

# Keragaman Genetik Aksesi Jewawut (*Setaria italica* L.) Indonesia Berdasarkan Penanda Mikrosatelit

Ramlah Ramlah<sup>1\*</sup>, Astina Astina<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Program Studi Pendidikan Biologi, Fakultas Keguruan, dan Ilmu Pendidikan, Universitas Sulawesi Barat  
Jl. Prof. Dr. Baharuddin Lopa, S.H, Talumung, Kabupaten Majene 91412, Sulawesi Barat, Indonesia

<sup>2</sup>Program Studi Agribisnis, Fakultas Pertanian, dan Kehutanan, Universitas Sulawesi Barat  
Jl. Prof. Dr. Baharuddin Lopa, S.H, Talumung, Kabupaten Majene 91412, Sulawesi Barat, Indonesia

\*Email: [ramlah@unsulbar.ac.id](mailto:ramlah@unsulbar.ac.id)

## Abstract

Jewawut (*Setaria italica* (L.) P. Beauv.) merupakan tanaman cerealia minor dengan potensi strategis untuk ketahanan pangan dan diversifikasi nutrisi di era perubahan iklim. Meskipun Indonesia sebagai negara megabiodiversitas memiliki plasma nutfah jewawut yang beragam, keragaman genetik aksesi lokal masih belum terdokumentasi secara komprehensif. Penelitian ini bertujuan menganalisis keragaman genetik 11 aksesi jewawut Indonesia menggunakan 18 penanda mikrosatelit (SSR) yang tersebar pada 9 kromosom. DNA diekstraksi dari daun muda, diamplifikasi dengan PCR, dan dianalisis menggunakan elektroforesis poliakrilamida 8%. Kandungan informasi polimorfik (PIC) dihitung menggunakan formula Nei, analisis klaster dilakukan dengan metode UPGMA (NTSYS-pc 2.1), dan analisis kofenetic menggunakan Winboot. Hasil penelitian menunjukkan tingkat polimorfisme yang sangat tinggi dengan nilai PIC rata-rata 0,79 (berkisar 0,67–0,99), dengan 83,3% penanda sangat informatif (PIC > 0,5). Koefisien kesamaan genetik berkisar 0,54–0,74, menghasilkan dua klaster utama: Klaster I (4 aksesi) dan Klaster II (7 aksesi). Jarak genetik antar aksesi berkisar 0,26–0,55, dengan pasangan terdekat TRSLB-WKNTK (0,26) dan terjauh TRBLW-TRSLB (0,55). Pola pengelompokan tidak sepenuhnya mengikuti asal geografis, mengindikasikan bahwa seleksi petani lokal dan adaptasi lingkungan lebih dominan membentuk struktur genetik. Aksesi TRSLB menunjukkan keunikan genetik tinggi sebagai sumber gen potensial. Keragaman genetik yang tinggi ini menyediakan peluang signifikan untuk pembentukan hibrida lokal adaptif, konservasi plasma nutfah berkelanjutan, dan program pemuliaan terarah yang mendukung diversifikasi pangan dan ketahanan pangan nasional.

**Keywords:** Jewawut; *Setaria italica*; Plasma Nutfah; Mikrosatelit; Keragaman genetik; SSR

## 1. Pendahuluan

Ancaman perubahan iklim terhadap ketahanan pangan global menuntut diversifikasi sumber karbohidrat di luar cerealia utama. Jewawut (*Setaria italica* (L.) P. Beauv.) muncul sebagai kandidat strategis dengan keunggulan toleransi kekeringan, adaptasi lahan marginal, dan umur panen singkat (75–90 hari) (Sher *et al.*, 2019). Jewawut yang sering dikenal sebagai "nutri-cereals", telah mendapatkan kembali minat global karena banyaknya manfaat kesehatan, komposisi nutrisi yang kaya, dan ketahanan terhadap kondisi iklim ekstrem (Mohanhan *et al.*, 2025). Tanaman ini telah lama didomestikasi dan dikonsumsi secara luas sebagai makanan pokok di daerah semi-kering Asia Timur (China, India, Rusia, Jepang, dan Korea) dan masih menjadi makanan penting di wilayah tersebut (Bhat *et al.*, 2018; Harish *et al.*, 2024; Nagaraja *et al.*, 2024). Jewawut sebagai tanaman C4 dengan kekerabatan dekat dengan rumput biofuel, jewawut menunjukkan toleransi sangat baik terhadap stres abiotik dan merespons kondisi nitrogen dan fosfat rendah dengan penyesuaian sistem perakaran (Kumari *et al.*, 2024; Nadeem *et al.*, 2020).

Di Indonesia, jewawut dapat ditemukan di beberapa daerah, termasuk Sulawesi Barat dan Sulawesi Selatan, Pulau Buru, Nusa Tenggara Timur, Bangka Belitung, Jawa Tengah, Papua, Bengkulu, Sumatera Selatan, dan Jawa Barat. Petani dan masyarakat lokal di Indonesia memanfaatkan jewawut sebagai tanaman pangan alternatif pengganti beras dalam budaya lokal (Ramlah *et al.*, 2020).

Kondisi ketahanan pangan global yang semakin terancam oleh perubahan iklim dan pertumbuhan populasi, jewawut menawarkan potensi strategis yang belum termanfaatkan secara optimal. Tanaman ini memiliki keunggulan komparatif berupa toleransi tinggi terhadap cekaman kekeringan, dan kandungan nutrisi yang superior dibandingkan cerealia utama (Yadaf dan Prasad, 2017). Jewawut mengandung protein tinggi, serat pangan, mineral penting seperti besi dan zinc, serta memiliki indeks glikemik rendah yang bermanfaat bagi penderita diabetes (Chandrasekara *et al.*, 2012; Singh *et al.*, 2017). Keunggulan agronomi dan nutrisi ini menjadikan jewawut sebagai kandidat potensial untuk mendukung program diversifikasi pangan dan perbaikan gizi masyarakat.

Indonesia sebagai negara megabiodiversitas memiliki kekayaan plasma nutfah jewawut yang sangat beragam. Informasi tentang keanekaragaman hayati sangat penting untuk strategi pemuliaan dan pengelolaan (du Plessis *et al.*, 2019). Hal ini dapat mendukung keberlanjutan plasma nutfah tanaman dan kegiatan pemuliaan oleh petani dan pemulia tanaman (Liu *et al.*, 2022). Baik petani maupun pemulia memanfaatkan keanekaragaman hayati dengan mengidentifikasi varietas tanaman tradisional dan yang lebih beradaptasi dengan berbagai kondisi lingkungan (Brauner *et al.*, 2019). Karakterisasi molekuler plasma nutfah tanaman yang dikumpulkan dapat membantu menentukan secara efisien sifat-sifat berharga dan aspek-aspek penting sumber daya genetik yang dapat berfungsi sebagai bahan awal untuk program pemuliaan tanaman (Cao *et al.*, 2012). Sifat-sifat unggul yang sesuai dan

variabel molekuler dari aksesi harus dipertimbangkan secara cermat dan memadai untuk melestarikan sumber daya genetik, memperluas lungkang gen (Salgotra *et al.*, 2023). Identifikasi gen-gen esensial yang berkontribusi terhadap keanekaragaman total dan pengetahuan rinci tentang aksesi merupakan langkah pertama untuk melakukan studi molekuler; hal ini diperlukan untuk kelangsungan hidup populasi, mendukung kemampuan adaptasi suatu spesies terhadap lingkungannya (Salgotra *et al.*, 2023).

