



---

## **ANALISIS JURNAL VARIASI GENETIK MAKHLUK HIDUP EUKARIOTIK**

**Miftahul khairani**

Universitas Islam Negeri Sumatera Utara

**Balqis putri wardana purba**

Universitas Islam Negeri Sumatera Utara

**Izza yani umaroh**

Universitas Islam Negeri Sumatera Utara

**Mutiara nabilla**

Universitas Islam Negeri Sumatera Utara

**Rifda**

Universitas Islam Negeri Sumatera Utara

Alamat: Jl. William Iskandar Ps. V, Medan Estate, Kec. Percut Sei Tuan, Kabupaten Deli  
Serdang, Sumatera Utara 20371

Korespondensi penulis: [miftahulhairani92@gmail.com](mailto:miftahulhairani92@gmail.com), [balqisputriwardanaprb@uinsu.ac.id](mailto:balqisputriwardanaprb@uinsu.ac.id),  
[izzayaniumaroh@uinsu.ac.id](mailto:izzayaniumaroh@uinsu.ac.id), [mutiaranabilla@uinsu.ac.id](mailto:mutiaranabilla@uinsu.ac.id), [rifda@uinsu.ac.id](mailto:rifda@uinsu.ac.id),

**Abstrak.** *The aim of this research is to analyze the differences between journals regarding the genetic variation of eukaryotic living creatures. This analysis was carried out on 10 journals, namely national journals and international journals. The research method used is kualitatif. The results of this research include national and international journals that match the researchers' criteria, namely journals with the keyword genetic variation and narrowed down further by discussing genetic variation in eukaryotic living creatures such as humans, animals and plants with a time span of years. The number of journals that will be analyzed in depth namely 10 journals with 6 national journals and 4 international journals.*

**Keywords:** *Eukaryotic, Genetics, Variation*

**Abstrak.** Tujuan penelitian ini adalah untuk menganalisis perbedaan dari jurnal-jurnal mengenai variasi genetik makhluk hidup eukariotik. Analisis ini dilakukan pada 10 jurnal, yaitu jurnal nasional dan jurnal internasional. Metode penelitian yang digunakan ialah kualitatif. Hasil penelitian ini meliputi jurnal nasional dan internasional yang sesuai dengan kriteria peneliti yaitu jurnal dengan kata kunci variasi genetik dan dipersempit lagi dengan pembahasan variasi genetik kedalam makhluk hidup eukariotik seperti manusia, hewan dan tumbuhan dengan rentang waktu tahun. Adapun jumlah jurnal yang akan dianalisis secara mendalam yaitu sebanyak 10 jurnal dengan 6 jurnal nasional dan 4 jurnal internasional.

**Kata Kunci:** *Eukariotik, Genetik, Variasi*

### **PENDAHULUAN**

Asam nukleat merupakan penyusun utama dari materi genetik. Asam nukleat termasuk kedalam salah satu makromolekul yang punya peran penting terhadap keberlangsungan makhluk hidup dikarenakan didalamnya tersimpan informasi genetik. Ada dua jenis asam nukleat yaitu *Deoxyribonucleic acid* (DNA) dan *Ribonucleic acid* (RNA). Struktur materi genetik ini meliputi gen, kromosom, DNA, RNA, Plasmid, Episom dan elemen transposabel (Nusantari, 2014). DNA dan RNA merupakan polimer polinukleotida yang terdiri atas subunit protein (Monomer nukleotida). Komponen penyusun nukleotida terdiri atas tiga jenis molekul protein meliputi gula pentosa, basa nitrogen dan gugus fosfat yang mana basa yang ditemukan pada nukleotida meliputi

basa purin dan pirimidin. Basa purin terdiri atas adenin yang disimbolkan huruf A, Guanin yang disimbolkan dengan huruf G. Lalu basa pirimidin meliputi cytosin yang disimbolkan dengan huruf C, Tymin yang disimbolkan dengan huruf T dan urasil yang disimbolkan dengan huruf U (Herman et al., 2023).

Keberagaman dari spesies manusia, hewan dan tumbuhan tidak terlepas dari faktor variasi genetik. Pada manusia sendiri variasi genetik dapat dilihat dari perbedaan fisik, kerentanan akan penyakit, dan bagaimana respon tubuh terhadap obat-obatan tertentu. Contoh dari variasi genetik ialah Alergi makanan. Alergi terhadap suatu makanan dipengaruhi oleh varian genetik serta faktor lingkungan. Adapun gen yang diketahui memiliki pengaruh terhadap alergi makanan ini yaitu gen HLA (Human leukocyte antigen) yang berperan dalam sistem imun. Variasi gen ini dapat mempengaruhi bagaimana tubuh mengendalikan serta merespons alergen (Johansson & Mersha, 2021). Pada tumbuhan variasi genetik dapat terjadi diakibatkan adanya mutasi gen. Mutasi dapat didefinisikan sebagai perubahan informasi genetik yang diwariskan. Mutasi ini perlu memodifikasi urutan nukleotida DNA dan terdiri atas perubahan secara permanen terhadap molekul DNA yang akan diturunkan ke keturunannya. Mutasi melibatkan Modifikasi urutan basa DNA yang ditransmisikan melalui mitosis dan meiosis (Suza et al., 2023).

Penelitian mengenai variasi genetik makhluk hidup eukariotik seperti manusia, Hewan dan tumbuhan masih terus dipelajari oleh para peneliti, oleh karenanya jurnal ini akan menganalisis artikel-artikel penelitian terdahulu.

