

**Analisis Variasi Genotipik Bawang Merah (*Allium cepa* L.)
Di Pulau Jawa Menggunakan Penanda ISSR**

**Genotypic Variation Analysis of Shallot (*Allium cepa* L.) in Java Island
using Inter-Simple Sequence Repeat**

Nita Fitriana^{1,*}, Ratna Susandarini²

¹FKIP, Universitas Jember, Jl. Kalimantan No.37, Tegal Boto, Jember Jawa Timur, 68121, Indonesia.

²Fakultas Biologi, Universitas Gadjah Mada, Jl. Teknik Selatan, Sinduadi, Mlati, Sleman
Yogyakarta, 55281, Indonesia.

*Corresponding Author: nitafitriana@unej.ac.id

Abstrak: Bawang merah (*Allium cepa* L.) merupakan komoditas hortikultura unggulan karena nilai ekonominya yang tinggi, dengan ekspor mencapai US \$6,53 juta per tahun, menjadikan Indonesia sebagai negara eksportir peringkat keempat di ASEAN, dengan produksi terbesar berasal dari Pulau Jawa. Variasi genotipik bawang merah merupakan salah satu penentu kualitas produksi bawang merah. Penelitian ini bertujuan untuk menganalisis variasi genotipik 12 kultivar bawang merah di Pulau Jawa menggunakan metode PCR-ISSR dengan lima primer acak (ISSRed20, ISSRed4, ISSRed9, UBC892, dan UBC-895). Tingkat kemiripan genetik antar kultivar ditentukan dengan *Simple Matching Coefficient* dan analisis kluster untuk menunjukkan kekerabatan fenetik dikerjakan menggunakan metode UPGMA. Hasil amplifikasi DNA genomik menggunakan lima primer menghasilkan 40 fragmen DNA yang terdiri dari 12 fragmen DNA monomorfik dan 28 fragmen DNA polimorfik. Variasi genotipik diantara 12 kultivar bawang merah pulau jawa sebesar 44,1% dengan similaritas 40-60% yang termasuk kategori keanekaragaman sedang. Kultivar Bauji, Bima, Katumi, Kramat2, Trisula, Kramat1, Pikatan dan Tiron memiliki nilai similaritas 64,6% sedangkan kultivar Sembrani, Maja Cipanas, Mentas dan Pancasona menunjukkan nilai similaritas 66,7%. Implikasi penelitian ini mampu menjadi dasar untuk perakitan bibit unggul kultivar bawang merah di Indonesia yang dapat mendukung ketahanan pangan nasional dimasa kini dan mendatang.

Kata kunci: *Allium cepa* L.; kemiripan genetik; keragaman kultivar; pemuliaan tanaman; penanda ISSR; variasi genotipik

Abstract: Shallot (*Allium cepa* L.) is a major horticultural commodity in Indonesia with high economic value, generating exports of US\$6.53 million annually and positioning Indonesia as the fourth-largest exporter in ASEAN, mainly from Java Island. This study aimed to analyze the genotypic variation of 12 red onion cultivars on the island of Java using the PCR-ISSR method with five random primers (ISSRed20, ISSRed4, ISSRed9, UBC892, and UBC-895). The level of genetic similarity between cultivars was determined using the Simple Matching Coefficient, and cluster analysis to show phenotypic relationships was performed using the UPGMA method. The results of genomic DNA amplification using five primers produced 40 DNA fragments consisting of 12 monomorphic DNA fragments and 28 polymorphic DNA fragments. Genotypic variation among the 12 Javanese shallot cultivars was 44.1% with a similarity of 40-60%, which is classified as moderate diversity. The Bauji, Bima, Katumi, Kramat2, Trisula, Kramat1, Pikatan, and Tiron cultivars had a similarity value of 64.6%, while the Sembrani, Maja Cipanas, Mentas, and Pancasona cultivars showed a similarity value of 66.7%. These findings provide a genetic basis for developing superior shallot cultivars to strengthen national food security.

Copyright: © 2025, J. Berkala Ilmiah Biologi (CC BY 4.0)

Keywords: *Allium cepa* L.; genetic similarity; cultivar diversity; plant breeding; ISSR markers; genotypic variation

Dikumpulkan: 11 September 2025 Direvisi: 7 November 2025 Diterima: 8 Desember 2025 Dipublikasi: 31 Desember 2025

Pendahuluan

Bawang merah (*Allium cepa* L.) merupakan komoditas unggulan tanaman sayur di Indonesia. Dalam tiga dekade terakhir kuantitas produksi bawang merah dalam negeri menunjukkan pertumbuhan yang positif sehingga menurut FAO Indonesia menjadi negara eksportir peringkat keempat di ASEAN dengan rata-rata 6,53 juta USD per tahun (Pusat Data dan Sistem Informasi Pertanian, 2023). Peningkatan produksi bawang merah secara kuantitas dan kualitas untuk mengisi kebutuhan pasar dalam negeri maupun internasional terus menjadi perhatian pemerintah di sektor ketahanan pangan (Badan Pangan Nasional, 2024).