Informasi tentang struktur keragaman genetik, hubungan kekerabatan, dan pola distribusi alel antaraksesi sangat diperlukan untuk merancang strategi konservasi yang efektif, identifikasi aksesi unggulan, serta perencanaan program pemuliaan tanaman yang terarah. Pemahaman mendalam tentang keragaman genetik juga memfasilitasi eksplorasi gen-gen penting yang mengontrol karakter agronomis dan adaptasi terhadap cekaman lingkungan, yang dapat dimanfaatkan dalam pengembangan varietas unggul di masa mendatang.

Menurut Siswati *et al.*, (2015), salah satu faktor yang harus diketahui dalam perakitan varietas untuk perbaikan genetik tanaman adalah mengidentifikasi tetua persilangan melalui kegiatan karakterisasi untuk mendapatkan sumber plasma nutfah yang informatif. Penanda molekuler telah dilakukan menggunakan penanda molekuler untuk mempelajari dan menyelidiki keragaman genetik jawa-wut, seperti Simple Sequence Repeats (SSRs) atau mikrosatelit (Chander *et al.*, 2017; Liu *et al.*, 2022; Palakurthi *et al.*, 2023; Jorben *et al.*, 2024; Bisoriya *et al.*, 2025; Lv *et al.*, 2025). SSR lebih reproduksibel, kodominan, mengandung motif pendek 1-6 bp yang berulang secara tandem (Sandhu *et al.*, 2015), sangat informatif, sering ditemukan pada sebagian besar eukariota, dan memiliki tingkat polimorfisme yang tinggi (Gupta *et al.*, 2012), dan dapat dideteksi bahkan pada DNA berkualitas rendah (Abdurakhmonov, 2016).

Di Indonesia, penelitian karakterisasi molekuler jawa-wut masih sangat terbatas dibandingkan serealia utama. Sebagian besar penelitian berfokus pada karakterisasi morfologi-agronomi, sementara informasi keragaman genetik level molekuler masih minim. Kondisi ini menyebabkan potensi genetik plasma nutfah jawa-wut Indonesia belum terdokumentasi optimal, padahal keragaman geografis dan agroekologi Indonesia yang luas sangat dimungkinkan menyimpan alel unik bernilai tinggi untuk program pemuliaan. Penelitian ini bertujuan menganalisis keragaman genetik aksesi jawa-wut Indonesia menggunakan penanda mikrosatelit untuk mendukung konservasi dan pemanfaatan plasma nutfah dalam program pemuliaan tanaman.

## 2. Metodologi

### Sampel Tanaman

Sebanyak 11 aksesi plasma nutfah jawa-wut dipilih dari beberapa daerah di Indonesia (Tabel 1). Penelitian ini dilaksanakan di Laboratorium Molekuler, Laboratorium Unit Penunjang Akademik (UPA) Terpadu, Universitas Sulawesi Barat & Laboratorium Molekuler, Balai Perakitan dan Pengujian Tanaman Serealia, Indonesia. Penelitian

dilaksanakan selama 4 bulan mulai Agustus-November 2024.

**Tabel 1.** Plasma nutfah jawa-wut

ID Sampel	Kabupaten	Propinsi
JWTBB	Bangka	Kepulauan Bangka Belitung
BPNTM	Sumba Barat Daya	Nusa Tenggara Timur
WKNTM	Nagekeo	Nusa Tenggara Timur
WKNTK	Nagekeo	Nusa Tenggara Timur
JWTSS	Enrekang	Sulawesi Selatan
BTMSB	Mamasa	Sulawesi Barat
JWPKM	Teluk Wondama	Papua Barat
JWTWT	Kota Bima	Nusa Tenggara Barat
TRMNA	Polewali Mandar	Sulawesi Barat
TRBLW	Polewali Mandar	Sulawesi Barat
TRSMB	Polewali Mandar	Sulawesi Barat

### Ekstraksi DNA

Bahan yang digunakan adalah daun muda dari masing-masing aksesi, buffer ekstraksi CTAB (*Cetyl Trimethyl Ammonium Bromide*) untuk menghancurkan sel, mengurai protein, dan memisahkan karbohidrat dari asam nukleat,  $\beta$ -mercaptoethanol untuk menghambat proses oksidasi pada DNA, juga berperan mendegradasi protein, Chloroform isoamyl alkohol untuk memisahkan supernatant dengan kompleks larutan dan debri sel, isopropanol dingin sebagai fiksatif untuk menarik air/mengkondisikan dehidrasi yang menyebabkan terbentuknya DNA yang tidak larut, ethanol 70% untuk purifikasi DNA, buffer Tris EDTA (TE) untuk presipitasi dan molarutkan DNA.

### Uji Kualitas dan Kuantitas DNA

Untuk uji kualitas bahan yang digunakan yaitu gel agarose 1 %, loading dye sebagai pemberat DNA, buffer TBE 0,5x sebagai pelarut agarose, dan lambda DNA standar 50, 100, 200 dan 300 ul sebagai penanda, Ethidium bromide (EtBr) 10 mg/ml, dan kertas parafilm. Untuk uji kuantitas bahan yang digunakan yaitu stok DNA hasil ekstraksi, nanopure untuk blank di spektrophotometer.

### Polymerase Chain Reaction (PCR)

Bahan yang digunakan dalam reaksi PCR (Tabel 2) adalah sampel DNA yang telah diekstraksi dan digunakan sebagai template, master mix yang terdiri dari larutan yang mengandung enzim Taq DNA polimerase untuk pemanjangan rantai, larutan dNTP (dATP, dGTP, dCTP, dan dTTP) sebagai bahan sintesis DNA dan larutan buffer PCR+MgCl<sub>2</sub> dan Primer SSR, mineral oil untuk menjaga DNA agar tidak menguap/kering. Proses amplifikasi sebanyak 35 siklus (Tabel 3).

**Tabel 2.** Campuran untuk reaksi PCR

No.	Larutan Stok	Volume (μl)
1.	MyTaq HS Red Mix, 2x (Bioline)	6,25

2.	Primer mix (F dan R)	0,5
3.	Air ultrapure steril	2,25
4.	Template DNA	1
	Volume total	10

**Tabel 3.** Siklus reaksi PCR

Step	Reaksi	Temperatur (°C)	Waktu	Siklus
1	<i>Initial</i>	94	4 menit	
2	<i>denaturation</i>	94	40 detik	
3	<i>Denaturation</i>	50-57	40 detik	35
4	<i>Annealing</i>	72	1 menit	
5	<i>Extension</i>	72	5 menit	
6	<i>Final extension</i>	4	α	
	<i>Soak</i>			

### **Elektroforesis**

Bahan yang digunakan pada gel elektroforesis yaitu Acrylamide 8%, TEMED (*N,N,N',N'-tetramethyl ethylenediamine*), APS (*Ammonium persulfat*), NaOH (*Natrium Hidroksida*) (Tabel 4), silver nitrat sebagai pewarna gel, TBE 0,5X, kimwipes, marker DNA sebagai acuan untuk mengetahui ukuran DNA hasil amplifikasi PCR, Aquades, formaldehid, aluminium foil, dan plastik bening.

