

BAB IV

HASIL DAN PEMBAHASAN

4.1 Populasi Melon Generasi Selfing Ketiga

4.1.1. Populasi Genotipe S3-PL

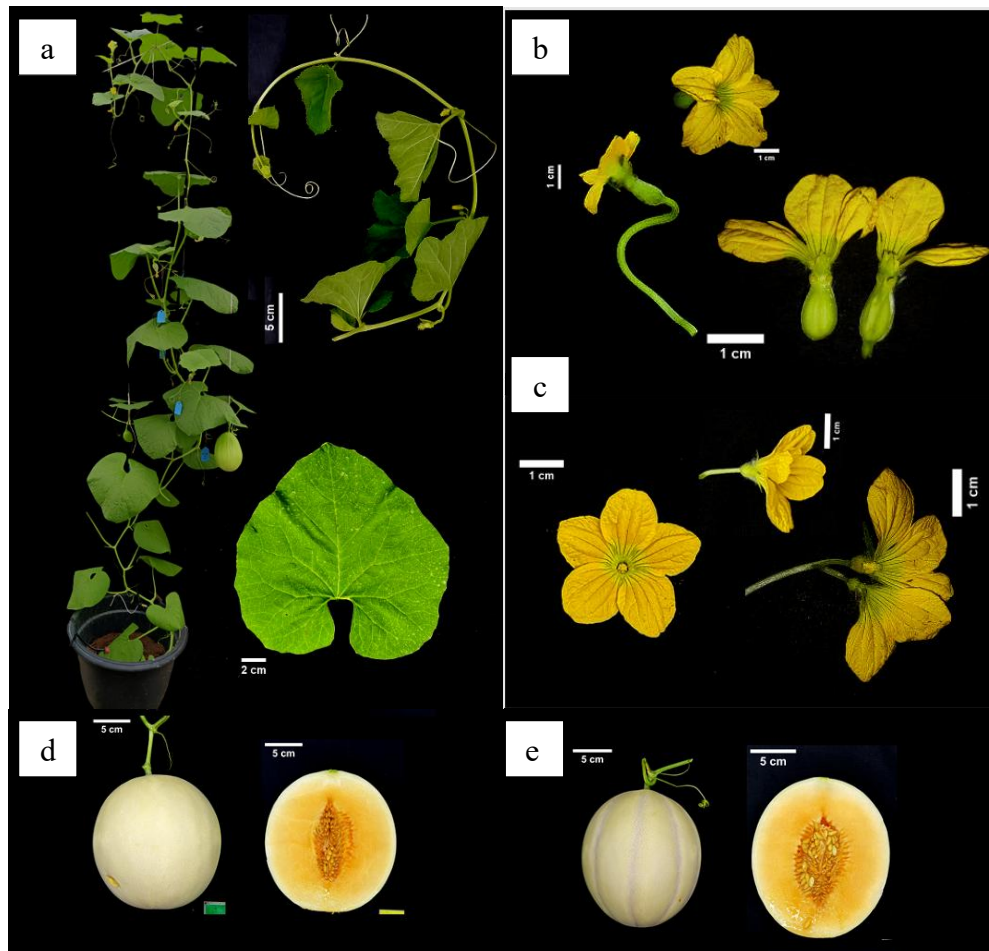
Populasi S3-PL merupakan generasi ketiga hasil penyerbukan sendiri (*selfing*) yang berasal dari genotipe S2-PL. Karakteristik umum populasi S3-PL disajikan pada Tabel 4.

Tabel 4. Karakteristik umum tanaman melon populasi S3-PL

Parameter	Keterangan
Warna daging buah	Oranye
Warna kulit buah	Putih kekuningan
Diameter buah	10,5–16,5 cm
Panjang buah	13,0–19,5 cm
Bobot buah	720–2460 g
Tebal daging	36–55 mm
Tingkat Kemanisan	7–14 °Brix
Diameter rongga biji	1,60–2,78 cm
Rasio buah	1,03–1,33

Berdasarkan hasil pengamatan, populasi S3-PL menunjukkan keragaman pada karakter kuantitatif buah. Diameter buah berkisar antara 10,5–16,5 cm, sedangkan panjang buah berada pada kisaran 13,0–19,5 cm. Bobot buah memiliki rentang yang cukup lebar, yaitu 720–2460 g, dengan ketebalan daging buah berkisar 36–55 mm. Selain itu, total padatan terlarut mencapai 7–14 °Brix, diameter rongga biji berada pada kisaran 1,60–2,78 cm, dan rasio buah berkisar 1,03–1,33. Namun pada karakter kualitatif buah, yaitu warna daging buah pada populasi S3-PL menunjukkan penampilan yang seragam. Warna daging buah secara konsisten

berwarna oranye pada seluruh individu yang diamati. Keseragaman tersebut mengindikasikan bahwa karakter warna daging buah pada populasi ini telah terfiksasi sehingga tidak ditemukan variasi fenotipe untuk sifat tersebut. Penampilan representatif tanaman dan buah populasi S3-PL ditunjukkan pada ilustrasi 10.



Ilustrasi 10. Tanaman dan buah representatif populasi S3-PL. (a) Habitus Tanaman S3-PL, (b) Bunga Betina S3-PL, (c) Bunga Jantan S3-PL, dan (d) Buah S3-PL dengan kulit halus, dan (e) Buah S3-PL dengan kulit buah beralur.