### KAJIAN TEORI

Perlu diketahui bahwa DNA terdapat di kromosom yang mana mengandung informasi genetik suatu organisme. Struktur kromosom ini terdiri atas DNA organisme dan protein khusus guna membentuk arsitektur melingkar yang padat. Suatu kromosom dapat dicirikan oleh posisi sentromernya. Kromosom eukariotik memiliki fitur tambahan berupa telomer. Telomer ini merupakan struktur khusus di ujung molekul DNA yang akan memungkinkannya terjadi replikasi berkelanjutan. Pada manusia kromosom yang dimiliki berjumlah 46 kromosom dengan 23 pasang kromosom yang mana setiap pasangan kromosom memiliki salinan kromosom dari ayah dan ibunya (Pathak & Bordoni, 2024). Berbeda dengan manusia jumlah kromosom pada tumbuhan mempunyai variasi sebanyak jumlah spesies yang ada, dapat berbeda dari satu spesies dengan spesies lainnya dan dapat berbeda antara tipe wild dan kultivar yang menjadikan beberapa kromosom pada tumbuhan sulit untuk dibedakan sehingga menjadi barrier genetik terhadap aliran genetik antara spesies tersebut (Aziz, 2019).

Genetika meliputi studi tentang pewarisan sifat dari generasi ke generasi berikutnya. Variasi genetik merupakan ketidaksamaan antar individu yang disebabkan oleh perbedaan genotipe (Suza et al., 2023). Terdapat berbagai macam variasi dalam pewarisan genetika. Variasi genetik merujuk kepada perbedaan dalam urutan DNA di antara individu dalam suatu populasi yang mana dapat disebabkan oleh mutasi, rekombinasi genetik selama meiosis dan migrasi gen antarpopulasi. Adanya perkawinan sedarah dapat memberikan pengaruh terhadap frekuensi alel dan berkurangnya variasi genetik (Carlen et al., 2015). Keragaman genetik yang luas akan dihasilkan apabila tetua yang dijadikan induk memiliki hubungan genetik yang jauh (Adimiharja, 2019). Tingkat homozigosita yang tinggi akan menunjukkan rendahnya heterozigositas yang artinya ialah populasi tersebut memiliki variasi genetik yang terbatas. Sebaliknya rendahnya homozigositas akan membuat tingginya keberagaman variasi genetik dalam suatu populasi

(Arifin et al., 2018). Homozigositas yaitu keadaan genetik di mana seseorang memiliki dua alel identik pada lokus tertentu pada sepasang kromosom homolog (Prem et al., 2023).

## **METODE PENELITIAN**

Penelitian ini menggunakan metode penelitian kualitatif yang mengandalkan data dari jurnal-jurnal terdahulu, metode ini melibatkan beberapa tahapan penting seperti melakukan pencarian literatur secara sistematis untuk mengidentifikasi jurnal-jurnal ilmiah yang relevan dengan topik variasi genetik pada eukariota. Pencarian ini dilakukan melalui basis data akademik seperti PubMed, Google Scholar, atau Scopus. Setelah mengumpulkan jurnal-jurnal yang relevan, peneliti kemudian melakukan analisis konten terhadap artikel-artikel tersebut. Analisis konten melibatkan pengkodean informasi kunci dari setiap jurnal, seperti metode yang digunakan, jenis variasi genetik yang dianalisis, populasi yang dipelajari, serta hasil dan kesimpulan yang diperoleh.

## **HASIL PENELITIAN DAN PEMBAHASAN**

Hasil penelitian ini meliputi jurnal nasional dan internasional yang sesuai dengan kriteria peneliti yaitu jurnal dengan kata kunci variasi genetik dan dipersempit lagi dengan pembahasan variasi genetik kedalam makhluk hidup eukariotik seperti manusia, hewan dan tumbuhan dengan rentang waktu tahun. Adapun jumlah jurnal yang akan dianalisis secara mendalam yaitu sebanyak 10 jurnal dengan 6 jurnal nasional dan 4 jurnal internasional.

### **Jurnal 1 : Keragaman Genetik Genotipe Mutan Cabai (*Capsicum annuum* L.) Hasil Iradiasi Sinar Gamma Berdasarkan Penanda Mikrosatelit**

Jurnal ini membahas analisis genetik dan keragaman genetik pada genotipe mutan cabai hasil iradiasi sinar gamma menggunakan penanda mikrosatelit. Penelitian juga membahas efek induksi mutasi pada tanaman menggunakan radiasi gamma dan ethyl methane sulph onate. Beberapa aspek yang dibahas meliputi perubahan genetik yang signifikan akibat iradiasi sinar gamma, variasi alel pada genotipe mutan cabai, serta potensi penggunaan penanda mikrosatelit untuk analisis keragaman genetik mutan cabai. Hasil penelitian menunjukkan bahwa iradiasi sinar gamma pada cabai mutan dapat menginduksi perubahan genetik yang signifikan. Analisis genetik menunjukkan adanya pemisahan genotipe mutan dari varietas Lingga, dengan beberapa genotipe menunjukkan tingkat kemiripan genetik yang berbeda. Selain itu, analisis polimorfisme menunjukkan bahwa sebanyak 116 alel berhasil dideteksi menggunakan 27 penanda mikrosatelit. Dosis iradiasi dan waktu penyinaran juga dapat mempengaruhi efek mutagen sinar gamma pada tanaman. Variasi genetik pada genotipe mutan cabai terjadi dalam bentuk perbedaan ukuran alel dibanding varietas Lingga, yang terlihat dari hasil analisis molekuler menggunakan penanda mikrosatelit.