**Tabel 4.** Bahan untuk pembuatan PAGE 8%

No	Bahan	Volume
1.	8% Acrylamide	100 ml
2.	TEMED ( <i>N, N, N', N'-tetramethyl ethylenediamine</i> )	100 µl
3.	APS ( <i>Ammonium persulfate</i> )	1000 µl

### **Analisis Data**

Data yang diperoleh dari hasil dokumentasi gel elektroforesis berupa pita-pita DNA dengan ukuran tertentu, dikonversi menjadi data biner dengan melakukan scoring pita DNA. Analisis data didasarkan ada/tidaknya pita yang terbentuk pada gel, dengan ketentuan, jika ada pita diskor 1 dan jika tidak ada pita diskor 0. Hasil scoring dibuat dalam tabel menggunakan Microsoft Excel. Hasil scoring dimasukkan kedalam kolom sesuai dengan nama individu dan ukuran pita masing-masing primer. Ukuran pita DNA ditentukan dengan membandingkan jarak perpindahan pita DNA sampel dengan jarak migrasi penanda DNA (*PhiX174 markers*). Untuk masing-masing lokus SSR, dilakukan perhitungan terhadap jumlah alel rata-rata per lokus dan informasi tingkat polimorfisme (PIC). Nilai PIC (Smith, *et al.*, 2000) dihitung mengikuti Nei, (1978) dengan persamaan:

$$PIC = 1 - \sum_{i=1}^n f_i^2$$

$$i = 1, 2, 3, \dots, n$$

Keterangan:

PIC = Polymorphic Information Content (tingkat polimorfisme)

$f_i^2$  = Frekuensi alel ke-i

Analisis klaster didasarkan pada lokus SSR dan dibentuk berdasarkan matriks jarak genetik menggunakan metode pautan rata-rata UPGMA (*Unweighted Pair-Group Method with Arithmetic average*) dengan alat program

NTSYS-pc 2.1 (Rohlf 2000) . Tingkat kemiripan genetik (GS=genetik similarity) diestimasi dengan menggunakan koefisien Jaccard (Pabendon *et al.*, 2008; Sutoro *et al.*, 2017; Muis *et al.*, 2013) dengan formula:

$$S = m / (n + u)$$

m = jumlah pita (alel) DNA yang sama posisinya,

n = total pita (alel) DNA,

u = jumlah pita (alel) DNA yang tidak sama posisinya.

Analisis matriks jarak genetik diperoleh dari hasil analisis kemiripan genetik (Lee, 1998), dengan formula:

$$S = 1 - GS$$

S = jarak genetik,

GS = kemiripan genetik (*genetik similarity*)

Analisis *Boot-Strapping* dilakukan untuk mengetahui tingkat kepercayaan pengelompokan dengan menggunakan program WinBoot. Koefisien korelasi kofenetik (r) juga dihitung yang dilanjutkan dengan uji Mantel (Mantel, 1967) untuk melihat goodness of fit dari hasil analisis klaster. Nilai r ditetapkan berdasarkan interpretasi koefisien kofenetik dari Rohlf dan Fisher (1968), di mana  $r > 0,9$  (*very good fit*),  $0,8 < r < 0,9$  (*good fit*),  $0,7 < r < 0,8$  (*poor fit*), dan  $r < 0,7$  (*very poor fit*). *Principal Coordinate Analysis* (PCA) (Dillon and Goldstein, 1984), dilakukan untuk mengetahui posisi relatif dari aksesi yang dianalisis pada ruang dua dimensi.

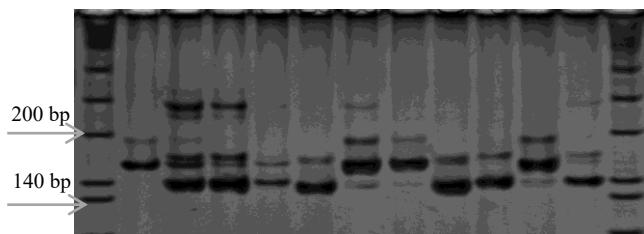
### **3. Hasil**

#### **Amplifikasi PCR-Mikrosatelit**

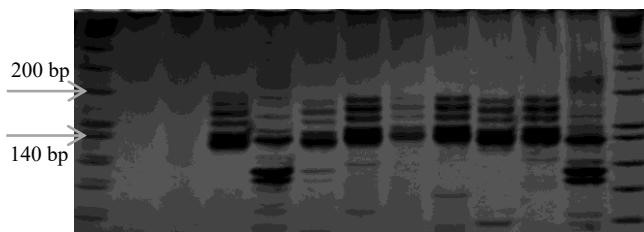
Amplifikasi DNA 11 aksesi jawa-wut Indonesia menggunakan 18 primer mikrosatelit menghasilkan pola pita yang jelas dan dapat dibaca dengan baik pada semua primer yang diuji. Visualisasi gel elektroforesis menunjukkan pita-pita DNA yang lugas dan polimorfik, mengindikasikan bahwa semua primer mampu mengamplifikasi sekuen target dengan efisien (disajikan sebagai representasi dari Gambar 1; Gambar 2; Gambar 3; dan Gambar 4). Total pita DNA yang dihasilkan adalah 99 pita dengan ukuran berkisar antara 104,5 bp hingga 427 bp (Tabel 4).

Analisis menunjukkan bahwa jumlah alel per primer bervariasi antara 1 hingga 12 alel, dengan rata-rata 5,50 alel per lokus. Primer b260 menghasilkan jumlah alel terbanyak (12 alel) dengan ukuran pita berkisar 134,5-226,7 bp, sedangkan primer SICAAS4037 hanya menghasilkan 1 alel pada ukuran 154,10 bp. Meskipun demikian, primer SICAAS4037 memiliki nilai PIC tertinggi (0,99), mengindikasikan tingkat polimorfisme yang sangat tinggi pada lokus tersebut.

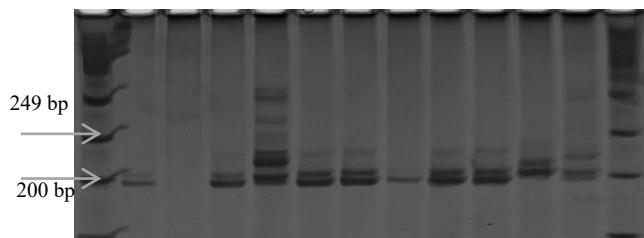
Tingkat polimorfisme (PIC) berdasarkan 18 primer SSR berkisar antara 0,67 (SICAAS7038 dan b258) hingga 0,99 (SICAAS4037) dengan nilai rata-rata 0,79. Nilai PIC rata-rata 0,79 dikategorikan sebagai "sangat polimorfik/polimorfik tinggi" menurut klasifikasi Botstein, *et al.*, (1980), menunjukkan bahwa penanda SSR yang digunakan sangat informatif dalam membedakan aksesi jawa-wut Indonesia. Tingginya nilai PIC mencerminkan adanya keragaman genetik yang signifikan di antara aksesi yang dianalisis.