Ilustrasi 10 (a) memperlihatkan habitus tanaman S3-PL yang tumbuh merambat dengan karakter batang, daun, dan sulur yang tumbuh di setiap ketiak daun. Karakter tersebut merupakan ciri umum tanaman melon yang memiliki

batang *herbaceous* dan sulur sebagai alat penopang pertumbuhan tanaman (Daryono dan Maryanto, 2018). Ilustrasi 10 (c) menampilkan struktur bunga jantan dan bunga betina. Mahkota bunga berwarna kuning cerah dengan lima helai mahkota yang saling menyatu pada bagian pangkal. Bunga jantan S3-PL memiliki tangkai yang lebih panjang dan memiliki struktur benang sari, sedangkan bunga betina yang terdapat pada ilustrasi 10 (b) ditandai oleh adanya ovarium membesar di bagian dasar mahkota bunga yang berkembang menjadi buah setelah terjadi penyerbukan. Bunga jantan muncul lebih awal pada batang utama, sedangkan bunga betina atau bunga sempurna yang akan berkembang menjadi buah lebih banyak muncul pada ketiak daun pada cabang lateral (Sanabria-Veron *et al.*, 2025).

Hasil pengamatan terhadap buah menunjukkan representasi buah pada populasi S3-PL (Ilustrasi 10 d dan 10 e). Genotipe cenderung memiliki bentuk buah bulat dengan tekstur halus, sedangkan genotipe lainnya menunjukkan bentuk agak lonjong disertai adanya alur (*ribbing*) yang jelas pada permukaan kulit. Berdasarkan pengamatan, dari sepuluh sampel yang digunakan, tujuh sampel memiliki tekstur kulit beralur yaitu S3-PL-03, S3-PL-11, S3-PL-23, S3-PL-25, S3-PL-08, S3-PL-19 dan PL-21, sementara tiga lainnya memiliki tekstur kulit halus. Karakter tekstur kulit beralur pada melon diduga berkaitan dengan lokus pengendali *fruit surface groove* (Cmfsg). Zhao *et al.* (2019) mengidentifikasi MELO3C019694, yang mengode faktor transkripsi AGAMOUS MADS-box, sebagai kandidat gen yang berasosiasi dengan pembentukan *rind suture* pada melon. Du *et al.* (2022) melalui analisis BSA-seq, fine mapping, GWAS, dan ekspresi gen menunjukkan bahwa lokus Cmfsg berada pada kromosom 11 dan mengidentifikasi MELO3C019694.2 sebagai

kandidat gen utama karena ekspresinya lebih tinggi pada jaringan perikarp beralur dibandingkan perikarp tidak beralur.

Warna daging buah terlihat pada penampang melintang yaitu oranye dengan rongga biji berada di bagian tengah buah pada seluruh sampel yang diamati. Warna daging buah oranye pada melon umumnya berkaitan dengan akumulasi β -karoten. Gen *CmOr* dilaporkan berperan dalam meningkatkan akumulasi β -karoten sehingga daging buah melon tampak oranye (Tzuri *et al.*, 2015).

4.1.2. Populasi Genotipe S3-ME

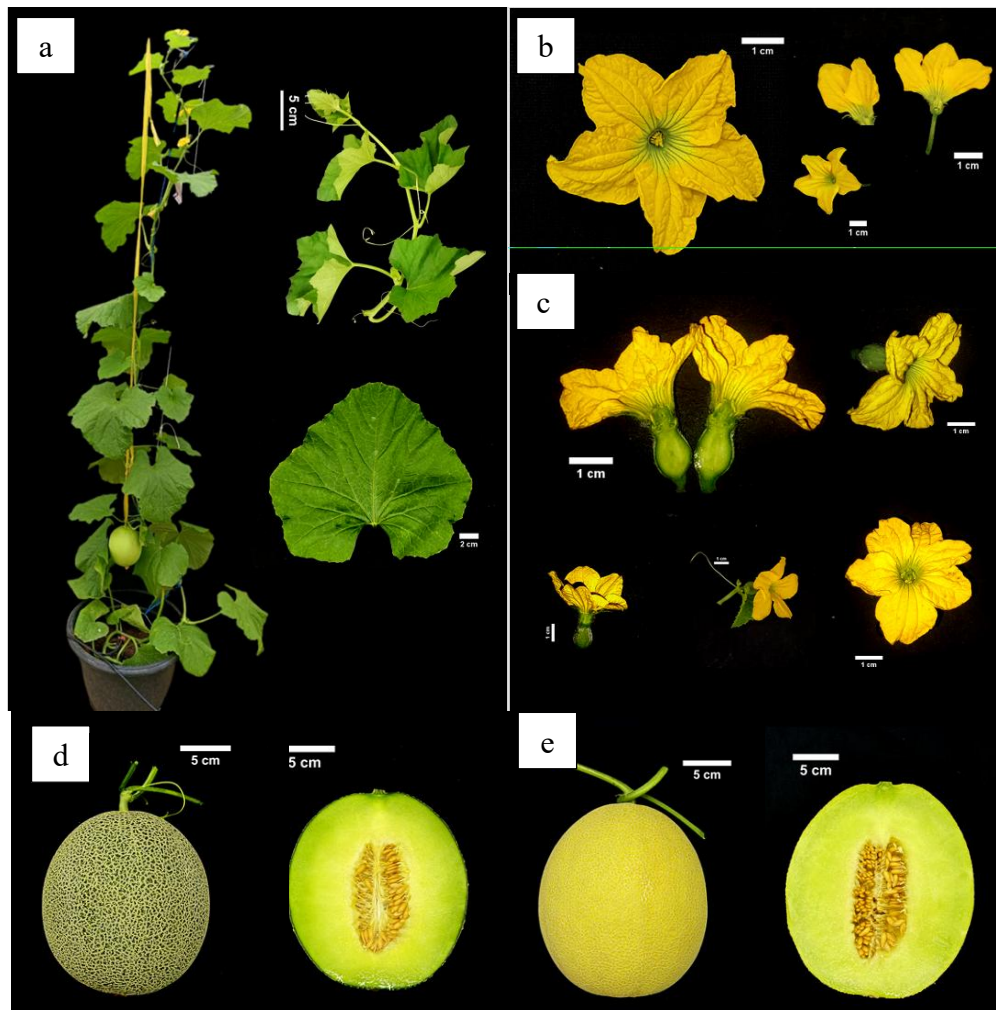
Populasi S3-ME merupakan generasi ketiga hasil penyerbukan sendiri (*selfing*) yang berasal dari genotipe S2-ME. Karakteristik umum populasi S3-ME disajikan pada Tabel 5.