Berdasarkan hasil penelitian yang disajikan dalam ringkasan tersebut, dapat disimpulkan bahwa iradiasi sinar gamma pada cabai mutan dapat menginduksi perubahan genetik yang signifikan. Analisis genetik menunjukkan adanya variasi dalam frekuensi alel utama, diversitas gen, heterozigositas, dan tingkat polimorfisme pada genotipe mutan cabai. Terdapat pemisahan genetik antara genotipe mutan cabai dan varietas Lingga, dengan beberapa genotipe menunjukkan tingkat kemiripan genetik yang berbeda. Penanda mikrosatelit dengan tingkat informativitas tinggi dapat digunakan untuk analisis keragaman genetik mutan cabai. Selain itu, variasi alel yang terdeteksi dapat menjadi sumber daya potensial bagi pemulia untuk perakitan varietas unggul baru. Penelitian ini memberikan wawasan penting terkait efek induksi mutasi pada tanaman

menggunakan radiasi gamma dan metode analisis genetik untuk memahami keragaman genetik pada genotipe mutan cabai.

### **Jurnal 2: Identifikasi Variasi Genetik Kerbau (*Bubalus bubalis*) Pacitan dan Tuban Berbasis Mikrosatelit**

Subjek dalam penelitian ini menggunakan populasi kerbau yang berada di daerah Pacitan dan Tuban, Jawa Timur. Sedangkan sampel yang digunakan adalah 8 ekor kerbau dari Pacitan dan 8 ekor kerbau dari Tuban. Pengambilan sampel dilakukan secara random sampling oleh tenaga teknis Dinas Peternakan. Metode yang digunakan dalam penelitian ini adalah Deskriptif Eksploratif untuk mengetahui variasi fenotip dan genotip dari kerbau.

Hasil penelitian ini dibagi menjadi bagian, yaitu tentang variasi fenotip dan variasi genotip. a. Variasi Fenotip Sampel kerbau yang digunakan dalam penelitian ini berjumlah 16 ekor kerbau Jawa Timur yang terdiri dari 8 ekor kerbau Tuban dan 8 ekor kerbau Pacitan. Penentuan sampel kerbau dilakukan dengan teknik random sampling. Pengambilan sampel darah dilakukan oleh dokter hewan, sedangkan pengamatan fenotip dilakukan oleh sejawat peneliti dengan data fenotip yang dimiliki.

Diketahui bahwa terdapat 5 kerbau yang memiliki bentuk tubuh gempal, dan 3 kerbau memiliki bentuk tubuh kurus. Warna tubuh yang dimiliki kerbau sampel juga berbeda. Terdapat 3 kerbau memiliki warna tubuh cokelat, 4 kerbau memiliki warna tubuh cokelat kehitaman dan 1 kerbau memiliki warna putih. Sedangkan pada warna mata, seluruh sampel memiliki warna mata hitam dan diketahui bahwa panjang tanduk kerbau berkisar antara 12 cm hingga 21 cm. Lingkar dada yang dimiliki kerbau berkisar antara 146 cm hingga 190 cm, tinggi badan yang dimiliki kerbau berkisar antara 112 cm hingga 125 cm, ukuran kepala sampel kerbau berkisar 31 cm hingga 59 cm, panjang leher kerbau berkisar 34 cm hingga 43 cm, sedangkan panjang ekor sampel kerbau berkisar antara 68 cm hingga 82 cm. serta diketahui bahwa 7 kerbau pacitan memiliki bentuk tubuh gempal dan 1 kerbau memiliki bentuk tubuh kurus, 2 kerbau memiliki warna tubuh cokelat kekuningan, 4 kerbau memiliki warna cokelat kehitaman, 1 kerbau memiliki warna cokelat dan 1 kerbau memiliki warna hitam. Sedangkan warna mata yang dimiliki oleh kerbau seluruhnya memiliki warna mata hitam.

Variasi Genotip: 1) Hasil PCR dan Mikrosatelit Data hasil penelitian didapatkan dari munculnya pita DNA mikrosatelit dari hasil PCR (Polymerase Chain Reaction) pada populasi kerbau Jawa Timur. Proses PCR dilakukan dengan menggunakan 2 jenis primer, yaitu HEL09 dan INRA023 dengan ukuran marka 100 bp. Hasil dari PCR kemudian di elektroforesis dengan menggunakan gel polyacrilamide serta dilanjutkan dengan pewarnaan silver staining untuk mengetahui munculnya pita DNA tersebut. Pita DNA yang muncul disebut dengan alel dari DNA. Berikut pita DNA yang muncul hasil dari pewarnaan Silver Staining dari sampel kerbau yang digunakan dalam penelitian.

Hasil pengamatan pada Gel polyacrilamide hasil perwarnaan Silver Staining, terlihat bahwa pada populasi kerbau daerah Pacitan dengan primer HEL09 pada kerbau sampel 1, 2, dan 3 memiliki alel heterozigot, dimana terdapat 2 alel yang nampak dengan ukuran masing-masing 60bp dan 150bp (ditunjukkan dengan garis kuning). Pada sampel 4 dan 5 juga heterozigot, tetapi memiliki ukuran masing-masing 60 bp dan 80 bp. Sedangkan pada sampel 6, 7, dan 8 merupakan alel homozigot, yang hanya nampak 1 alel dengan ukuran masing-masing 60 bp. Sampel kerbau daerah Pacitan dengan primer 2, yaitu INRA 023, hasil elektroforesis ditunjukkan pada 3 gel polyacrilamide (A, B, dan C)

### **Jurnal 3 : Varian Genetik *Sardinella lemuru* Di Perairan Selat Bali**

Jurnal ini membahas tentang studi genetik yang dilakukan pada *Sardinella lemuru* di perairan Selat Bali menggunakan gen COI untuk mengetahui variasi genetik dan kekerabatannya. Hasil penelitian menunjukkan bahwa *lemuru* di Selat Bali adalah spesies *Sardinella lemuru* dengan tingkat kesamaan analisis BLAST sebesar 98-100%. Selain itu, analisis genetik mitokondria dari *Sardinella lemuru* di perairan Selat Bali menunjukkan hubungan kekerabatan genetik yang dekat dengan *Sardinella lemuru* dari perairan lain seperti Laut Cina Selatan, Selat Taiwan, Filipina, dan Cina. Hal ini diduga dipengaruhi oleh Arus Lintas Indonesia (ARLINDO) yang memungkinkan terjadinya percampuran genetik antara populasi ikan *lemuru* di berbagai perairan.