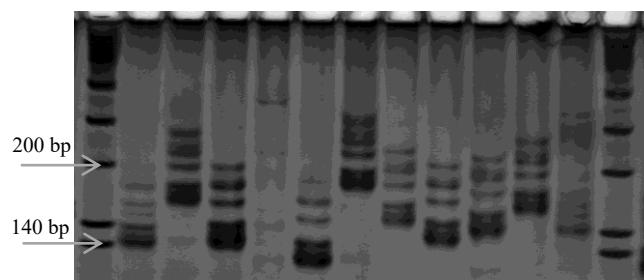
**Gambar 1.** Profil amplifikasi primer SSR SICAAS8028 pada 11 aksesi jewawut. M: marker DNA PhiX174; Lane 1-11: JWTBB, BPNTM, WKNTM, WKNTK, JWTSS, BTMSB, JWPKM, JWTWT, TRMNA, TRBLW, TRSLB. Ukuran pita 145,5-249 bp.



**Gambar 2.** Profil amplifikasi primer SSR SICAAS3010 pada 11 aksesi jewawut. M: marker DNA PhiX174; Lane 1-11: JWTBB, BPNTM, WKNTM, WKNTK, JWTSS, BTMSB, JWPKM, JWTWT, TRMNA, TRBLW, TRSLB. Ukuran pita 104,5-145,5 bp.



**Gambar 3.** Profil amplifikasi primer SSR b258 pada 11 aksesi jewawut. M: marker DNA PhiX174; Lane 1-11: JWTBB, BPNTM, WKNTM, WKNTK, JWTSS, BTMSB, JWPKM, JWTWT, TRMNA, TRBLW, TRSLB. Ukuran pita 200-227,2 bp



**Gambar 4.** Profil amplifikasi primer SSR b260 pada 11 aksesi jewawut. M: marker DNA PhiX174; Lane 1-11: JWTBB, BPNTM, WKNTM, WKNTK, JWTSS, BTMSB, JWPKM, JWTWT, TRMNA, TRBLW, TRSLB. Ukuran pita 134,5-226,7 bp

Hasil visualisasi pola pita DNA menggunakan 18 primer SSR terhadap 11 plasma nutfah jewawut menunjukkan bahwa 18 primer pada plasma nutfah jewawut dapat diamplifikasi dengan baik (Tabel 5). Hal ini dapat dilihat dari munculnya pita DNA yang mudah dibaca, keadaan pita yang lugas dan menghasilkan pita polimorfik. Pada beberapa primer, terdapat plasma nutfah jewawut yang mengalami missing data, yang ditandai dengan tidak adanya pita DNA pada gel. Adanya missing data dapat disebabkan karena cetakan DNA tidak menemukan

pasangan basa yang sesuai pada primer yang digunakan. Pada beberapa primer selain pita DNA, hasil elektroforesis DNA menunjukkan adanya material ikutan lain (smear) yang masih terbawa dan tampak tebal. Smear dapat disebabkan karena DNA masih mengandung protein dan RNA. Smear tersebut dapat berupa residu larutan yang masih terbawa selama isolasi (Thatcher, 2015).

Perbedaan jumlah pita yang dihasilkan oleh setiap primer berbeda-beda, dan hal ini disebabkan oleh perbedaan urutan basa nukleotida primer serta interaksi antara primer dan DNA cetakan. Primer yang digunakan tidak teramplifikasi dengan baik pada pasangan basa tertentu, sehingga pita DNA tidak terlihat, sehingga hanya sedikit DNA yang dapat diamati. Adanya fragmen pita yang tidak terlihat secara visual atau pita yang sangat tipis pada gel juga dapat disebabkan oleh konsentrasi DNA yang terlalu rendah (Arslan *et al.*, 2021). Primer selektif digunakan untuk menyeleksi fragmen berdasarkan komposisi basa dalam primer. Perbedaan komposisi basa primer menghasilkan fragmen teramplifikasi yang berbeda. Fragmen lainnya kemudian dibedakan berdasarkan ukurannya.

#### Profil Data Penanda SSR

**Tabel 5.** Profil Data 18 penanda SSR yang digunakan pada 11 plasma nutfah jewawut di Indonesia

No	Primer	Jumlah Alel	Ukuran Alel (bp)	PIC	Kategori
1	p92	6	151-183,6	0,80	Sangat informatif
2	b260	12	134,5-226,7	0,89	Sangat informatif
3	p80	5	189,1-235	0,73	Sangat informatif
4	SICAAS2017	5	145,5-183,6	0,79	Sangat informatif
5	SICAAS3010	6	104,5-145,5	0,84	Sangat informatif
6	SICAAS3052	7	184,9-243,5	0,84	Sangat informatif
7	SICAAS4010	6	127,1-156,7	0,80	Sangat informatif
8	SICAAS4037	1	154,10	0,99	Sangat informatif
9	SICAAS5013	7	118-151	0,83	Sangat informatif
10	SICAAS5034	5	145,5-171,4	0,72	Sangat informatif
11	SICAAS6035	8	120,7-190,2	0,88	Sangat informatif
12	SICAAS6055	4	200-311	0,68	Informatif
13	SICAAS7024	4	214,7-273,8	0,79	Sangat informatif
14	SICAAS7038	4	357,4-427	0,67	Informatif
15	SICAAS8028	5	145,5-249	0,74	Sangat informatif
16	b258	4	200-227,2	0,67	Informatif
17	SICAAS9054	4	140-161,5	0,75	Sangat informatif
18	SICAAS9095	6	165-228	0,80	Sangat informatif
<b>Total</b>		<b>99</b>	<b>104,5-427</b>	<b>14,21</b>	-
<b>Rata-rata</b>		<b>5,50</b>	-	<b>0,79</b>	Polimorfik Tinggi

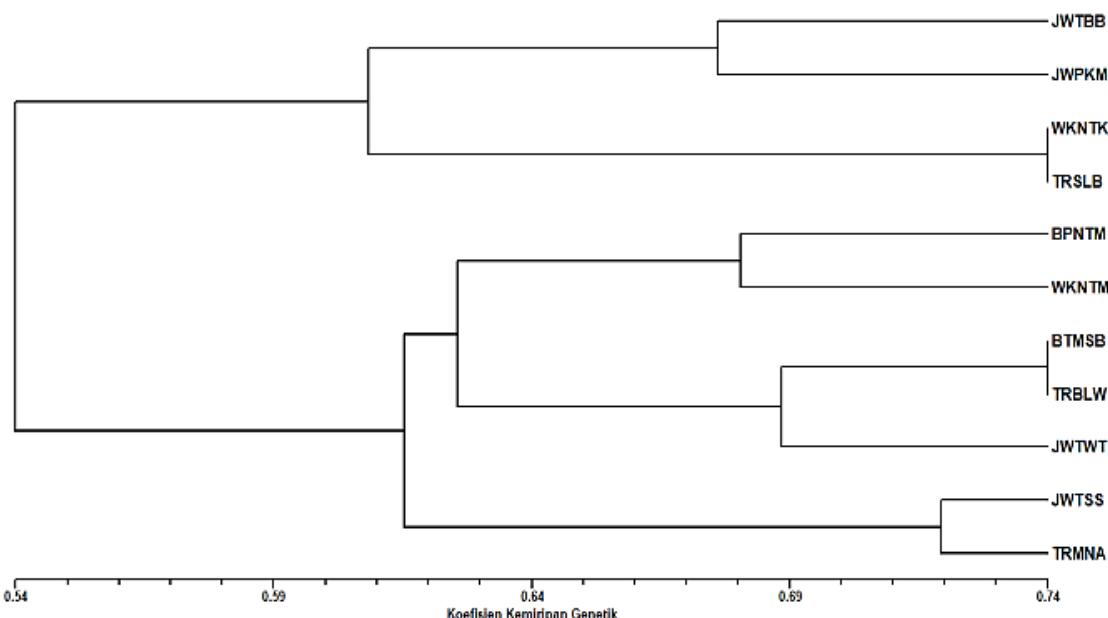
Keterangan: PIC (*Polymorphic Information Content*) diklasifikasikan berdasarkan Botstein, *et al.*, (1980): PIC > 0,5 = sangat informatif; 0,25 < PIC < 0,5 = cukup informatif; PIC < 0,25 = tidak informatif