Salah satu faktor yang menentukan kualitas produksi bawang merah adalah kultivar atau varietas yang dibudidayakan. Ketersediaan benih yang unggul dan bermutu akan mempengaruhi pangsa pasar dan minat petani dalam menggunakan varietas atau kultivar tertentu. Di Pulau Jawa terdapat beberapa kultivar bawang merah unggulan yakni kultivar Bauji, Bima, Katumi, Kramat2, Trisula, Kramat1, Pikatan, Tiron, Sembrani, Maja Cipanas, Mentas dan Pancasona (Dirjen Hortikultura, 2025).

Karakteristik kultivar bawang merah unggul dapat dilihat pada ciri fenotipiknya. seperti ukuran, warna, dan daya simpan umbi. Genotipe unggul umumnya menunjukkan produktivitas tinggi, ketahanan terhadap penyakit, dan adaptasi baik. Analisis kekerabatan antar genotipe penting untuk menentukan hubungan genetik dan potensi sumber gen bagi pemuliaan kultivar unggul. Seiring perkembangan teknologi saat ini, penanda molekuler dapat digunakan untuk mendeteksi kekerabatan genetik antar kultivar bawang merah.

Penanda molekuler digunakan sebagai alat yang reliabel dalam berbagai kondisi (Alves, et al., 2024). Salah satu penanda molekuler yang dapat digunakan untuk mengetahui variasi genetik dan menentukan kekerabatan antar kultivar bawang merah adalah *Inter-Simple Sequence Repeat (ISSR)*.

Aplikasi penanda molekuler seperti ISSR penting dalam pemilihan genotipe unggul dan menjaga kemurnian genetik dalam program pemuliaan tanaman (Sahin et al., 2024). ISSR ditandai dengan jumlah atau persentase fragmen DNA polimorfik. Keberadaan fragmen DNA pada posisi yang sama diasumsikan menunjukkan karakter yang sama (Sari et al., 2016).

Penelitian ini bertujuan mendeteksi variasi genetik 12 kultivar bawang merah asal Pulau Jawa menggunakan penanda molekuler ISSR. Studi serupa telah dilakukan di India (Singh et al., 2020) dan Thailand (Pulsawat et al., 2022), namun kajian pada kultivar Indonesia masih terbatas, sehingga penelitian ini penting untuk mendukung pemuliaan dan konservasi plasma nutfah bawang merah lokal.

Bahan dan Metode

Bahan Penelitian

Bahan yang digunakan dalam penelitian ini meliputi bahan untuk ekstraksi DNA, PCR, dan elektroforesis. Sampel untuk ekstraksi DNA adalah daun muda bawang merah pada posisi ke-3-5 dari pucuk. Bahan isolasi DNA meliputi nitrogen cair, NaCl, bufer ekstraksi, SDS, isopropil alkohol, EtOH dan ddH₂O. Bahan untuk amplifikasi DNA meliputi PCR *mix Go Taq[®]Green* dan lima primer ISSR (Tabel 1).

Bahan untuk visualisasi hasil PCR dengan metode elektroforesis adalah larutan pewarna gel EtBr, agarose, buffer TBE, pewarna DNA (*FloroSafe DNA stain*), Vc 100 bp plus DNA ladder, akuades steril dan *loading dye*.

Tabel 1. Primer ISSR yang digunakan

No	Primer	Urutan nukleotida 5' - 3'
1.	ISSRed20*	CAGCAGCAGCAGCAGC AGG
2.	ISSRed4*	CTCCTCCTCCTCCTCGC
3.	ISSRed9*	TCCTCCTCCTCCTCCA
4.	UBC892**	TAGATCTGATATCTGAA TTCCC
5.	UBC895**	AGAGTTGGTAGCTCTTG ATC

Sari et al. (2016)* & Husnudin et al. (2018)**

Metode Penelitian

Koleksi benih

Benih bawang merah yang terdiri dari 10 kultivar (MN, PN, TR, PK, KR1, KT, KR2, BB, SM, MC) diperoleh dari Balai Penelitian Tanaman Sayuran (Balitsa) Lembang Bandung, dan dua kultivar lainnya diperoleh dari petani lokal di Nganjuk (BJ) dan Bantul (TB).