Metode yang digunakan dalam penelitian ini adalah ekstraksi DNA dengan menggunakan metode yang diterapkan oleh Ausubel et al. (2002) dan amplifikasi dengan primer COI Fragment sepanjang 650 base pair. Hasil penelitian menunjukkan bahwa ikan *lemuru* di Selat Bali termasuk kedalam spesies *Sardinella lemuru* dengan tingkat kesamaan analisis BLAST sebesar 98-100%. Selain itu, analisis genetik mitokondria dari *Sardinella lemuru* di perairan Selat Bali menunjukkan hubungan kekerabatan genetik yang dekat dengan *Sardinella lemuru* dari perairan lain seperti Laut Cina Selatan, Selat Taiwan, Filipina, dan Cina. Mutasi gen merupakan faktor yang menyebabkan timbulnya keanekaragaman genetik yang berakibat pada timbulnya keanekaragaman dalam kehidupan.

Gen cytochrome oxidase sub unit I (COI) merupakan materi genetik yang terlibat dalam variasi genetik pada *Sardinella lemuru*. Penelitian ini menyimpulkan bahwa ikan *lemuru* di perairan Selat Bali adalah spesies *Sardinella lemuru* dengan tingkat kesamaan analisis BLAST sebesar 98-100%. Analisis genetik mitokondria menunjukkan adanya hubungan kekerabatan genetik yang dekat antara populasi *Sardinella lemuru* di Selat Bali dengan populasi di perairan lain seperti Laut Cina Selatan, Selat Taiwan, Filipina, dan Cina. Faktor yang mempengaruhi keberagaman genetik ini diduga terkait dengan Arus Lintas Indonesia (ARLINDO) yang memungkinkan terjadinya percampuran genetik antara populasi ikan *lemuru* di berbagai perairan. Penelitian genetik ini penting untuk memahami keberagaman genetik dan keberlanjutan populasi ikan *lemuru* di Selat Bali serta hubungan kekerabatan dengan populasi di perairan lain. keberadaannya. Manajemen konservasi semestinya diarahkan untuk melestarikan varian genetik yang ada (Wandia, 2001)

#### **Jurnal 4: Keragaman Genetik dan Heritabilitas M1 Mentimun (*Cucumis sativus L.*) Lokal Madura Hasil Iradiasi Sinar Gamma <sup>60</sup>Co**

Penelitian ini menggunakan metode single plant yaitu dengan menanam pada lingkungan pertanaman yang sama tanpa adanya ulangan. Percobaan dilakukan tanpa adanya ulangan dikarenakan setiap tanaman mutan memiliki potensi genetik yang berbeda. Penelitian dilakukan dengan menggunakan satu faktor perlakuan yaitu dosis iradiasi sinar gamma <sup>60</sup>Co yang terdiri dari 7 taraf dengan kode M (0 Gy/kontrol), MM1 (dosis 100 Gy), MM2 (dosis 200 Gy), MM3 (dosis 300 Gy), MM4 (dosis 400 Gy), dan MM6 (dosis 600 Gy). Pengamatan dilakukan pada karakter kuantitatif yaitu tinggi tanaman (cm), jumlah daun (helai), umur berbunga (HST), umur panen (HST), bobot buah per buah (g), panjang buah (cm), dan diameter buah (cm). Data hasil pengamatan dianalisis menggunakan nilai koefisien keragaman genotipe (KKG), koefisien keragaman fenotipe (KKF) dan heritabilitas.

Salah satu komponen penting dalam program pemuliaan tanaman adalah keragaman genetik (Rahman and Islam, 2020). Keragaman genetik merupakan suatu besaran yang mengukur variasi fenotip yang disebabkan oleh faktor-faktor genetik. Keragaman genetik suatu tanaman dapat diketahui melalui beberapa pendugaan parameter genetik, yaitu koefisien keragaman genotipe,

koefisien keragaman fenotipe, dan heritabilitas. Keragaman genetik dan keragaman fenotip berguna untuk mengetahui pola pengelompokan genetik pada populasi tertentu berdasarkan karakter yang diamati dan dapat dijadikan sebagai dasar kegiatan pemuliaan tanaman (Yeni et al., 2017). Koefisien keragaman genotipe (KKG) merupakan informasi mengenai keragaman genetik tanaman, sedangkan koefisien keragaman fenotipe merupakan gambaran keadaan keragaman karakter secara visual, sehingga dapat diketahui tingkat keluasan dalam pemilihan genotip harapan (Sari et al., 2014). Hasil pengamatan koefisien keragaman genotipe (tabel 1) dan koefisien keragaman fenotipe (Tabel 2) yang dilakukan terhadap 7 karakter kuantitatif pada mutan generasi pertama (M1) tanaman mentimun varietas lokal Madura didapatkan hasil dengan kategori rendah hingga tinggi. Nilai KKG maupun KKF tertinggi yaitu karakter diameter buah pada tanaman MM3, sedangkan nilai KKG maupun KKF terendah yaitu karakter umur panen pada tanaman kontrol atau tanpa perlakuan iradiasi (M). Tanaman yang memiliki nilai KKG dalam kategori tinggi terdapat pada tanaman MM1, MM2, MM3, dan MM6.