## Analisis Keragaman Genetik dan Pengelompokan Aksesi

Analisis klaster berdasarkan 18 primer mikrosatelit menunjukkan bahwa koefisien kesamaan genetik (*genetic similarity*) antara aksesi jawa-wut berkisar antara 0,54 hingga 0,74 (Gambar 5). Pada tingkat koefisien kesamaan 0,54, sebanyak 11 aksesi jawa-wut terbagi menjadi dua klaster utama. Klaster I terdiri dari 4 aksesi (JWTBB, WKNTM, WKNTK, JWPKM), sedangkan Klaster II terdiri dari 7 aksesi (BPNTM, JWTSS, BTMSB, JWTWT, TRMNA, TRBLW, TRSLB).

Analisis matriks jarak genetik (Tabel 6) mengungkapkan bahwa jarak genetik antara aksesi berkisar antara 0,26 hingga 0,54. Pasangan aksesi dengan jarak

genetik terkecil adalah TRSLB dan WKNTK (0,26), mengindikasikan kemiripan genetik yang sangat tinggi antara keduanya dan menunjukkan kemungkinan asal genetik yang sama atau hubungan kekerabatan yang dekat. Sebaliknya, pasangan aksesi dengan jarak genetik terbesar adalah TRBLW dan TRSLB (0,55), menunjukkan perbedaan genetik yang substansial. Tingginya variasi genetik mencerminkan banyaknya keragaman gen antarindividu, yang membuat suatu spesies lebih mampu bertahan dan menyesuaikan diri ketika menghadapi perubahan lingkungan, serangan penyakit, atau perubahan iklim.



**Gambar 5.** Dendrogram aksesi jawa-wut di Indonesia yang dihasilkan oleh 18 primer SSR menggunakan program NTSYS-pc 2.1 (Bootstrap 1000x)

**Tabel 6.** Jarak genetik 11 aksesi jawa-wut yang dihasilkan oleh 18 penanda SSR

	JWTBB	BPNTM	WKNTM	WKNTK	JWTSS	BTMSB	JWPKM	JWTWT	TRMNA	TRBLW	TRSLB
<b>JWTBB</b>	0,00										
<b>BPNTM</b>	0,46	0,00									
<b>WKNTM</b>	0,48	0,32	0,00								
<b>WKNTK</b>	0,39	0,40	0,52	0,00							
<b>JWTSS</b>	0,43	0,42	0,40	0,54	0,00						
<b>BTMSB</b>	0,49	0,31	0,43	0,48	0,37	0,00					
<b>JWPKM</b>	0,33	0,52	0,45	0,45	0,49	0,38	0,00				
<b>JWTWT</b>	0,43	0,35	0,32	0,54	0,30	0,29	0,43	0,00			
<b>TRMNA</b>	0,43	0,42	0,34	0,41	0,28	0,39	0,41	0,34	0,00		
<b>TRBLW</b>	0,40	0,38	0,45	0,51	0,43	0,26	0,42	0,33	0,41	0,00	
<b>TRSLB</b>	0,35	0,44	0,49	<b>0,26</b>	0,45	0,51	0,38	0,43	0,33	<b>0,55</b>	0,00

Keterangan: Nilai dalam tabel menunjukkan jarak genetik (*Genetic Distance*) antara pasangan aksesi. Semakin kecil nilai, semakin dekat hubungan genetik. Nilai tebal menunjukkan jarak genetik terkecil (0,26) dan terbesar (0,55)

Dendrogram yang dihasilkan dari analisis UPGMA menunjukkan struktur hierarki pengelompokan aksesi yang jelas (Gambar 5). Aksesi dalam satu klaster memiliki garis penghubung yang lebih pendek, mencerminkan kesamaan genetik yang lebih tinggi. Koefisien korelasi kofenetik ( $r$ ) yang tinggi menunjukkan bahwa dendrogram yang dihasilkan merepresentasikan data jarak genetik dengan baik.

### **Karakteristik Genetik Aksesi Individual**

Analisis terhadap 11 aksesi, beberapa aksesi menunjukkan karakteristik genetik yang menonjol. Aksesi JWTBB dan JWPKM memiliki kekerabatan yang sangat dekat berdasarkan pengelompokan dendrogram dan garis penghubung yang pendek. Aksesi TRSLB menunjukkan profil genetik yang unik dengan jarak genetik yang relatif jauh dari sebagian besar aksesi lain, menjadikannya aksesi dengan keunikan genetik tinggi yang potensial sebagai sumber gen untuk program pemuliaan.

Distribusi aksesi dalam dendrogram mengungkapkan bahwa tidak semua aksesi mengelompok berdasarkan asal geografis. Aksesi dari Sulawesi (JWTSS, BTMSB, JWTWT, JWPKM) tersebar dalam klaster yang berbeda, begitu juga aksesi dari Nusa Tenggara (TRBLW, TRSLB, TRMNA). Pola pengelompokan ini menunjukkan adanya variasi genetik yang signifikan bahkan di antara aksesi yang berasal dari wilayah geografis yang sama.

### **Diskusi**

#### **Tingkat Polimorfisme dan Informatifitas Penanda Mikrosatelit**

Nilai PIC rata-rata 0,79 yang diperoleh dalam penelitian ini menunjukkan tingkat polimorfisme yang sangat tinggi dan konsisten dengan temuan penelitian sebelumnya pada jawa-wut. Pada penelitian Syahruddin *et al.*, (2021) menggunakan 27 primer SSR pada 14 aksesi jawa-wut, diperoleh nilai PIC rata-rata 0,50 dengan variasi 0,12 hingga 0,83. Perbedaan nilai PIC rata-rata antara penelitian ini (0,79) dan penelitian Syahruddin *et al.*, (0,50) dapat disebabkan oleh perbedaan jumlah aksesi yang dianalisis (11 versus 14 aksesi) dan komposisi geografis aksesi. Aksesi dalam penelitian Syahruddin *et al.*, mencakup materi introduksi dari ICRISAT dan aksesi lokal dari Nusa Tenggara Timur, sementara penelitian ini menganalisis aksesi yang lebih spesifik dari berbagai wilayah Indonesia.