Penanaman dan budidaya kultivar bawang merah

Penanaman bibit dilakukan menggunakan *polybag* ukuran 20 x 25 cm, dengan 6 ulangan untuk tiap kultivar. Media tanam berupa tanah kering dan gembur sebesar 5 kg, dan ditambah dengan kompos 60-65g/*polybag* atau pupuk kandang kotoran kuda matang sebanyak 120 g/*polybag* serta SP-36 2 g/*polybag*. pH tanah diukur dengan pH meter. Dolomit ditambahkan sebanyak 10 g/*polybag* apabila pH <5,6. Pada tiap *polybag* ditanami satu umbi dengan memotong bagian ujung umbi dipotong untuk memecahkan dormansi kemudian diolesi fungisida mankozeb. Pemupukan susulan diberikan 2 kali pada umur 2 dan 4 minggu komposisi pupuk adalah urea 1,5 g/*polybag*, ZA 6 g/*polybag* dan KCl 3 g/*polybag* dengan cara ditanamkan ke dalam tanah di bagian tengah permukaan *polybag*. Penyiraman dilakukan sehari sekali. Pengamatan pertumbuhan organ vegetatif dilakukan hingga 40 hari setelah tanam kemudian daun diambil untuk isolasi DNA.

Isolasi DNA genomik

Sampel daun untuk isolasi DNA genomik adalah daun muda tanaman bawang merah dengan posisi ke-3-5 dari pucuk tanaman. Isolasi DNA genomik dilakukan menggunakan metode Grimm *et al.* (2017) dengan modifikasi. Komposisi larutan *buffer* terdiri dari 100 ml tris-HCl, 0,88 g NaCl, 5 ml EDTA 0,5 M atau 0,186 g dan SDS 0,5 g. Daun bawang merah 0,5-1,5 g digerus menggunakan nitrogen cair dengan penambahan NaCl 0,2 g. Selanjutnya ditambahkan 500 µl *buffer* dan dihomogenkan dengan vortex, ditambahkan 300 µl 10% SDS kemudian disentrifus dengan kecepatan 13.000 rpm selama 1 menit pada suhu 4°C. Sebanyak 300 µl supernatan dipindahkan ke tabung 1,5 ml yang

baru, kemudian ditambahkan 300 µl isopropil alkohol dan disentrifus dengan kecepatan 13.000 rpm selama 15 menit pada suhu 4°C. Tahapan selanjutnya adalah membuang supernatan dan membersihkan pellet dengan menambahkan 500 µl 70% EtOH serta disentrifus dengan kecepatan 13.000 rpm selama 1 menit pada suhu 4°C. Pellet DNA yang diperoleh dikeringanginkan dengan membalikkan dan membuka tutup tabung selama ±15-20 menit, selanjutnya ditambahkan 50 µl ddH₂O.

Uji kualitatif DNA

Uji kualitas DNA dilakukan untuk mengetahui kemurnian DNA yang ditentukan dengan rasio pembacaan spektrofotometer pada 260 nm (dan 280 nm pada sampel DNA). Kemurnian DNA yang diharapkan adalah antara 1,8 sampai 2,2 (Sambrook & Russel, 1989).

Uji kuantitatif DNA

Kuantitas DNA ditetapkan berdasarkan asumsi bahwa 1 DO = 50µg/ml DNA utas ganda dengan rumus ;

$$[DNA] = A_{260} \times 50\mu\text{g/ml} \times FP$$

Keterangan :

[DNA] = Konsentrasi DNA

A₂₆₀ = Absorbansi pada panjang gelombang 260 nm

50µg/ml = Konstanta untuk DNA

FP = Faktor pengenceran

(Sambrook & Russel, 1989)

Amplifikasi DNA menggunakan PCR

PCR dilakukan dengan membuat campuran bahan sesuai protokol kit PCR *Go Taq® Green Mix* (Tabel 2). PCR dilakukan dengan tahapan yang ditampilkan pada Tabel 3. Produk hasil PCR disimpan dalam freezer dengan suhu -20°C.