Tanaman MM1 memiliki nilai KKG kategori tinggi terdapat pada karakter bobot buah per buah, sedangkan tanaman MM2 memiliki nilai KKG kategori tinggi terdapat pada karakter diameter buah. Nilai KKG tanaman MM3 kategori tinggi terdapat pada karakter diameter buah, dan pada tanaman MM6 nilai KKG kategori tinggi terdapat pada karakter diameter buah. Tanaman yang memiliki nilai KKF dalam kategori tinggi terdapat pada tanaman MM2, MM3, MM4, dan MM6. Tanaman MM2 memiliki nilai KKF kategori tinggi terdapat pada karakter bobot buah per buah, panjang buah, dan diameter buah. Nilai KKF tanaman MM3 kategori tinggi terdapat pada karakter bobot buah per buah dan diameter buah, sedangkan tanaman MM4 memiliki nilai KKF kategori tinggi terdapat pada karakter bobot buah per buah, dan tanaman MM6 memiliki nilai KKF kategori tinggi terdapat pada karakter panjang buah dan diameter buah.

Tingginya hasil koefisien keragaman genotipe maupun koefisien keragaman fenotipe yang didapatkan mengindikasikan bahwa karakter yang diamati mempunyai keragaman genetik luas. Keragaman genetik luas memiliki peluang keberhasilan seleksi yang semakin tinggi, dimana semakin beragam sifat individu dalam populasi maka semakin tinggi frekuensi gen yang diinginkan, sehingga kesempatan untuk mendapatkan genotipe yang lebih baik melalui seleksi semakin besar. Ragam genetik sempit, maka individu dalam populasi cenderung seragam, sehingga seleksi untuk perbaikan sifat menjadi kurang efektif. Ragam genetik menjadi besar apabila galur berkerabat jauh, mendekati homosisogot, dan berasal dari persilangan induk-induk yang berbeda latar belakang genetik (Trustinah dan Iswanto, 2013)

#### **Jurnal 5: Analisis Kekerabatan Genetik Tanaman Padi (*Oryza sativa L.*) di Kabupaten Kampar dengan Menggunakan penanda *Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD)***

Ekstraksi DNA dilakukan menggunakan metode CTAB (Cetyl Trimetil Amonium Bromida). Metode ini memiliki kelebihan dibandingkan metode lain yaitu mudah pelaksanaannya, kemungkinan adanya enzim pendegradasi DNA lebih kecil dibandingkan metode lain (Rogers & Bendich, 1994), dapat diaplikasikan pada berbagai jenis jaringan tanaman seperti daun, benih, endosperm, dan lain-lain. Keberhasilan ekstraksi DNA dipengaruhi oleh jenis tanaman, material yang digunakan (Ausubel et al., 1994) serta kandungan kimia yang terdapat pada jaringan tanaman tersebut (Pharmawati, 2009). Dalam penelitian ini sampel tanaman padi yang digunakan adalah daun muda segar. Menurut Karsinah (1999) daun muda menghasilkan DNA lebih banyak dibandingkan dengan sampel dari daun tua. Hal ini karena daun muda tersusun dari sel-sel yang tumbuh aktif, belum banyak mengandung senyawa polifenol dan senyawa metabolit sekunder lainnya.

Seleksi Primer, Lima belas primer diseleksi untuk memilih primer yang akan digunakan untuk analisis RAPD selanjutnya. Pola pita lima belas primer yang diseleksi dapat dilihat pada Gambar 1. Adanya primer yang gagal diamplifikasi yaitu OPB-17. Hal ini diduga disebabkan oleh pertama, karena suhu annealing yang tidak sesuai dan mengakibatkan sekuen nukleotida primer yang digunakan tidak dapat berkomplemen dengan sekuen DNA template. Kedua, karena jauhnya jarak urutan sekuen DNA cetakan dengan komplemen basa primer. Ketiga, karena rendahnya kualitas DNA tanaman padi yang dihasilkan.

Seleksi primer dilakukan berdasarkan tingkat ketebalan pita dan polimorfik dari 15 primer yang sukses amplifikasi untuk analisis RAPD tanaman padi. Delapan primer yang terpilih adalah primer OPA-5, OPB-7, OPC-19, OPD-2, OPD-3, OPD-8, OPD-11, dan OPD-13. Primer ini dipilih karena menghasilkan pola pita yang mampu mengamplifikasi dengan jelas. Ruwaida (2009) menyatakan bahwa seleksi primer dilakukan untuk mencari primer yang dapat mengamplifikasi pita DNA yang jelas dan dalam jumlah banyak. Selain itu, seleksi primer juga dilakukan untuk mencari primer yang menghasilkan pita-pita yang polimorfik.

Hasil rekapitulasi ukuran fragmen DNA, jumlah lokus, jumlah lokus polimorfik, dan persentase lokus polimorfik masing-masing primer dapat dilihat pada Tabel 4. Jumlah lokus yang dihasilkan sangat bervariasi yaitu 1–9 lokus tergantung dari jenis primer yang digunakan. Jumlah lokus tertinggi diamati pada primer OPD-2 yaitu 9 lokus, diikuti oleh primer OPA-5 dan OPD-13 dengan 7 lokus sedangkan jumlah lokus terendah diamati pada primer OPA-7 yaitu 4 lokus. Total jumlah lokus yang dihasilkan oleh 8 primer yang digunakan adalah 48 lokus dengan rata-rata 6 lokus per primer. Ukuran pita DNA yang diperoleh berkisar dari 350-1700 bp. Rata-rata persentase lokus polimorfik dari 8 primer adalah 49.80%, dimana persentase lokus polimorfik tertinggi dihasilkan oleh primer OPA-7 yaitu 75%, sedangkan persentase lokus polimorfik terendah diamati pada primer OPD-13 yaitu 14.28%.