Penelitian Muis *et al.*, (2013) pada patogen *Peronosclerospora maydis* penyebab bulai jagung menggunakan 24 primer SSR menunjukkan tingkat polimorfisme rata-rata 0,65 dengan range 0,39-0,92. Dibandingkan dengan penelitian ini, nilai PIC yang lebih tinggi (0,79) menunjukkan bahwa aksesi jawa-wut Indonesia memiliki tingkat polimorfisme yang luar biasa tinggi, bahkan melebihi keragaman pada jagung inbrida modern yang telah mengalami seleksi intensif dan patogen bulai yang merupakan organisme dengan siklus hidup lebih sederhana.

Penelitian Sutoro *et al.*, (2017) yang menggunakan 10 marka pada 32 jagung inbrida (PIC rata-rata 0,69) menunjukkan bahwa meskipun penelitian ini menggunakan

18 marka pada jumlah aksesi yang lebih sedikit (11), nilai PIC yang lebih tinggi mencerminkan keragaman intrinsik yang lebih besar pada plasma nutbah jawa-wut. Hal ini penting karena menunjukkan bahwa tanaman minor seperti jawa-wut memiliki basis genetik yang lebih luas dibandingkan dengan jagung modern, meskipun jagung telah didomestikasi lebih intensif.

Nilai PIC tinggi mencerminkan bahwa mikrosatelit merupakan penanda yang sangat efektif untuk mendeteksi keragaman genetik pada jawa-wut, sejalan dengan karakteristik intrinsik penanda SSR yang memiliki tingkat mutasi tinggi pada daerah pengulangan sekuen (Gupta *et al.*, 2012). Setiap primer SSR memiliki kapasitas yang berbeda dalam mengungkap polimorfisme, dengan primer b260 menghasilkan 12 alel dan primer SICAAS4037 hanya menghasilkan 1 alel namun dengan PIC 0,99. Hal ini menunjukkan bahwa jumlah alel tidak selalu berkorelasi langsung dengan nilai PIC; distribusi frekuensi alel memiliki peran yang sama penting dalam menentukan informatifitas penanda.

Tingginya polimorfisme yang terdeteksi menggunakan penanda mikrosatelit mengindikasikan bahwa keragaman genetik aksesi jawa-wut Indonesia lebih tinggi dari yang diperkirakan sebelumnya, mengingat sebagian besar aksesi berasal dari eksplorasi lokal dan belum mengalami seleksi intensif pada program pemuliaan formal.

#### **Struktur Keragaman Genetik dan Pengelompokan Aksesi**

Analisis klaster menghasilkan pengelompokan aksesi yang membentuk dua klaster utama pada tingkat kesamaan 0,54. Pola pengelompokan ini menunjukkan struktur populasi yang terorganisir dengan tingkat diferensiasi genetik yang signifikan. Dalam penelitian Syahruddin *et al.*, (2021), analisis 14 aksesi jawa-wut menghasilkan pengelompokan yang lebih kompleks dengan 7 klaster pada nilai kesamaan 0,59, dengan aksesi dari Nusa Tenggara Timur (Wete) tersebar dalam berbagai klaster berbeda.

Sutoro *et al.*, (2017) pada 32 jagung inbrida menghasilkan 2 klaster pada koefisien kesamaan 0,68, serupa dengan penelitian ini (2 klaster pada koefisien 0,54). Namun, jarak kesamaan yang lebih rendah dalam penelitian jawa-wut menunjukkan diferensiasi genetik yang lebih besar. Andayani *et al.*, (2016) pada 20 inbrida jagung QPM dan Provit-A menghasilkan 3 klaster pada koefisien kesamaan 0,41, lebih kompleks dari penelitian ini.

Pola pengelompokan yang tidak sepenuhnya berdasarkan asal geografis mengindikasikan bahwa faktor selain lokasi geografis berperan dalam membentuk struktur genetik aksesi. Faktor-faktor ini dapat mencakup: (1) praktik seleksi petani yang terarah pada karakter agronomi spesifik; (2) aliran gen antar wilayah melalui pertukaran benih tradisional; dan (3) adaptasi lokal yang menghasilkan keunikan genetik spesifik pada aksesi individual.

#### **Jarak Genetik dan Implikasinya untuk Program Pemuliaan**

Jarak genetik antara aksesi berkisar 0,26-0,54, menunjukkan variasi kedekatan hubungan genetik. Aksesi dengan jarak genetik kecil (TRSLB-WKNTK = 0,26)

menunjukkan kesamaan genetik yang tinggi, mengindikasikan bahwa kedua aksesi ini mungkin berbagi tetua umum atau berada dalam jalur pemuliaan yang sama. Aksesi dengan jarak genetik besar (TRBLW-TRSLB = 0,55) menunjukkan perbedaan genetik yang substansial. Pasangan aksesi dengan jarak genetik jauh ini ideal untuk digunakan sebagai tetua persilangan dalam program pemuliaan, karena akan menghasilkan keturunan dengan tingkat heterozigositas dan keragaman genetik yang tinggi.

Jarak genetik dalam penelitian ini (0,26-0,55) lebih sempit dibandingkan dengan beberapa penelitian jagung. Pabendon *et al.*, (2008) pada jagung QPM dan normal mendapatkan jarak genetik berkisar 0,55-0,91. Penelitian Sutoro *et al.*, (2017) pada jagung inbrida memperoleh jarak genetik antara pasangan optimal (CML161/Nei 9008 dengan 22-9-5-4-17-5) sebesar 0,60. Andayani *et al.*, (2016) melaporkan jarak genetik antarinbrida jagung hingga 0,75 untuk pasangan dengan potensi heterosis tinggi.

Penelitian Muis *et al.*, (2013) pada populasi Peronosclerospora menunjukkan koefisien kesamaan 0,64-1,00, yang berarti jarak genetik 0,00-0,36, jauh lebih sempit dari penelitian ini. Perbedaan ini logis mengingat patogen penyebab penyakit memiliki ukuran populasi yang jauh lebih besar dan rekombinasi genetik yang lebih cepat.

Meskipun jarak genetik dalam penelitian jawa-wut lebih sempit, nilai-nilai ini masih memenuhi kriteria untuk pembentukan hibrida. Penelitian Sutoro *et al.*, (2017) menunjukkan bahwa jarak genetik sedang (0,66-0,79) dapat menghasilkan heterosis dan hasil biji yang tinggi, bahkan lebih konsisten daripada jarak genetik ekstrim. Temuan ini menunjukkan bahwa aksesi-aksesi dengan jarak genetik 0,26-0,55 dalam penelitian ini memiliki potensi signifikan untuk program pemuliaan.

Aksesi TRSLB menunjukkan profil genetik unik dengan jarak genetik rata-rata yang jauh dari aksesi lain, menjadikannya sumber gen potensial untuk karakter-karakter penting. Dibandingkan dengan penelitian jagung oleh Sutoro *et al.* (2017) yang mengidentifikasi pasangan inbrida potensial berdasarkan jarak genetik, penelitian ini menyediakan informasi komprehensif untuk pembentukan hibrida jawa-wut. Pasangan aksesi dengan jarak genetik besar (TRBLW-TRSLB = 0,55) ideal untuk persilangan menghasilkan keturunan dengan heterozigositas tinggi.