Tabel 5. Karakteristik umum populasi S3-ME

Parameter	Keterangan
Warna daging buah	Hijau
Warna kulit buah	Hijau tua/Hijau kekuningan
Diameter buah	11–15,5 cm
Panjang buah	13–17,7 cm
Bobot buah	810–2010 g
Tebal daging	34–57 mm
Tingkat Kemanisan	7–12,5 °Brix
Diameter rongga biji	1,54–2,87 cm
Rasio buah	1,03–1,23

Karakter kuantitatif buah pada populasi S3-ME menunjukkan bahwa diameter buah berkisar 11 sampai 15,5 cm, panjang buah berkisar 13 sampai 17,7 cm, dan bobot buah berkisar 810 sampai 2010 g. Tebal daging buah berada pada kisaran 34 sampai 57 mm, sedangkan total padatan terlarut berkisar 7 sampai 12,5° Brix. Diameter rongga biji berkisar 1,54 sampai 2,87 cm dengan rasio buah 1,03

sampai 1,23. Nilai rasio buah yang mendekati 1 menunjukkan bahwa buah S3-ME cenderung berbentuk bulat hingga sedikit oval. Bentuk tersebut termasuk dalam variasi bentuk buah melon yang umum, karena buah melon dapat diklasifikasikan ke dalam beberapa bentuk seperti bundar, elips, oblat, bulat telur, dan lonjong. Variasi pada karakter fenotipe buah seperti ukuran buah, bobot buah, ketebalan daging buah, dan total padatan terlarut dipengaruhi oleh faktor genetik dan lingkungan (Huda *et al.*, 2017). Karakter daging buah pada populasi S3-ME berwarna hijau yang terdapat pada seluruh sampel yang diamati. Warna hijau pada daging buah melon berkaitan dengan keberadaan klorofil yang dominan pada jaringan buah (Shahwar *et al.*, 2023). Berdasarkan hal tersebut, warna daging buah hijau dapat menjadi karakter pembeda utama populasi S3-ME terhadap populasi S3-PL. Penampilan representatif tanaman dan buah populasi S3-ME dapat dilihat pada ilustrasi 11.



Ilustrasi 11. Tanaman dan buah representatif populasi S3-ME. (a) Habitus Tanaman S3-ME, (b) Bunga Jantan S3-ME, (c) Bunga Betina S3-ME, (d) Buah S3-ME dengan warna kulit hijau tua, dan (e) Buah S3-ME dengan warna kulit hijau kekuningan.

Habitus tanaman S3-ME memiliki tipe pertumbuhan merambat (*vining*) dengan batang utama menghasilkan cabang lateral dan sulur pada setiap ruas (Ilustrasi 11a). Sulur berfungsi sebagai organ pemanjat yang mendukung pertumbuhan tanaman sehingga batang dan buah dapat berkembang secara optimal. Populasi S3-ME memiliki daun berukuran relatif besar dengan warna hijau tua. Helaian daun berbentuk *entire* dengan lobus yang dangkal serta tepi daun berlekuk lemah. Permukaan daun tampak sedikit berkerut (*rugose*) dengan tulang daun

menjari yang jelas. Ilustrasi 11 (b) dan 11 (c) menunjukkan keragaan bunga populasi S3-ME yang terdiri atas bunga jantan dan bunga betina. Bunga jantan memiliki tangkai yang lebih panjang tanpa adanya bakal buah, sedangkan bunga betina ditandai oleh ovarium inferior yang berkembang menjadi buah setelah terjadi penyerbukan.

Ilustrasi 11 (d) dan (e) menunjukkan buah pada genotipe S3-ME memiliki bentuk cenderung bulat sampai agak lonjong dengan kulit buah hijau dan hijau kekuningan. Irisan buah menunjukkan daging buah berwarna hijau dengan rongga biji berada di bagian tengah buah. Berdasarkan hasil pengamatan, tiga sampel digunakan memiliki warna kulit kuning kehijauan yaitu pada genotipe S3-ME-11, S3-ME-17, dan S3-ME-22 sementara enam sampel lainnya berwarna hijau tua.

4.2 Hasil Ekstraksi DNA

Konsentrasi dan kemurnian DNA hasil ekstraksi diukur menggunakan alat spektrofotometer *NanoDrop*. Pengukuran dilakukan untuk mengetahui kuantitas DNA yang diperoleh serta mengevaluasi kualitas DNA berdasarkan rasio absorbansi A260/A280 dan A260/A230. DNA dapat menyerap cahaya ultraviolet secara optimal pada panjang gelombang 260 nm, kontaminan seperti protein atau fenol dapat menyerap cahaya pada panjang gelombang 280 nm (Aras *et al.*, 2003). Hasil uji kuantitas DNA disajikan pada Tabel 6.