Tabel 2. Komposisi campuran bahan PCR

Bahan	Volume untuk Mix PCR (µl)	Konsentrasi akhir
<i>Nuclease Fresh Water</i> (NFW)	6,5	-
<i>Go Taq® Green Mix</i>	12,5	1x

Primer ISSR	1	20 µM/µl
DNA <i>template</i>	5	20 ng/µl
Jumlah	25	

Elektroforesis

Elektroforesis terhadap hasil amplifikasi DNA dilakukan menggunakan gel agarose 1,8% dalam larutan TBE 1X, dan menggunakan pewarna DNA (*FloroSafe DNA stain*)

DNA *marker* Vc 100 bp plus digunakan sebagai standar untuk penentuan ukuran fragmen DNA hasil amplifikasi. Elektroforesis dilakukan pada voltase konstan 50 volt selama ± 35 menit. Visualisasi DNA dilakukan dengan meletakkan gel hasil elektroforesis kedalam UV *transilluminator* yang dihubungkan dengan kamera mikroskop digital Optilab.

Tabel 3. Tahapan Reaksi PCR

No	Reaksi	Suhu (°C)	Waktu	
1	Pre-denaturasi	95	3 menit	} 35 siklus
2	Denaturasi	93	30 detik	
3	<i>Annealing</i>	49,8-61,3	45 detik	
4	Ekstensi	72	45 detik	
5	Ekstensi akhir	72	10 menit	

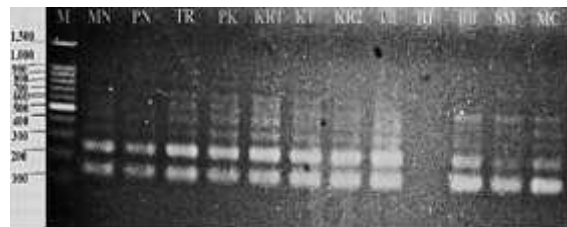
Analisis Data

Data molekular yang digunakan untuk analisis genotipik dalam penelitian ini berupa fragmen DNA hasil PCR dengan ukuran (bp) tertentu yang dimiliki oleh berbagai kultivar bawang merah. Data yang diperoleh merupakan data biner dengan ketentuan 0 untuk tidak adanya fragmen DNA dan nilai 1 jika terdapat fragmen DNA pada satu posisi yang sama pada masing-masing kultivar. Analisis kluster dilakukan berdasarkan tingkat similaritas antar kultivar yang dihitung menggunakan rumus *simple matching coefficient* dan metode klustering *Unweighted Pair Group Methods using Arithmetic Averages* (UPGMA). Analisis kluster untuk menghasilkan dendrogram kekerabatan fenetik dikerjakan menggunakan perangkat lunak MVSP pc versi 3.2 (Kovach, 2010).

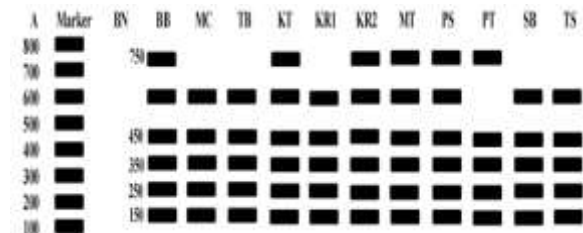
Hasil dan Pembahasan

a). Hasil amplifikasi DNA genomik bawang merah menggunakan primer ISSR

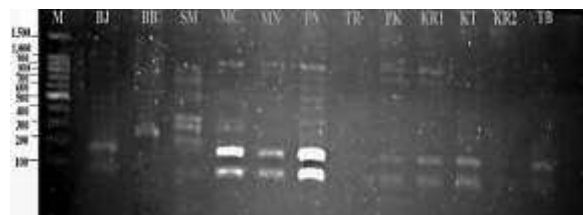
Amplifikasi DNA genomik 12 kultivar bawang merah menggunakan lima primer ISSR menghasilkan 40 fragmen DNA yang ditampilkan pada Gambar 1 – 5. Dengan rincian a hasil elektroforesis dengan urutan marker M, MN, PN, TR, PK, KR1, KT, KR2, TB, BJ, BB, SM dan MC. Sementara itu b menunjukkan ilustrasi hasil elektroforesis agar jelas dibaca untuk skoring data dengan urutan marker M, BN/BJ, BB, MC, TB, KT, KR1, KR2 MT/MN, PS/PN, PT/PK, SB/SM dan TS. Gambar menunjukkan rincian jumlah fragmen dan Tingkat polimorfisme pada masing-masing primer (Tabel 4).