Penelitian ini menggunakan 18 primer SSR, lebih sedikit dibandingkan dengan Syahruddin *et al.* (27 primer) dan Andayani *et al.* (29 primer), namun nilai PIC yang lebih tinggi menunjukkan penanda yang dipilih sangat informatif. Sutoro *et al.* (2017) dengan 10 marka menghasilkan PIC rata-rata 0,69, menunjukkan bahwa jumlah penanda bukan satu-satunya faktor—kualitas penanda dan keragaman material juga penting.

Penggunaan UPGMA dan koefisien Jaccard konsisten dengan penelitian terdahulu (Pabendon *et al.*, 2008; Sutoro *et al.*, 2017; Muis *et al.*, 2013), memastikan komparabilitas hasil. Dendrogram dalam penelitian ini menunjukkan struktur hierarki yang jelas, berbeda dengan beberapa dendrogram pada penelitian pathogen (Muis *et al.*, 2013) yang menunjukkan pola pengelompokan lebih kompleks karena keragaman spesies multipel.

#### 4. Kesimpulan

Penelitian ini mengungkap keragaman genetik aksesi jawa-wut Indonesia melalui analisis 18 penanda mikrosatelit pada 11 aksesi dari berbagai wilayah geografis. Hasil penelitian menunjukkan tingkat polimorfisme sangat tinggi dengan nilai PIC rata-rata 0,79 (berkisar 0,67-0,99), di mana 83,3% penanda dikategorikan sangat informatif (PIC > 0,5). Keragaman genetik yang tinggi ini mengindikasikan bahwa penanda mikrosatelit sangat efektif dalam membedakan aksesi dan plasma nutfah jawa-wut Indonesia memiliki basis genetik yang luas untuk program pemuliaan.

Analisis klaster menghasilkan dua kelompok utama dengan koefisien kesamaan genetik 0,54-0,74 dan jarak genetik 0,26-0,55. Pola pengelompokan yang tidak sepenuhnya mengikuti asal geografis mengindikasikan bahwa seleksi petani lokal dan adaptasi lingkungan lebih dominan membentuk struktur genetik dibandingkan faktor geografis. Pasangan aksesi TRSLB-WKNTK menunjukkan kemiripan genetik tertinggi (jarak 0,26), sedangkan TRBLW-TRSLB memiliki perbedaan genetik terbesar (jarak 0,55), menjadikannya kandidat potensial sebagai tetua persilangan untuk menghasilkan variasi transgresif.

Keragaman genetik yang terungkap menyediakan peluang signifikan untuk: (1) pembentukan hibrida lokal adaptif dengan memanfaatkan aksesi berjarak genetik jauh; (2) konservasi plasma nutfah berkelanjutan berbasis informasi molekuler; (3) identifikasi aksesi unik seperti TRSLB sebagai sumber gen untuk karakter penting; dan (4) program pemuliaan terarah yang mendukung diversifikasi pangan dan ketahanan pangan nasional di era perubahan iklim. Penelitian lanjutan dengan penanda lebih komprehensif dan integrasi data fenotipik diperlukan untuk optimisasi pemanfaatan keragaman genetik jawa-wut Indonesia.

#### Ucapan Terima Kasih

Penelitian ini didanai oleh Direktorat Jenderal Pendidikan Tinggi, Riset, dan Teknologi, Kementerian Pendidikan, Kebudayaan, Riset, dan Teknologi Republik Indonesia melalui skema Penelitian Dosen Pemula (PDP) tahun anggaran 2024.

#### Daftar Pustaka

- Arslan, M., Tezcan, E., Camci, H. and Avcı, M.K., 2021. Effect of DNA Concentration on Band Intensity and Resolution in Agarose Gel Elec-trophoresis. *Van Saglik Bilimleri Dergisi*, 14(3), pp.326-333.
- Abdurakhmonov IY. 2016. Microsatellite markers: Development and applications. In: Next generation sequencing technology and applications. Edited by Clark M. Woodhead Publishing, UK. pp. 229–255.
- Andayani NN, Yasin HG, Pabendon MB. 2016. Keragaman genetik inbrida jagung QPM dan Provit-A berdasarkan marka SSRs. *Penelitian Pertanian Tanaman Pangan* 35(2): 133–140. DOI: 10.21082/jpptp.v35n2.2016.p133-140.
- Bhat, B.V., Rao, B.D. and Tonapi, V.A., 2018. The story of millets. Karnataka State Department of Agriculture, Bengaluru, India & ICAR-Indian Institute of Millets Research, Hyderabad, India, 58.