Tabel 6. Konsentrasi dan Kemurnian DNA Genom Melon

Sampel	Konsentrasi DNA ng/ μ L	A260/A280	A260/A230
S3-PL-14	972.5	1.87	2.33
S3-PL-03	1070.6	1.87	2.25
S3-PL-11	1273.4	1.87	2.26
S3-PL-23	2449.0	1.90	2.22
S3-PL-25	1718.1	1.91	2.34
S3-PL-08	2217.7	1.89	2.20
S3-PL-21	1743.5	1.88	2.16
S3-PL-16	1103.5	1.85	2.08
S3-PL-07	2155.9	1.89	2.20
S3-PL-19	1724.5	1.87	2.11
S3-ME-08	1136.3	1.87	2.33
S3-ME-11	1485.4	1.90	2.34
S3-ME-13	1200.7	1.89	2.30
S3-ME-16	1705.8	1.89	2.21
S3-ME-19	1941.2	1.90	2.20
S3-ME-04	1391.1	1.87	2.22
S3-ME-17	1666.9	1.88	2.16
S3-ME-20	2653.6	1.93	2.27
S3-ME-06	2084.1	1.91	2.27
S3-ME-22	876.2	1.89	2.31

Berdasarkan hasil pengukuran menggunakan spektrofotometer *NanoDrop*, konsentrasi DNA yang diperoleh dari 20 sampel berkisar antara 876,2 ng/ μ L hingga 2653,6 ng/ μ L. Konsentrasi terendah diperoleh pada sampel S3-ME-22 sebesar 876,2 ng/ μ L, sedangkan konsentrasi tertinggi diperoleh pada sampel S3-ME-20 sebesar 2653,6 ng/ μ L. Seluruh sampel menunjukkan konsentrasi DNA yang relatif tinggi sehingga mencukupi untuk analisis molekuler selanjutnya. Konsentrasi DNA *template* antara 10–70 ng/ μ L sudah mampu menghasilkan amplifikasi PCR yang optimal dengan intensitas pita target yang kuat serta meminimalkan amplifikasi non-spesifik (Mazlan *et al.*, 2024). Perbedaan konsentrasi DNA antarsampel diduga dipengaruhi oleh perbedaan kondisi jaringan daun, kandungan metabolit sekunder, serta efisiensi proses ekstraksi DNA. Keberhasilan ekstraksi DNA dipengaruhi oleh kualitas jaringan, jenis sampel, metode ekstraksi, serta kemampuan buffer ekstraksi

dalam memisahkan DNA dari protein, polisakarida, senyawa fenolik, dan metabolit sekunder lain (Abdel-Latif dan Osman, 2017).

Hasil ekstraksi DNA menunjukkan bahwa seluruh sampel memiliki konsentrasi dan kemurnian yang memadai untuk digunakan pada tahap analisis molekuler berikutnya. Hal ini ditunjukkan oleh nilai rasio A260/A280 pada seluruh sampel berada pada kisaran 1,85–1,93. Hasil ekstraksi pada kisaran 1,8–2,0 menunjukkan DNA murni, sedangkan rasio di bawah 1,8 mengindikasikan adanya kontaminasi protein atau fenol (Retnaningati, 2020). Rasio A260/A230 pada sampel yang dianalisis berkisar antara 2,08 hingga 2,34. Nilai A260/A230 yang baik umumnya berada pada kisaran sekitar 2,0 hingga 2,2, nilai yang rendah dapat menunjukkan adanya kontaminasi senyawa organik, polisakarida, fenol, garam, karbohidrat, EDTA, atau sisa reagen ekstraksi (Lucena-Aguilar *et al.*, 2016). Hasil pengukuran menunjukkan bahwa seluruh sampel memiliki nilai A260/A230 di atas 2,0. Hal ini menunjukkan bahwa DNA hasil ekstraksi tidak menunjukkan indikasi kontaminasi oleh senyawa pengotor yang umum ditemukan pada ekstraksi DNA tanaman.

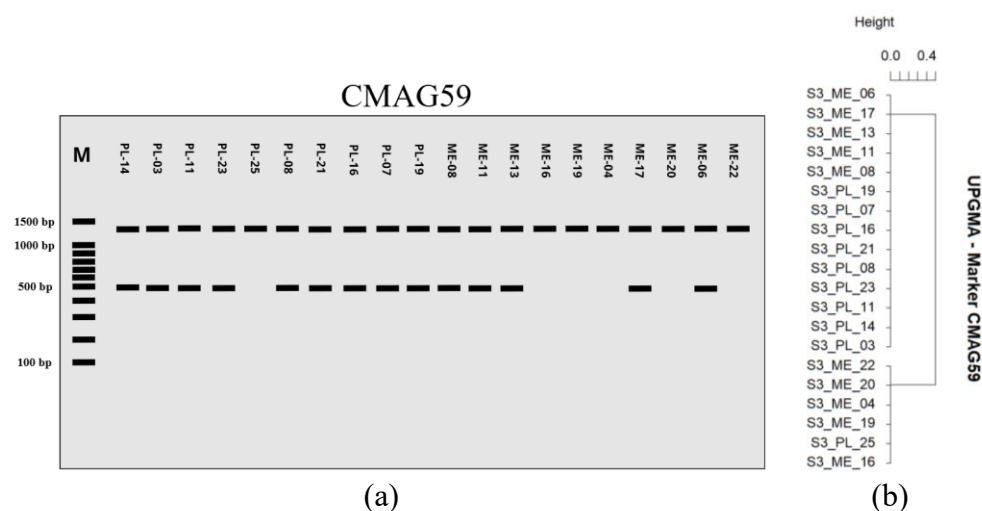
4.3 Analisis Genotipe Menggunakan Penanda SSR

