasi dan enten menunjukkan bahwa kelompok okulasi memiliki keragaman genetik yang lebih besar dibandingkan dengan kelompok enten. Kedua cara perbanyakan tersebut seharusnya memiliki nilai keragaman yang tidak terlalu berbeda, karena keduanya tidak memungkinkan terjadinya pertukaran properti genetik antara batang atas dan batang bawah. Perbedaan nilai keragaman genetik ini kemungkinan bukan disebabkan oleh cara perbanyakan, namun genotipe pohon induk yang digunakan memang berbeda.

## KESEMPULAN

Identitas durian klon tambleg dapat ditunjukkan oleh primer OPA-13 pada 700pb. Matriks jarak genetik dengan kisaran 0.15-0.73, dendrogram maupun ordinasasi 3-dimensi yang memperlihatkan pengelompokan secara acak, mengindikasikan keragaman genetik yang tinggi antar klon durian asal Jawa Barat. Sedangkan perbedaan nilai keragaman genetik diantara kelompok okulasi dan enten kemungkinan disebabkan oleh perbedaan genotipe pohon induk yang digunakan.

## DAFTAR PUSTAKA

Adetula AO. 2006. Genetic diversity of *Capsicum* using Random Amplified Polymorphic DNAs. *African*

- Journal of Biotechnology* 5 (2), 120-122.
- Baum RB. 1999.** DNA fingerprinting of cereal cultivars for intellectual property rights protection. Dalam: S. Andrews, A.C. Leslie dan C. Alexander (Editors). *Taxonomy of Cultivated Plants: Third International Symposium*. Him. 231-238.
- Chakrabarti SK, D Pattanayak and PS Naik. 2001.** Fingerprinting Indian Potato Cultivars by Random amplified polymorphic DNA (RAPD). *Potato Research* 44, 374-387.
- Chakrabarti SK, D Pattanayak, D Sarkar, VP Chimote and PS Naik . 2006.** Stability of RAPD fingerprints in potato: effect of source tissue and primers. *Biologia Plantarum* SO (4), 531-536.
- Delaporta SL, J Wood and JB Hicks. 1983.** A plant DNA minipreparation. Version II. *Plant Molecular Biology Reporter* 4, 19-21.
- Fan XX, L Shen, X Zhang, XY Chen and CX Fu. 2004.** Assessing genetic diversity of *Ginkgo biloba* L. (Ginkgoaceae) populations from China by RAPD markers. *Biochemical genetics* 42 (7/8), 269-278.
- Ferriol MM, B Pico and F Nuez. 2003.** Genetic diversity of some accessions of *Cucurbita maxima* from Spain using RAPD and SBAP markers. *Genetic Resources and Crop Evolution* 50, 227-238.
- Galderisi U, M Cipollaro, G Di Bernardo, L De Masi, G Galano and A Cascino. 1999.** Identification of hazelnut (*Corylus avellana*) cultivars by RAPD analysis. *Plant Cell Reports* 18, 652-655.
- Guo HB, SM Li, J Peng and WD Ke. 2007.** Genetic diversity of *Nelumbo* accessions revealed by RAPD. *Genetic Resources and Crop Evolution* WD, 741-748.
- Hillis DM, C Moritz and BK Mable (Editors). 1996.** *Molecular Systematic*, Second Edition. Massachusetts: Sianuer Associates Inc.
- Ishak. 2000.** Identifikasi keragaman genetik antara Pelita I/1 dan Rojolele menggunakan markah RAPD. *Berita Biologi* 5(1), 21-27.
- Jain PK, L Saini, MH Pathak and VK Gupta. 2007.** Analysis of genetic variation in different banana (*Musa* species) variety using random amplified polymorphic DNAs (RAPDs). *African Journal of Biotechnology* 6(17), 1987-1989.
- Keller-Przybylkowicz S, M Korbin and J Gwozdecki. 2006.** RAPD and ISSR markers of black and green colour of blackcurrant (*Ribes nigrum*) fruits. *Journal of Fruit and Ornamental Plant Research* 14 (1), 45-52.
- Nurhaimi-Haris, S Woelan and A Darussamin. 1998.** RAPD analysis of genetic variability in plant rubber (*Hevea brasiliensis* Muell. Arg.) clones. *Menara Perkebunan* 66 (1), 9-19.
- Poerba YS, AH Wawo dan KS Yulita. 2007.** Keragaman Fenotipe RAPD *Santalum album* L. di Pulau Timor bagian timur. *Berita Biologi* 8(6), 537- 546.
- Poerba YS dan Yuzammi. 2008.** Pendugaan Keragaman Genetik *Amorphophallus titanum* Becc. Berdasarkan Marka Random Amplified Polymorphic DNA. *Biodiversitas* 9(2), 103-107.
- Rohlf FJ. 1993.** *NTSYS-PC. Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis*. Version 1.8. New York: Exeter Software.
- Soltis DE, PS Soltis and JE Doyle. 1998.** *Molecular Systematics of Plants II: DNA Sequencing*. Boston: Kluwer Academic Publisher.
- Subhadrabandhu S, JMP Schneemann and EWM Verheij. 1997.** Ja: *Edible Fruits and Nuts. Plant Resources of South-East Asia (PROSEA)*. EWM Verheij and RE Colonel (Eds). Netherland: Pudoc Wageningen. Him
- Toruan-Mathius N, Z Lalu, Soedarsono dan Aswidinnoor H. 2002.** Keragaman genetik klon-klon karet (*Hevea brasiliensis* Muell. Arg) yang resisten dan rentan terhadap *Corynespora cassiicola* berdasarkan penanda RAPD dan AFLP. *Menara Perkebunan* 70(2), 35-49.
- Weising K, H Nybom, K Wolff and W Meyer. 1995.** *DNA Fingerprinting in Plants and Fungi*. Florida. CRC Press.
- Williams JGK, AR Kubelik, KJ Livak, JA Rafalski and SV Tingey. 1990.** DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. *Nucleic Acids Research* 18, 6531-6535.
- Yeh FC, RC Yang, TBJ Boyle, ZH Ye and JX Mao. 1997.** *POPGENE (version 1.31), the user-friendly shareware for population genetic analysis*. Molecular Biology and Biotechnology centre, University of Alberta, Edmonton. Alberta, Canada. Available free at <http://www.ualberta.ca/~fveh>.
- Zacarias AM, AM Botha, MT Labuschagne and IRM Benesi. 2004.** Characterization and genetic distance analysis of cassava (*Manihot esculenta* Crantz) germplasm from Mozambique using RAPD fingerprinting.