Menurut Chaturvedi dan Fujita (2006), polimorfisme dapat dihasilkan karena perbedaan pola fragmen sebagai akibat penggunaan primer tertentu. Polimorfisme yang dihasilkan dalam analisis RAPD merupakan hasil dari beberapa peristiwa, yaitu i) insersi fragmen DNA yang besar diantara tempat penempelan primer yang melebihi kemampuan PCR sehingga tidak ada fragmen yang terdeteksi, ii) insersi atau delesi kecil utas DNA yang menyebabkan perubahan ukuran fragmen amplifikasi, (iii) delesi salah satu tempat penempelan primer sehingga mengakibatkan hilangnya fragmen atau meningkatnya ukuran fragmen, (iv) substitusi satu nukleotida pada satu atau dua tempat sasaran primer yang mempengaruhi proses annealing, yang berakibat pada ada atau tidaknya polimorfisme atau merubah ukuran fragmen (Weising et al., 2005). Besarnya tingkat polimorfisme yang dihasilkan dipengaruhi oleh genotipe yang diuji, jenis dan jumlah primer yang digunakan (Rosmaina dan Zulfahmi, 2013).

#### **Jurnal 6 : Genetic Consequences of the Transatlantic Slave Trade in the Americas**

Jurnal ini mencakup penelitian tentang keturunan genetik dan analisis struktur populasi di Afrika Atlantik dan Amerika menggunakan teknik seperti ordinasasi, ADMIXTURE, dan analisis komponen utama. Studi ini menganalisis data susunan genotipe dari 50.281 peserta penelitian di Amerika, membandingkannya dengan dokumen pengiriman historis untuk memahami konsekuensi genetik dari perdagangan budak transatlantik. Lanskap genetik Amerika sejalan dengan harapan dari dokumentasi pelayaran budak, menunjukkan hubungan genetik antara individu di wilayah perdagangan budak di Afrika dan wilayah pendaratan di Amerika. Meskipun ada korelasi yang signifikan antara jumlah embarkasi dari Afrika dan keterkaitan genetik di seluruh Amerika, wilayah tertentu seperti Amerika Serikat dan Amerika Selatan utara menunjukkan sedikit kesamaan genetik dengan Senegambia dibandingkan dengan catatan

sejarah. Representasi yang berlebihan dari nenek moyang Nigeria di beberapa bagian Amerika dijelaskan oleh perdagangan intra-Amerika, sementara kurangnya representasi nenek moyang Senegambian terkait dengan praktik perdagangan awal dan tingkat kematian yang tinggi dari wilayah. Variasi keturunan Afrika di seluruh Amerika, termasuk bias seks wanita Afrika yang lebih tinggi, dikaitkan dengan faktor sosial ekonomi, campuran laki-laki non-Afrika, dan perlakuan keras terhadap individu yang diperbudak.

Kesimpulan dari penelitian ini yaitu Temuan penelitian menunjukkan bahwa perkiraan nenek moyang genetik mengungkapkan berbagai tingkat nenek moyang Afrika di berbagai wilayah di Amerika, dengan nenek moyang Afrika sub-Sahara tertinggi diamati di Karibia Inggris dan Amerika Serikat. Perbandingan antara data genetik dan catatan embarkasi historis mendukung gagasan bahwa lebih banyak embarkasi keluar dari Afrika sesuai dengan peningkatan koneksi leluhur ke Amerika, menekankan pentingnya konteks sejarah dalam memahami hubungan genetik

**Jurnal 7 : Insights into human genetic variation and population history from 929 diverse genomes**

Jurnal ini membahas tentang analisis genomik untuk memahami asal usul pertanian di Timur Dekat kuno, pencampuran Denisovan dalam data sekuens manusia, multiple leluhur Denisovan di Papua, DNA Paleolitik dari Kaukasus, dan alat untuk menganalisis variasi genetik dalam genom referensi. Data yang didapatkan dari jurnal ini mencakup genom manusia dari berbagai populasi, analisis genomik untuk memahami asal usul pertanian di Timur Dekat kuno, pencampuran Denisovan dalam data sekuens manusia, multiple leluhur Denisovan di Papua, DNA Paleolitik dari Kaukasus, dan alat untuk menganalisis variasi genetik dalam genom referensi. Faktor variasi genetik dapat dipengaruhi oleh sejumlah faktor, termasuk asal usul geografis, sejarah populasi, migrasi, dan pencampuran antar populasi.

Kesimpulan dari hasil penelitian ini adalah bahwa analisis genomik dari berbagai populasi manusia telah memberikan wawasan yang berharga tentang keragaman genetik manusia, sejarah populasi, dan proses evolusi yang membentuk keberagaman manusia. Penelitian ini menyoroti pentingnya penemuan varian genetik secara tidak biasa melalui sekuensing genom lengkap dan batasan penggunaan array genotyping. Selain itu, penelitian ini juga mengungkapkan pemisahan populasi yang dalam di Afrika, perbedaan sejarah ukuran populasi antara kelompok pemburu-pengumpul dan petani, serta kontribusi multiple leluhur Denisovan pada populasi manusia saat ini. Penelitian ini memberikan wawasan yang berharga tentang keragaman genetik manusia dan sejarah populasi.