4.3.1. Hasil Amplifikasi DNA dengan marka SSR

Marka SSR yang digunakan untuk mengamplifikasi DNA sampel melon S3-PL dan S3-ME yaitu CMAG59, CMTCN38, CMTCN21, CMMS35-5, CMN21-06, CMN21-25, CMN238, DE1130, DM0085, dan CMTCN41. Berdasarkan hasil visualisasi gel, seluruh primer menunjukkan adanya pita amplifikasi pada sampel

yang diuji. Keberhasilan amplifikasi tersebut mengindikasikan bahwa DNA genom yang digunakan memiliki kualitas yang baik sebagai *template* PCR, kondisi reaksi telah mendukung proses amplifikasi, serta pasangan *sekuens* primer mampu berikatan dengan sekuens target. Keberhasilan PCR dipengaruhi oleh beberapa faktor, antara lain kemurnian DNA, konsentrasi DNA *template*, desain primer, suhu *annealing*, konsentrasi MgCl₂, dNTP, enzim DNA polimerase, serta komposisi campuran reaksi PCR (Lorenz, 2012).

Hasil amplifikasi yang terbentuk digunakan untuk membaca ukuran fragmen DNA pada masing-masing penanda SSR. Perbedaan ukuran fragmen pada marka SSR dapat terjadi karena adanya variasi jumlah ulangan basa pada daerah mikrosatelit, sehingga pita yang muncul dapat digunakan untuk mendeteksi variasi alel antarsampel (Terryana *et al.*, 2018). Hasil amplifikasi DNA dan dendrogram UPGMA per marka dapat dilihat pada Ilustrasi 12 hingga Ilustrasi 21.



Ilustrasi 12. Hasil amplifikasi DNA dan dendrogram UPGMA berdasarkan marka SSR CMAG59. (a) Visualisasi produk PCR, (b) Dendrogram UPGMA.

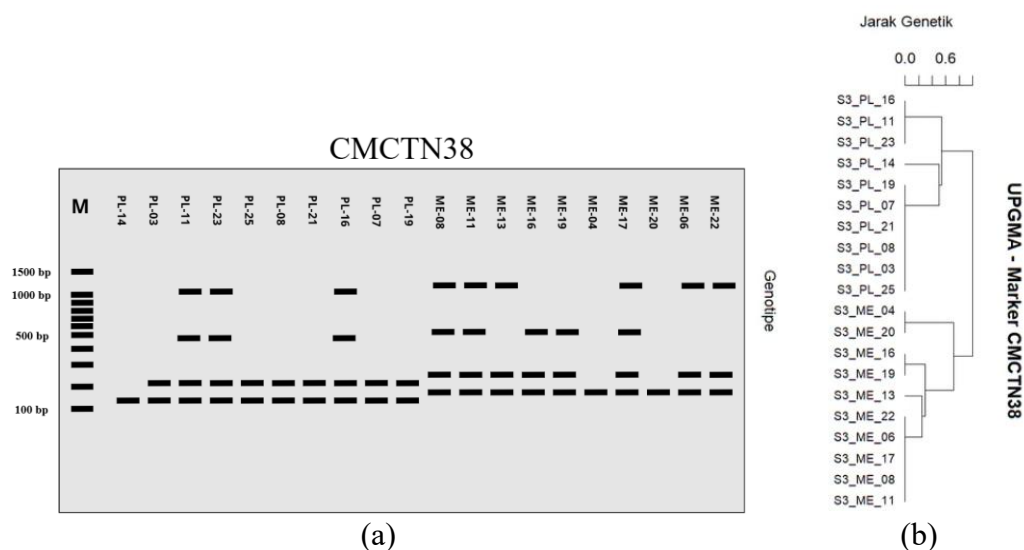
Hasil amplifikasi menggunakan marka SSR CMAG59 menghasilkan pita DNA yang tampak jelas pada seluruh genotipe melon S3-PL dan S3-ME. Intensitas

pita menunjukkan sedikit perbedaan antarsampel yang dapat dipengaruhi oleh kualitas DNA templat, efisiensi amplifikasi PCR, maupun jumlah produk PCR yang dihasilkan (Vieira *et al.*, 2016). Hasil analisis menggunakan GelAnalyzer menunjukkan bahwa marka CMAG59 menghasilkan dua ukuran alel, yaitu alel 1 sebesar 1.341 bp dan alel 2 sebesar 492 bp.

Alel 1.341 bp ditemukan pada seluruh genotipe, sedangkan alel 492 bp hanya ditemukan pada 14 genotipe. Genotipe yang memiliki kedua alel, yaitu S3-PL_14, S3-PL_03, S3-PL_11, S3-PL_23, S3-PL_08, S3-PL_21, S3-PL_16, S3-PL_07, S3-PL_19, S3-ME_08, S3-ME_11, S3-ME_13, S3-ME_17, dan S3-ME_06, diinterpretasikan sebagai genotipe heterozigot. Sementara itu, genotipe S3-PL_25, S3-ME_16, S3-ME_19, S3-ME_04, S3-ME_20, dan S3-ME_22 hanya memiliki alel 1.341 bp sehingga diinterpretasikan sebagai genotipe homozigot.