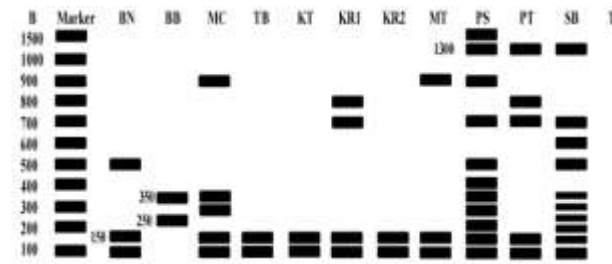
Gambar 1a. Hasil elektroforesis 12 kultivar *Allium cepa* L dengan primer ISSRred20



Gambar 1b. Ilustrasi hasil elektroforesis 12 kultivar *Allium cepa* L dengan primer ISSRred20



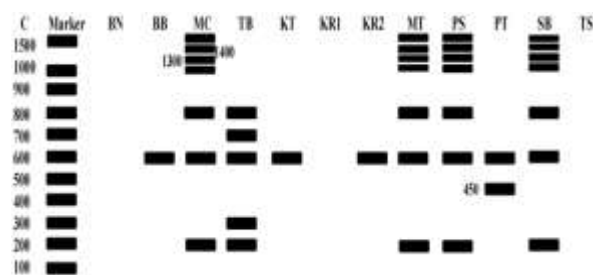
Gambar 2a. Hasil elektroforesis 12 kultivar *Allium cepa* L dengan primer ISSRred4



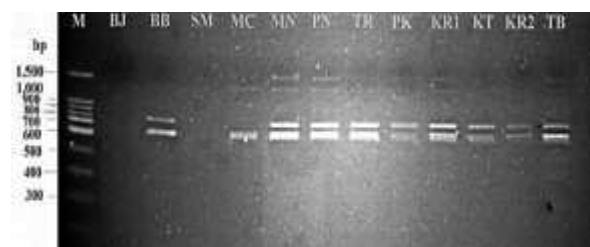
Gambar 2b. Ilustrasi hasil elektroforesis 12 kultivar *Allium cepa* L dengan primer ISSRed4



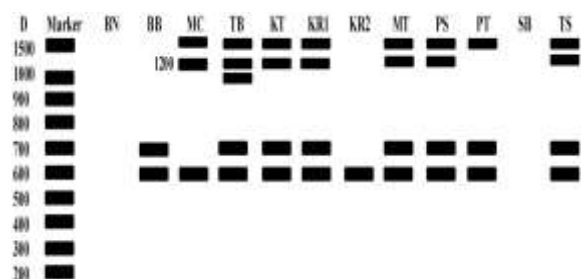
Gambar 3a. Hasil elektroforesis 12 kultivar *Allium cepa* L dengan primer ISSRed9



Gambar 3b. Ilustrasi hasil elektroforesis 12 kultivar *Allium cepa* L dengan primer ISSRed9



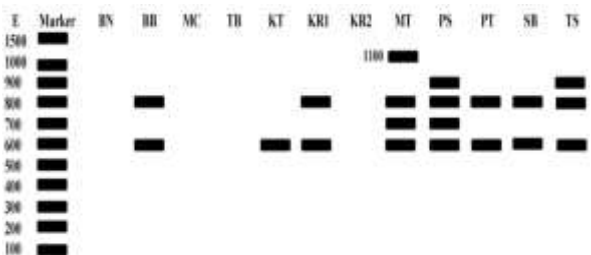
Gambar 4a. Hasil elektroforesis 12 kultivar *Allium cepa* L dengan primer UBC892



Gambar 4b. Ilustrasi hasil elektroforesis 12 kultivar *Allium cepa* L dengan primer UBC892



Gambar 5a. Hasil elektroforesis 12 kultivar *Allium cepa* L dengan primer UBC895



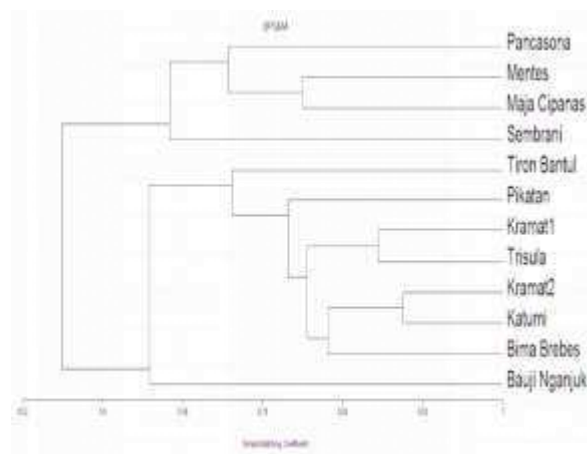
Gambar 5b. Ilustrasi hasil elektroforesis 12 kultivar *Allium cepa* L dengan primer UBC895

Tabel 4. Persentase polimorfisme DNA yang terdeteksi pada primer ISSR pada 12 kultivar bawang merah