**Jurnal 8 : Aglobal reference for human genetic variation**

Jurnal ini membahas tentang Proyek 1000 Genom Consortium dan pekerjaan mereka pada panel referensi haplotipe. Mereka menganalisis data genetik dari berbagai populasi untuk meningkatkan akurasi imputasi dan resolusi studi asosiasi genetik. Panel referensi baru meningkatkan jumlah varian yang diimputasi, terutama varian langka, dan meningkatkan akurasi imputasi. Studi ini juga mengidentifikasi varian yang berpotensi penyebab untuk degenerasi makula terkait usia dan menyoroti perbedaan dalam varian penanda antar populasi. Temuan tersebut menunjukkan bahwa imputasi dan studi GWAS dapat mendapatkan manfaat dari ukuran sampel yang lebih besar dan populasi yang beragam. Proyek 1000 Genom telah membuat kemajuan signifikan dalam generasi data sekuens, analisis, dan penyaringan, menghasilkan peta komprehensif variasi genetik manusia. Proyek ini telah mengidentifikasi varian langka dan umum, diferensiasi populasi, dan eQTL di berbagai populasi. Data dan sampel dari proyek ini adalah sumber daya berharga untuk mempelajari variasi genetik dan dampaknya pada fenotipe molekuler dan penyakit. Proyek 1000 Genom telah menyelesaikan sekuensing genom 2.504



individu dari 26 populasi, mengidentifikasi lebih dari 88 juta varian genetik. Proyek ini memberikan referensi komprehensif untuk variasi genetik manusia, membantu dalam studi penyakit umum dan memungkinkan desain array, imputasi genotipe, dan katalogisasi varian. Proyek ini mengungkap wawasan tentang sejarah populasi, demografi, dan target potensial adaptasi terbaru. Sebagian besar varian adalah langka, dengan sebagian besar varian umum dibagikan di antara populasi. Proyek ini secara signifikan meningkatkan penemuan varian dan akurasi genotipe dibandingkan dengan rilis sebelumnya.

Faktor yang menyebabkan variasi genetik antara populasi adalah adanya perbedaan dalam sejarah populasi dan adaptasi genetik terbaru. Variasi genetik juga dipengaruhi oleh adanya perbedaan dalam pola pembagian varian genetik di antara individu dan populasi. Penelitian ini menghasilkan temuan bahwa penggunaan panel referensi haplotipe baru meningkatkan jumlah varian yang diimputasi, terutama varian langka, dan meningkatkan akurasi imputasi. Mereka juga berhasil mengidentifikasi varian yang berpotensi menjadi penyebab degenerasi makula terkait usia dan menyoroti perbedaan dalam varian penanda antar populasi. Hasil penelitian ini menunjukkan bahwa imputasi dan studi asosiasi genetik dapat mendapatkan manfaat dari ukuran sampel yang lebih besar dan populasi yang beragam. Kesimpulannya, Proyek 1000 Genom telah membuat kemajuan signifikan dalam pemahaman variasi genetik manusia, memberikan sumber daya berharga untuk studi penyakit umum, dan memberikan wawasan tentang sejarah populasi dan adaptasi genetik terbaru.

#### **Jurnal 9 : Genetic variation and phylogenetic relationships of *Thelymitra javanica* (Orchidaceae: Orchidoideae) in East and Central Java, Indonesia**

Jurnal ini membahas tentang konservasi *Thelymitra javanica*, sebuah spesies anggrek terestrial yang ditemukan di Jawa Timur dan Tengah, Indonesia. Studi ini menyoroti ancaman yang dihadapi oleh spesies tersebut seperti fragmentasi habitat, kebakaran, dan kehilangan spesies kunci. Upaya konservasi diperlukan untuk melindungi ukuran populasi dan keragaman genetik *T. javanica*. Studi ini didanai oleh Kementerian Pendidikan dan Kebudayaan Indonesia dan Fakultas Biologi Universitas Gadjah Mada. Para peneliti berterima kasih kepada Lembaga Ilmu Pengetahuan Indonesia atas bantuannya. Studi ini memberikan wawasan berharga tentang filogenetika dan konservasi *T. javanica*.

Data yang ditemukan mencakup daftar spesies dan kode akses untuk analisis molekuler dalam studi ini. Sampel yang diperoleh dari GenBank ditandai dengan tanda asterisk. Contoh spesies yang terdaftar adalah *Thelymitra javanica* dengan kode akses MG978402 hingga MG978412. Studi ini menemukan variasi genetik dan hubungan filogenetik dari *Thelymitra javanica* di Jawa Timur dan Tengah, Indonesia. Penyebab variasi genetik pada *Thelymitra javanica* dapat disebabkan oleh faktor-faktor seperti isolasi habitat dan plastisitas morfologis. Penelitian ini menyoroti pentingnya pendekatan molekuler dalam taksonomi tumbuhan dan perlunya konservasi *Thelymitra javanica* karena pola distribusi dan keragaman genetiknya yang unik. Studi ini menunjukkan bahwa *T. javanica* tidak menunjukkan variasi dalam komposisi nukleotida dan memiliki hubungan dekat dengan spesies *Thelymitra* lainnya seperti *T. longifolia*. Selain itu, penelitian ini juga mengungkapkan bahwa *T. javanica* tergolong dalam dua kelompok dalam pohon filogenetik, bersama dengan spesies lain seperti *T. benthamiana*, *T. cyanea*, *T. flexuosa*, dan *E. grandiflorum*. Penelitian ini memberikan wawasan yang berharga tentang filogenetika dan konservasi *T. javanica* di Jawa serta implikasinya untuk penelitian masa depan.

Penelitian ini menyimpulkan bahwa *Thelymitra javanica* di Jawa Timur dan Jawa Tengah tidak menunjukkan variasi dalam komposisi nukleotida berdasarkan sekuens ITS-nrDNA. Spesies

ini memiliki hubungan dekat dengan *Thelymitra longifolia* dari Selandia Baru. Studi ini menyoroti pentingnya pendekatan molekuler dalam taksonomi tumbuhan dan perlunya konservasi *T. javanica* karena keunikan genetiknya dan pola distribusinya.