Hasil analisis pengelompokan menggunakan metode UPGMA (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*) menunjukkan bahwa seluruh genotipe membentuk dua kelompok berdasarkan pola alelnya. Kelompok pertama terdiri atas genotipe yang memiliki alel 1.341 bp dan 492 bp, sedangkan kelompok kedua terdiri atas genotipe yang hanya memiliki alel 1.341 bp. Kedua kelompok bergabung pada jarak genetik Jaccard sebesar 0,5. Nilai tersebut menunjukkan bahwa berdasarkan skoring biner marka CMAG59, kedua kelompok memiliki satu alel yang sama, yaitu alel 1.341 bp, tetapi berbeda dalam keberadaan alel 492 bp. Keberadaan alel 492 bp menjadi pembeda utama dalam pengelompokan genotipe pada marka CMAG59. Anggota kedua kelompok berasal dari populasi S3-PL dan S3-ME sehingga marka CMAG59 mampu mendeteksi variasi alel antargenotipe,

tetapi belum mampu memisahkan kedua populasi secara konsisten.

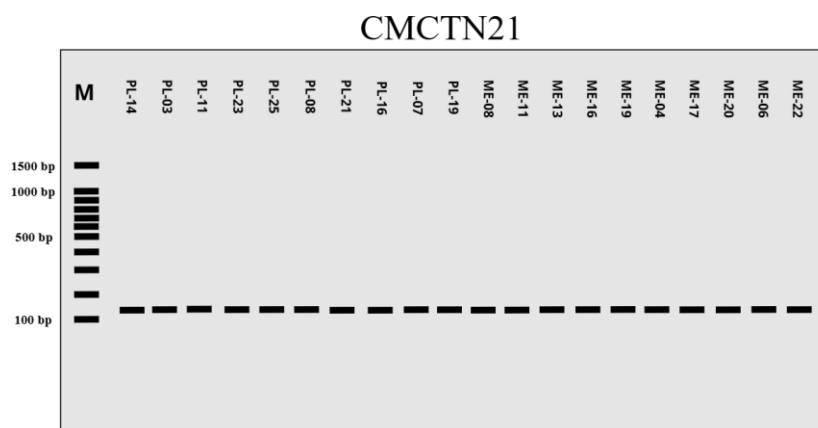


Ilustrasi 13. Hasil amplifikasi DNA dan dendrogram UPGMA berdasarkan marka SSR CMTCN38. (a) Visualisasi produk PCR; (b) Dendrogram UPGMA.

Hasil amplifikasi DNA menggunakan marka SSR CMTCN38 menghasilkan pita DNA yang tampak jelas pada seluruh genotipe melon S3-PL dan S3-ME. Visualisasi hasil elektroforesis menunjukkan adanya variasi pola pita antargenotipe, yang mengindikasikan bahwa marka CMTCN38 mampu mendeteksi polimorfisme pada lokus yang diamplifikasi. Hasil analisis menggunakan perangkat lunak GelAnalyzer menunjukkan bahwa marka CMTCN38 menghasilkan delapan ukuran pita, yaitu 145 bp, 176 bp, 216 bp, 245 bp, 450 bp, 508 bp, 1081 bp, dan 1132 bp. Keberadaan beberapa ukuran pita tersebut menunjukkan adanya variasi genetik pada populasi yang diamati. Namun, dalam analisis keragaman alel hanya digunakan empat ukuran pita, yaitu 145 bp, 176 bp, 216 bp, dan 245 bp. Penentuan tersebut didasarkan pada karakter marka SSR yang bersifat kodominan serta sifat tanaman melon yang diploid, sehingga setiap individu hanya memiliki maksimal dua alel pada satu lokus. Sementara itu, pita

berukuran 450 bp, 508 bp, 1.081 bp, dan 1.132 bp tidak dimasukkan dalam perhitungan keragaman alel karena merupakan pita tambahan yang tidak memenuhi pola alel kodominan pada satu lokus.

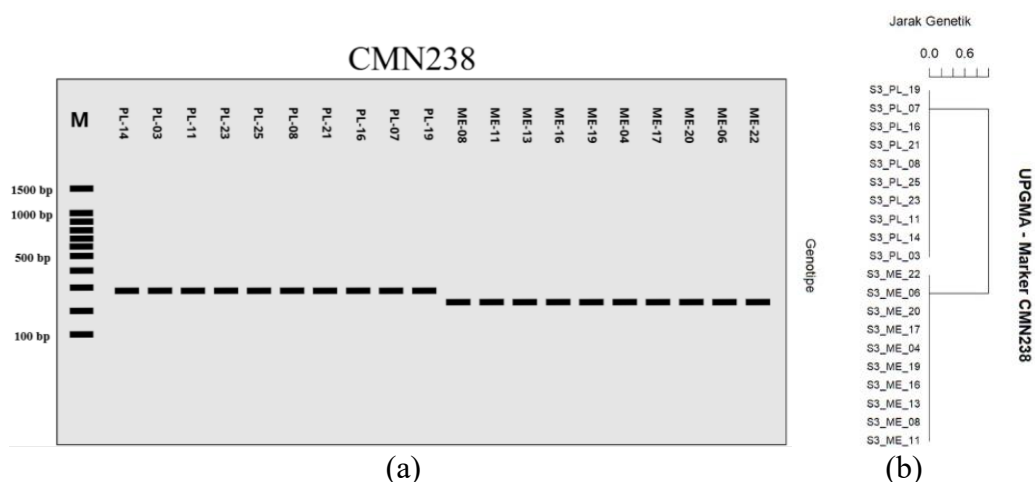
Hasil analisis pengelompokan menggunakan metode UPGMA menunjukkan bahwa seluruh genotipe terbagi menjadi dua kelompok utama. Kelompok pertama terdiri atas genotipe S3-PL, sedangkan kelompok kedua terdiri atas genotipe S3-ME. Pengelompokan tersebut menunjukkan bahwa marka CMTCN38 mampu memisahkan kedua populasi secara konsisten berdasarkan kemiripan genetik. Terbentuknya dua kelompok utama menunjukkan bahwa marka CMTCN38 memiliki daya diskriminasi yang tinggi. Masing-masing kelompok juga terbagi menjadi beberapa subkelompok yang mengindikasikan adanya keragaman genetik di dalam populasi S3-PL maupun S3-ME.