Primer	Jumlah fragmen DNA	DNA polimorfik	DNA monomorfik	Persentase DNA polimorfik (%)
ISSRed-20	6	2	4	33,3%
ISSR-ed4	14	10	4	71,4%
ISSR-ed9	10	6	4	60%
UBC-892	5	5	-	100%
UBC-895	5	5	-	100%
Jumlah	40	28	12	

b). Analisis hubungan kekerabatan fenetik

Dendrogram yang disusun berdasarkan pola pita DNA hasil analisis ISSR menggunakan metode UPGMA menunjukkan terbentuknya dua kluster utama dari 12 kultivar bawang merah. Kluster I mencakup kultivar Bauji, Bima, Katumi, Kramat2, Trisula, Kramat1, Pikatan, dan Tiron (64,6%), sedangkan Kluster II terdiri atas Sembrani, Maja Cipanas, Mentas, dan Pancasona (66,7%).



Gambar 6. Dendrogram perbandingan 12 kultivar bawang merah dengan *Multi Variate Statistical Package* (MVSP)

Pembahasan

a). Variasi genotipik 12 kultivar bawang merah berdasarkan penanda molekuler ISSR

Hasil PCR menunjukkan bahwa lima primer ISSR dapat mengamplifikasi DNA 12 kultivar *Allium cepa*. Jumlah total fragmen DNA yang dihasilkan dari amplifikasi menggunakan lima primer ISSR adalah 40, dengan 28 fragmen diantaranya bersifat polimorfik. Primer UBC 892 dan UBC 895 menghasilkan 100%, sedangkan tingkat polimorfisme terendah ditunjukkan oleh primer ISSRred20 yaitu 33,3%. Ukuran fragmen DNA yang dihasilkan bervariasi antara 100 bp sampai dengan 1.500 bp. Perbedaan ukuran fragmen DNA hasil amplifikasi tersebut ditentukan oleh sampel atau kultivar yang digunakan, yang dalam hal ini berbeda dari penelitian sebelumnya oleh Sari et al. (2016) dan Husnudin et al. (2018).

Hasil penghitungan similaritas terhadap fragmen DNA yang diamplifikasi menggunakan lima primer ISSR menunjukkan 12 kultivar bawang merah memiliki nilai kemiripan 55,9% dan variasi 44,1%, sehingga dapat dikatakan memiliki tingkat variabilitas sedang. Hal ini mengacu pada Torre et al. (2012) bahwa nilai similaritas 0,6659- 0,8875 atau diatas 60% menunjukkan tingkat kesamaan genotip yang tinggi yang artinya variasi genotipiknya rendah,

Semakin besar nilai polimorfisme yang dihasilkan dari analisis penanda molekuler ISSR maka keanekaragaman genotipik spesies tersebut

semakin besar. Penelitian Brahimi et al. (2024) menggunakan penanda molekuler ISSR UBC825, UBC835, UBC826, UBC840, dan UBC811 mampu menghasilkan 100% pita polimorfisme genotip bawang putih di maroko artinya variasi genotipik bawang putih di maroko sangat tinggi dan melimpah.

b). Hubungan kekerabatan fenetik kultivar bawang merah berdasarkan penanda ISSR

Dendrogram yang dihasilkan berdasarkan analisis terhadap data ISSR menunjukkan terbentuk dua kluster yang membagi 12 kultivar bawang merah. Kluster I terdiri dari kultivar Bauji, Bima, Katumi, Kramat2, Trisula, Kramat1, Pikatan dan Tiron.

Ditinjau dari tempat pengambilan benih sampel yakni petani lokal dan Balitsa, 12 kultivar bawang merah yang digunakan dalam penelitian ini dapat dibagi ke dalam dua kategori yaitu benih lokal dan benih hasil persilangan. Empat kultivar merupakan benih lokal, yaitu Bima, Bauji, Maja Cipanas dan Tiron, sedangkan delapan kultivar yang merupakan hasil persilangan meliputi Katumi, Kramat1, Kramat2, Mentas, Pancasona, Pikatan, Sembrani dan Trisula. Benih lokal pada umumnya menghasilkan umbi yang bervariasi dalam hal bentuk umbi, sementara benih impor dan juga persilangan menghasilkan umbi yang seragam (Gautam, et al., 2019). Kluster I didominasi oleh benih lokal sehingga nilai similiaritasnya lebih rendah dibanding kluster II, artinya variasi genotip pada kluster I lebih besar dibandingkan kluster II. Setiap tempat pengambilan sampel memiliki perbedaan kondisi, meskipun ketinggian tempatnya tidak berbeda jauh. Lamanya adaptasi dengan tempat tumbuh menyebabkan tanaman mengalami adaptasi hingga tingkat DNA. Hal ini sesuai dengan penelitian (Ellyza, 2020) bahwa ketinggian suatu tempat akan mempengaruhi pita DNA yang unik dan membentuk kluster yang berbeda dengan jenis lainnya.