- Bisoriya, A., Tripathi, M.K., Mishra, R., Parihar, P., Tripathi, N., Rajpoot, S.S. and Sharma, S., 2025. Integrative evaluation of pearl millet restorer lines for blast resistance using phenotypic screening and gene specific SSR markers. *Plant Cell Biotechnology and Molecular Biology*, 26(7-8), pp.322-339.
- Botstein D, White RL, Skolnick M, Sekelsky RH. 1980. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphism. *Am J Hum Genet* 32(3): 314–331.
- Brauner PC, Schipprack W, Utz HF, Bauer E, Mayer M, Schön CC. 2019. Testcross performance of doubled haploid lines from European flint maize landraces is promising for broadening the genetic base of elite germplasm. *Theor Appl Genet* 132: 1897–1908. DOI: 10.1007/s00122-019-03325-0.
- Cao K, Wang L, Zhu G, Fang W, Chen C, Luo J. 2012. Genetic diversity, linkage disequilibrium, and association mapping analyses of peach (*Prunus persica*) landraces in China. *Tree Genet Genomes* 8: 975–990. DOI: 10.1007/s11295-012-0477-8.
- Chandrasekara A, Naczk M, Shahidi F. 2012. Effect of processing on the antioxidant activity of millet grains. *Food Chem* 133(1): 1–9. DOI: 10.1016/j.foodchem.2011.09.043.
- Chander S, Bhat KV, Kumari R, Sen S, Gaikwad AB, Gowda MVC, Dikshit N. 2017. Analysis of spatial distribution of genetic diversity and validation of Indian foxtail millet core collection. *Physiol Mol Biol Plants* 23(3): 663–673. DOI: 10.1007/s12298-017-0448-5.
- Dillon, W.R., and Goldstein, M. 1984. Multivariate analysis methods and applications. John Wiley and Sons. p. 581.
- du Plessis E, Granados GM, Barnes I, Ho WH, Alexander BJR, Roux J, McTaggart AR. 2019. The pandemic strain of *Austropuccinia psidii* causes myrtle rust in New Zealand and Singapore. *Australas Plant Pathol* 48(3): 253–256. DOI: 10.1007/s13313-019-0630-0.
- Gupta S, Kumari K, Sahu PP, Vidapu S, Prasad M. 2012. Sequence-based novel genomic microsatellite markers for robust genotyping purposes in foxtail millet [*Setaria italica* (L.) P. Beauv.]. *Plant Cell Rep* 31: 323–337. DOI: 10.1007/s00299-011-1168-x.
- Harish, M.S., Bhuker, A. and Chauhan, B.S., 2024. Millet production, challenges, and opportunities in the Asia-pacific region: a comprehensive review. *Frontiers in Sustainable Food Systems*, 8, p.1386469.
- Jorben, J., Singh, A.M., Satyavathi, C.T., Singhal, T. and Singh, S.P., 2024. SSR Markers based Diversity Analysis in Elite Genotypes of Pearl Millet. *Indian Journal of Plant Genetic Resources*, 37(01), pp.39–46.
- Kumari N, Prakash A, Tiwari P, Kumar A, Ranjan S, Ray P, Taku M, Rajendran A, Ramlal A. 2024. Origin, diversity, floral biology, pollination, and genetics in foxtail millet. Springer, Singapore. DOI: 10.1007/978-981-99-7232-6\_15.
- Lee, M. 1998. DNA Markers for Detecting Genetic Relationship Among Germplasm Revealed for Establishing Heterotic Groups. Presented at the Maize Training Course, CIMMYT, Texcoco, Mexico, August 25, 1998.
- Liu T, He J, Dong K, Wang X, Zhang L, Ren R, Huang S, Sun X, Pan W, Wang W, Yang P, Yang T, Zhang Z. 2022. Genome-wide identification of quantitative trait loci for morpho-agronomic and yield-related traits in foxtail millet (*Setaria italica*) across multi-environments. *Mol Genet Genomics* 297(3): 873–888. DOI: 10.1007/s00438-022-01894-2.
- Lv, Z., Yang, Y., Hou, H., Yang, S., Cui, Z., Zhang, X., Li, J., Yuan, Y., Liu, M. and Feng, B., 2025. Genetic diversity analysis of proso millet (*Panicum miliaceum* L.) germplasm resources based on phenotypic traits and SSR markers. *Frontiers in Plant Science*, 16, p.1649200.
- Mantel, N. 1967. The Detection of Disease Clustering and A Generalized Regression Approach. *Cancer Res*. 27:209-220.
- Muis A, Pabendon MB, Nonci N, Waskito SPW. 2013. Keragaman genetik Peronosclerospora maydis penyebab bulai pada jagung berdasarkan analisis marka SSR. *Penelitian Pertanian Tanaman Pangan* 32(3): 139–147. DOI: 10.21082/jpptp.v32n3.2013.p139-147.
- Mohanan, M.M., Vijayakumar, A., Bang-Berthelsen, C.H., Mudnakudu-Nagaraju, K.K. and Shetty, R., 2025. Millets: Journey from an Ancient Crop to Sustainable and Healthy Food. *Foods*, 14(10), p.1733.
- Nadeem F, Ahmad Z, Ul Hassan M, Wang R, Diao X, Li X. 2020. Adaptation of foxtail millet (*Setaria italica* L.) to abiotic stresses: A special perspective of responses to nitrogen and phosphate limitations. *Front Plant Sci* 11: 187. DOI: 10.3389/fpls.2020.00187.
- Nagaraja, T.E., Parveen, S.G., Aruna, C., Hariprasanna, K., Singh, S.P., Singh, A.K., Joshi, D.C., Joshi, P., Tomar, S.M.S., Talukdar, A. and Kumar, S., 2024. Millets and pseudocereals: A treasure for climate resilient agriculture ensuring food and nutrition security. *Indian journal of genetics and plant breeding*, 84(01), pp.1-37.
- Nei, M. 1987. Estimation of Average Heterozygosity and Genetic Distance from a Small Number of Individuals: *Genetic*. 89:583-590.
- Palakurthi, R., Poli, Y., Juturu, V.N., Gunti, M., Buchanapalli, S.K., Puli, C.O.R., Araveeti, M.R., Chagam Venkata, C.M.R. and Akila, C.S., 2023. Molecular genetic and taxonomical relationship among selected *Setaria* species using inter simple sequence repeat (ISSR's) and microsatellite (SSRs) markers. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 70(3), pp.903-917.
- Pabendon MB, Azrai M, Mejaya MJ, Sutrisno. 2008. Keragaman genetik inbrida jagung QPM dan normal berbasis marka mikrosatelit dan hubungannya dengan penampilan hibrida. *Jurnal AgroBiogen* 4(2): 77–82.

- Ramlah R, Pabendon MB, Daryono BS. 2020. Local food diversification of foxtail millet (*Setaria italica*) cultivars in West Sulawesi, Indonesia: A case study of diversity and local culture. *Biodiversitas* 21(1): 67–73. DOI: 10.13057/biodiv/d210110.
- Rohlf, F.J., and David L. Fisher. 1968. Test for Hierarchical Structure in Random Data Sets. *Systematic Zool.* 17:407-412.
- Rohlf, F.J. 2000. NTSYS-pc Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System Version 2.1. Applied Biostatistics Inc., New York.
- Salgotra, R.K. and Chauhan, B.S., 2023. Genetic diversity, conservation, and utilization of plant genetic resources. *Genes*, 14(1), p.174.
- Sandhu KS, Karaoglu H, Zhang P, Park RF. 2015. Simple sequence repeat markers support the presence of a single genotype of *Puccinia psidii* in Australia. *Plant Pathol* 65(7): 1084–1094. DOI: 10.1111/ppa.12501.
- Sher, A., Nawaz, A., Sarfraz, M., Ijaz, M., Ul-Allah, S., Sattar, A., Hussain, S. and Ahmad, S., 2019. Advanced production technologies of millets. In *Agronomic Crops: Volume 1: Production Technologies* (pp. 273-296). Singapore: Springer Singapore.
- Singh RK, Muthamilarasan M, Prasad M. 2017. Foxtail millet: An introduction. In: Prasad M (ed). *The foxtail millet genome. Compendium of Plant Genomes*. Springer, Cham, Switzerland. pp. 1–12. DOI: 10.1007/978-3-319-65617-5\_1.
- Siswati, A., Basuki, N., dan Sugiharto A. 2015. Karakterisasi Beberapa Galur Inbrida Jagung Pakan (*Zea mays L.*). *Jurnal Produksi Tanaman* vol.3 no.1: 19-26.
- Smith JS, Kresovich S, Hopkins MS, Mitchell SE, Dean RE, Woodman WL, Lee M, Porter K. 2000. Genetic diversity among elite sorghum inbred lines assessed with simple sequence repeats. *Crop Sci* 40(1): 226–232. DOI: 10.2135/cropsci2000.401226x.
- Syahruddin K, Azrai M, Pabendon MB, Abid M, Nur A. 2021. Keragaman genetik koleksi plasma nutfah jiwawut sister line dan lokal menggunakan marka SSR. *Jurnal Kultivasi* 20(3): 213–220. DOI: 10.24198/kultivasi.v20i3.34843.
- Sutoro, Lestari P, Risliawati A, Nugroho K, Iriany RN. 2017. Evaluasi keragaman genetik jagung inbrida berdasarkan sepuluh marka simple sequence repeat. *Jurnal AgroBiogen* 13(2): 83–90. DOI: 10.21082/jabb.v13n2.2017.p83-90.
- Thatcher, S.A., 2015. DNA/RNA preparation for molecular detection. *Clinical chemistry*, 61(1), pp.89-99.
- Yadaf CB, Prasad M. 2017. Transposable elements in *Setaria* genomes. In: Prasad M (ed). *The foxtail millet genome. Compendium of Plant Genomes*. Springer, Cham, Switzerland. pp. 43–55. DOI: 10.1007/978-3-319-65617-5\_3.