Ilustrasi 14. Hasil amplifikasi DNA berdasarkan marka SSR CMTCN21.

Hasil amplifikasi DNA menggunakan marka SSR CMTCN21 menghasilkan pita DNA yang tampak jelas pada seluruh sampel. Pola pita yang dihasilkan terlihat sama pada setiap sampel, yang didukung oleh hasil analisis menggunakan perangkat lunak GelAnalyzer menunjukkan bahwa marka CMTCN21 hanya

menghasilkan 1 alel dengan ukuran 150 bp. Pola tersebut mengindikasikan bahwa marka CMTCN21 bersifat monomorfik pada populasi yang diamati, sehingga kemampuan marka ini tidak dapat membedakan hubungan genetik antargenotipe.

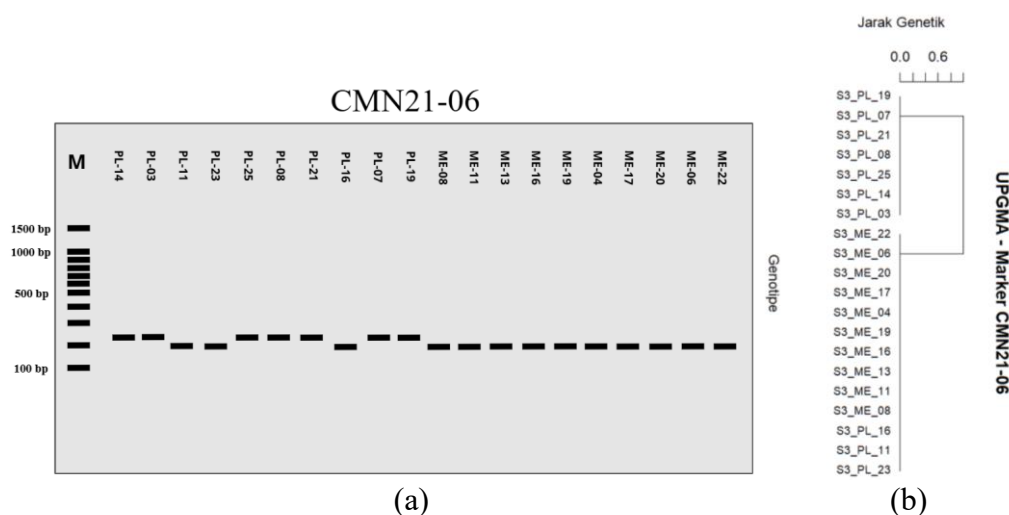


Ilustrasi 15. Hasil amplifikasi DNA dan dendrogram UPGMA berdasarkan marka SSR CMN238. (a) Visualisasi produk PCR; (b) Dendrogram UPGMA.

Hasil amplifikasi DNA menggunakan marka SSR CMN238 menghasilkan pita DNA yang tampak jelas pada seluruh sampel. Analisis menggunakan perangkat lunak GelAnalyzer menunjukkan bahwa marka CMN238 menghasilkan dua ukuran alel, yaitu 307 bp dan 248 bp. Alel berukuran 307 bp terdeteksi pada seluruh genotipe S3-PL, sedangkan alel 248 bp hanya ditemukan pada seluruh genotipe S3-ME. Keberadaan dua alel dengan ukuran berbeda pada lokus CMN238 menunjukkan bahwa marka tersebut bersifat polimorfik.

Hasil analisis pengelompokan menggunakan metode UPGMA menunjukkan bahwa seluruh genotipe terpisah menjadi dua kelompok utama sesuai dengan asal populasinya, yaitu kelompok S3-PL dan kelompok S3-ME. Pola pengelompokan tersebut sejalan dengan distribusi alel hasil amplifikasi. Tidak adanya pencampuran genotipe antarkelompok menunjukkan bahwa marka CMN238 memiliki

kemampuan diskriminatif yang baik dalam membedakan kedua populasi pada lokus tersebut. Oleh karena itu, marka ini berpotensi dikembangkan sebagai kandidat marka dalam seleksi berbantuan marka (*marker-assisted selection* atau MAS) setelah dilakukan validasi terhadap keterkaitannya dengan karakter target yang diinginkan. Pemanfaatan marka molekuler dalam MAS memungkinkan seleksi genotipe dilakukan secara lebih efisien karena individu yang membawa alel target dapat diidentifikasi sejak tahap awal pertumbuhan (Hasan *et al.*, 2021).

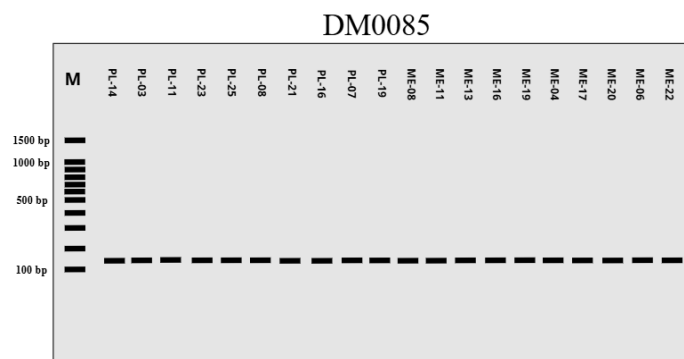


Ilustrasi 16. Hasil amplifikasi DNA dan dendrogram UPGMA berdasarkan marka SSR CMN21-06. (a) Visualisasi produk PCR, (b) Dendrogram UPGMA.