Kultivar Katumi dan Kramat2 menunjukkan hubungan kekerabatan yang dekat dengan tingkat kemiripan genetik sebesar 90%. Kultivar Katumi merupakan hasil persilangan antara bawang merah Singkil Gajah dan bawang merah Thailand, sedangkan Kramat2 merupakan

hasil persilangan antara kultivar Maja Cipanas dan bawang Bombay (Balitsa, 2015). Hasil penelitian ini sejalan dengan temuan Sari et al. (2016) yang melaporkan bahwa 34 genotipe bawang merah Indonesia terbagi menjadi dua kelompok besar yang dipengaruhi oleh distribusi perdagangan dan aliran genetik antar daerah. Pola ini terlihat dari pengelompokan genotipe yang tidak selalu berasal dari wilayah geografis yang sama. Dalam penelitian ini, bawang merah lokal Nganjuk, Brebes, dan Bantul mengelompok pada Klaster I, sedangkan Maja Cipanas berada pada Klaster II bersama dengan kultivar hasil persilangan Balitsa. Selain itu, Pikatan dan Trisula mengelompok pada klaster yang sama karena memiliki induk persilangan identik (B2558) (Balitsa, 2015). Variabilitas genetik pada kultivar bawang merah juga dipengaruhi oleh kondisi lingkungan, adaptasi lokal, dan praktik hibridisasi agronomi (Arya et al., 2017).

Analisis variasi genotipik dan hubungan kekerabatan fenetik menjadi dasar penting dalam perakitan bibit unggul bawang merah untuk mendukung ketahanan pangan nasional. Kedekatan kekerabatan genetik antar kultivar memudahkan pemilihan sumber gen potensial, mengombinasikan adaptasi dan ketahanan penyakit dari kultivar lokal dengan umbi seragam dan produktivitas tinggi dari kultivar atau umbi impor seperti Thailand dan Bombay (Sari et al., 2016). Pemanfaatan umbi impor sebagai tetua persilangan memperluas keragaman genetik dan mendukung pengembangan varietas adaptif dan berdaya hasil tinggi (Arya et al., 2017).

Kesimpulan

Kultivar *Allium cepa* L di Pulau Jawa memiliki variasi genotipik yang tergolong dalam tingkat sedang berdasarkan polimorfisme penanda ISSR Kekerabatan fenetik antar kultivar terbagi menjadi dua klaster yang dapat dipengaruhi oleh benih lokal maupun praktik hibridisasi melalui persilangan, benih lokal dan benih persilangan membentuk klaster yang unik dan memisah satu sama lain.

Ucapan terima kasih

Ucapan terimakasih kepada pihak Balai Penelitian Tanaman dan Sayuran (Balitsa)

Lembang Bandung, Petani Lokal, Laboratorium PAU dan Falitma Fakultas Biologi Universitas Gadjah Mada yang telah memfasilitasi penelitian ini.

Referensi

- Alves, D. A. R., Castro, A. C. R., & Henry-Silva, G. G. (2024). *Molecular markers in genetic studies of aquatic macrophytes: A systematic review*. *Hydrobiologia*, 852, 789–806. <https://doi.org/10.1007/s10750-024-05556-9>.
- Arya S.J., Singh, N., Arya, S.P., & Kant, A. (2017). “Morphological variations and relationship among onion germplasm for quantitative and qualitative traits at trans-Himalaya Ladakh, India”. *Australian Journal of Crop Science*. 11(03):329-337.
- Badan Pangan Nasional. (2024). Ekspor bawang merah batu topang pasar pangan global. <https://badanpangan.go.id/>. (Diakses tanggal 19 Juli 2025).
- Balitsa. (2015). *Deskripsi varietas unggul bawang merah hasil pemuliaan Balitsa*. Balai Penelitian Tanaman Sayuran, Lembang: Badan Penelitian dan Pengembangan Pertanian, Kementerian Pertanian Republik Indonesia.
- Brahimi, A., Hajjaj, H., & Mazouz, H. (2024). “Genetic characterization of white onion genotypes (*Allium cepa* L.) using ISSR marker”. *Ecological Genetics and Genomics*.33. <https://doi.org/10.1016/j>.
- Carsono, N. Lukman, N.P. Damayanti F., Susanto, U. & Sari, S. (2014). Identifikasi polimorfis marka-marka molekuler yang diduga berkaitan dengan karakter daya hasil tinggi pada 30 genotip. 2 (1): 91-95. <https://doi.org/10.24198/cna.v2.n1.9141>.
- Dirjen Hortikultura. (2025). Laporan Kinerja Direktorat Jenderal Hortikultura Tahun Anggaran 2024. [https://hortikultura.pertanian.go.id/wp-content/uploads/2025/03/LAKIP- -LAKIN-DITJEN-HORTIKULTURA-](https://hortikultura.pertanian.go.id/wp-content/uploads/2025/03/LAKIP--LAKIN-DITJEN-HORTIKULTURA-)