### **Jurnal 10 : Variasi Genetik Kambing Senduro Dan Peranakan Etawa (PE) Berdasarkan Sekuen Gen CYT-B (CYTOCHROME B) Dengan Metode Polymerase Chain Reaction**

Jurnal ini membahas variasi genetik pada kambing Senduro dan Peranakan Etawa menggunakan sekuens nukleotida gen Cytochrome-b. Studi tersebut melibatkan identifikasi mutasi, termasuk missense mutation dan frameshift mutation, serta analisis keragaman genetik antara kedua jenis kambing tersebut. Studi ini penting untuk seleksi pejantan unggul dalam program breeding ternak. Studi ini membahas variasi genetik antara kambing Senduro dan Peranakan Etawa menggunakan sekuens nukleotida gen Cytochrome-b. Hasil penelitian menunjukkan adanya perbedaan basa nukleotida antara kedua jenis kambing tersebut, dengan tingkat keragaman genetik yang tinggi. Mutasi yang diidentifikasi termasuk missense mutation dan frameshift mutation. Variasi genetik yang tinggi mungkin disebabkan oleh kondisi geografis yang berbeda antara kambing Senduro dan Peranakan Etawa. Studi ini penting untuk seleksi pejantan unggul dalam program breeding ternak.

Berdasarkan informasi yang diberikan dalam kutipan tersebut, kesimpulan penelitian ini adalah bahwa terdapat variasi genetik yang signifikan antara kambing Senduro dan Peranakan Etawa, termasuk adanya mutasi seperti missense mutation dan frameshift mutation. Tingkat keragaman genetik yang tinggi mungkin disebabkan oleh perbedaan kondisi geografis antara kedua jenis kambing tersebut. Studi ini penting untuk pemilihan pejantan unggul dalam program breeding ternak di BBIB Singosari.

### **KESIMPULAN**

Berbagai penelitian telah menunjukkan pentingnya analisis genetik dalam memahami keragaman dan hubungan kekerabatan antara spesies dan varietas tanaman serta hewan. Pada cabai (*Capsicum annum L.*) hasil iradiasi sinar gamma, terjadi perubahan genetik signifikan yang terdeteksi melalui penanda mikrosatelit, yang mengindikasikan potensi besar untuk pemuliaan varietas unggul. Analisis genetik pada kerbau Pacitan dan Tuban juga menunjukkan variasi alel yang berbeda, sementara penelitian pada ikan lemuru (*Sardinella lemuru*) di Selat Bali mengungkapkan hubungan kekerabatan erat dengan populasi di perairan lain, dipengaruhi oleh Arus Lintas Indonesia. Iradiasi sinar gamma pada mentimun Madura menghasilkan keragaman genetik yang luas, yang penting untuk seleksi tanaman unggul. Pada padi di Kabupaten Kampar, penggunaan penanda RAPD mengidentifikasi keragaman genetik yang signifikan antar genotipe. Studi genetik manusia mengungkapkan nenek moyang Afrika yang bervariasi di Amerika dan memberikan wawasan tentang sejarah populasi dan adaptasi genetik terbaru. Pada *Thelymitra javanica*, tidak ditemukan variasi genetik berdasarkan sekuens ITS-nrDNA, namun menunjukkan hubungan dekat dengan spesies dari Selandia Baru. Variasi genetik kambing Senduro dan Peranakan Etawa menunjukkan mutasi yang signifikan, penting untuk program breeding ternak. Penelitian-penelitian ini menegaskan pentingnya metode genetik dalam konservasi, pemuliaan, dan pemahaman evolusi berbagai spesies.

### **DAFTAR PUSTAKA**

*Adimiharja, J. (2019). VARIASI FENOTIPIK, GENETIK, DAN HERITABILITAS KARAKTER AGRONOMI GALUR F4 HASIL PERSILANGAN TANAMAN PADI (Oryza sativa L.) VARIETAS UNGGUL LOKAL. Universitas Lampung.*

- Arifin, J., Halwati, U., Setyowati, E. Y., Indrijani, H., & Anang, A. (2018). DAMPAK MIGRASI GEN PO TERHADAP HOMOSIGOSITAS POPULASI SAPI PASUNDAN DI PURWAKARTA JAWA BARAT. *Prosiding Seminar Teknologi Dan Agribisnis Peternakan VI: Pengembangan Sumber Daya Genetik Ternak Lokal Menuju Swasembada Pangan Hewani ASUH*, Fakultas Peternakan Universitas Jenderal Soedriman,.
- Aziz, I. R. (2019). Kromosom Tumbuhan sebagai marka genetik. *Jurnal Teknosains*, 13(2).
- Carlen, C. Y., Yuda, I. P., & Zahida, F. (2015). KEANEKARAGAMAN GENETIK DAN IDENTIFIKASI JENIS KELAMIN *Lonchura fuscans* SECARA MOLEKULER. UAJY.
- Herman, Sunardi, & Famuji, T. stiyo. (2023). Proses implementasi bioinformartika pada digitalisasi data genetika manusia. *SIMETRIS*, 14(1).
- Johansson, E., & Mersha, T. B. (2021). *Genetics of food allergy*. *PMC*, 41(2), 301–319.
- Nusantari, E. (2014). *GENETIKA : Belajar Genetika dengan Mudah & Komprehensif*. Deepublish Publisher.
- Pathak, I., & Bordoni, B. (2024). *Genetics, Chromosomes*. Statpearls publishing.
- Prem, P., Muneshwar, K. N., Agrawal, S., & Jaiswal, A. (2023). *The Impact of Increased Homozygosity on Human Fertility: A Comprehensive Review*. Cureus.
- Suza, W., Lamkey, K., Beavis, W., Campbell, A., Edwards, J., Fei, S.-Z., Lübberstedt, T., Merrick, L., & Muenchrath, D. (2023). *Crop Genetics*. Iowa State University Digital Press.