- 2024.pdf. (Diakses pada tanggal 21 Juli 2025).
- Ellyza, A.R. (2020). Keanekaragaman Tanaman Pegagan (*Centella asiatica* L. |Urb.) Pada Ketinggian dan Lingkungan yang berbeda berdasarkan karakter morfologi dan molekuler menggunakan penanda ISSR (*Inter Simple Sequence Repeat*). Fakultas Sains dan Teknologi Universitas Islam Negeri Maulana Malik Ibrahim, Malang.
- Gautam, I.P. Pradhan, N.G. Luitel, B.P. & Subedi, S. (2019). "Evaluation of Onion Genotypes for Growth and Bulb Yield in Mid Hill of Nepal". *Journal of Nepal Agricultural Research Council*. Vol. 5 (1):53-61.
<https://doi.org/10.3126/jnarc.v5i1.23805>
- Grimm, B. Purwestri, Y.A. Nuringtyas, T.R. Susanto, F.A. Hey, D. & Herbst, J. (2017). *Basic Methods In Plant Molecular Biology And Plant Physiology*. Bionational Practical Course. UGM-Humboldt University Berlin, Yogyakarta.
- Husnudin, U.B. (2018). Keragaman dan Klasifikasi Intraspesifik kultivar Terong (*Solanum melongena* L.) Akses Indonesia berdasarkan Karakter morfologis dan Molekular. Fakultas Biologi Universitas Gadjah Mada, Yogyakarta.
- Jabbarzadeh, Z. Khosh-Khui, M. Salehi, H. & Saberivand, A. (2010). "Inter simple sequence repeat (ISSR) markers as reproducible and specific tools for genetic diversity analysis of rose species". *African Journal of Biotechnology*, vol. 9(37): p. 6091-6095.
<https://doi.org/10.5897/AJB10.133>.
- Kovach W.L. (2010): MVSP - A MultiVariate Statistical Package for Windows, Ver. 3.2. Pentraeth, Wales, Kovach Computing Services.
- Pulsawat, P., Thongket, T., & Pattanakiat, S. (2022). *Genetic diversity of shallot (Allium cepa var. aggregatum) in Thailand using ISSR markers. Horticultural Science Journal of Thailand*, 35(2), 78–87.
- Pusat Data dan Sistem Informasi Pertanian. (2023). Outlook Komoditas Pertanian Subsektor Hortikultura Bawang Merah. https://satudata.pertanian.go.id/assets/docs/publikasi/Outlook_Bawang_Merah_2023.pdf. (Diakses tanggal 20 Juli 2025).
- Sahin, E. C., Aydin, Y., & Uncuoglu, A. A. (2024). *Molecular marker applications in the selection of elite genotypes for plant stress tolerance and genetic fidelity*. *OBM Genetics*, 8(3), 260. <https://doi.org/10.21926/obm.genet.2403260>
- Sambrook, J., Fritschi, E.F., & Maniatis, T. (1989). *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*. Cold Spring Harbor Laboratory Press, New York.
- Sari, V., Miftahudin, & Sobir. (2016). Keragaman Genetik Bawang Merah (*Allium cepa* L.) Berdasarkan Marka Morfologi dan ISSR. *J. Agron. Indonesia*, 45(2):175-181.
<https://dx.doi.org/10.24831/jai.v45i2.11665>.
- Singh, R. K., Kumar, P., & Pandey, S. K. (2020). *Assessment of genetic diversity in onion (Allium cepa L.) using ISSR markers*. *Journal of Crop Science and Biotechnology*, 23(1), 45–53. <https://doi.org/10.1007/s12892-019-00476-3>.
- Torre, M.P., Garcia, M., Heinz, R., & Escandon, A. (2012). Analysis of genetic variability by ISSR markers in *Calibrachoa caesia*. *Electronic Journal of Biotechnology*, 15(5): 144-155.
<https://doi.org/10.2225/vol15-issue5-fulltext-8>.