Hasil amplifikasi DNA menggunakan marka SSR CMN21-06 menghasilkan pita DNA yang jelas pada seluruh sampel. Hasil analisis menggunakan GelAnalyzer menunjukkan adanya dua ukuran alel, yaitu 214 bp dan 235 bp. Alel berukuran 214 bp terdeteksi pada genotipe S3-PL_11, S3-PL_23, S3-PL_16, serta seluruh genotipe S3-ME. Sementara itu, alel berukuran 235 bp ditemukan pada seluruh genotipe S3-PL, kecuali ketiga genotipe tersebut. Munculnya dua alel tersebut menunjukkan bahwa marka CMN21-06 bersifat polimorfik pada individu yang diuji. Hasil ini sesuai dengan informasi marka CMN21_06 sebagai marka SSR pada

melon yang memiliki variasi ukuran alel pada aksesori berbeda, sehingga dapat digunakan untuk membedakan variasi genetik antarindividu (Fukino *et al.*, 2007).

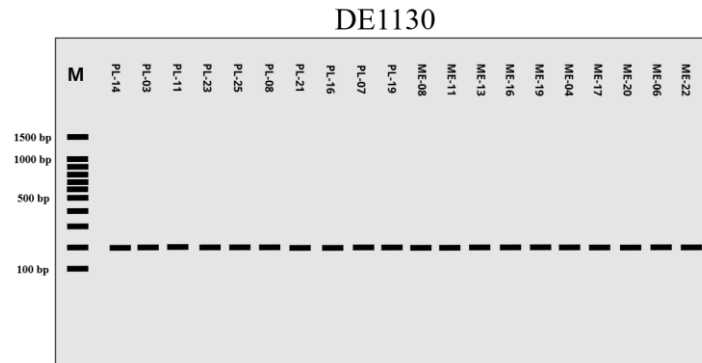
Hasil dendrogram UPGMA menunjukkan bahwa individu melon membentuk dua kelompok utama pada jarak genetik sekitar 0,8. Kelompok pertama didominasi oleh individu dari populasi S3-PL, sedangkan kelompok kedua didominasi oleh individu dari populasi S3-ME. Namun, pengelompokan tersebut belum sepenuhnya terpisah berdasarkan asal populasi karena S3-PL_16, S3-PL_11, dan S3-PL_23 berada pada kelompok yang didominasi S3-ME. Kondisi ini menunjukkan bahwa beberapa individu dari dua populasi berbeda memiliki kesamaan pola alel pada marka CMN21-06.



Ilustrasi 17. Hasil amplifikasi DNA berdasarkan marka SSR DM0085.

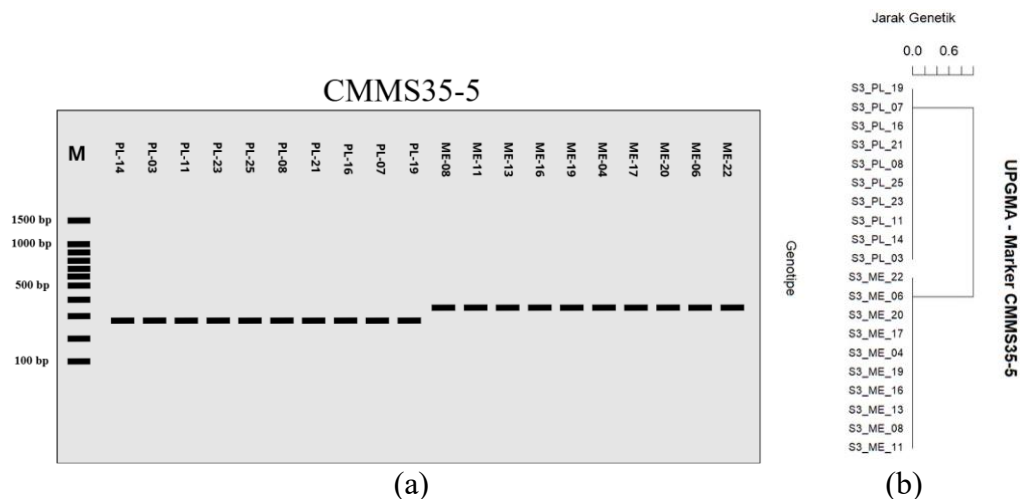
Hasil amplifikasi DNA menggunakan marka SSR DM0085 menghasilkan pita DNA yang jelas pada seluruh sampel. Hasil analisis menggunakan GelAnalyzer menunjukkan bahwa marka ini hanya menghasilkan satu alel berukuran 144 bp. Tidak adanya variasi ukuran alel menunjukkan bahwa marka DM0085 belum mampu membedakan genotipe S3-PL dan S3-ME pada lokus yang diamati. Hasil ini mengindikasikan bahwa marka DM0085 bersifat monomorfik pada populasi yang diuji, sehingga informasi genetik yang dihasilkan kurang efektif digunakan

untuk membedakan hubungan kekerabatan antargenotipe.



Ilustrasi 18. Hasil amplifikasi DNA berdasarkan marka SSR DE1130.

Marka SSR DE1130 berhasil mengamplifikasi DNA pada seluruh sampel. Hasil analisis menggunakan GelAnalyzer menunjukkan bahwa marka ini hanya menghasilkan satu alel berukuran 230 bp yang ditemukan pada seluruh genotipe. Tidak terdapat variasi alel pada lokus DE1130 di antara genotipe yang diamati. Kondisi tersebut menunjukkan bahwa marka DE1130 bersifat monomorfik sehingga belum mampu membedakan genotipe S3-PL dan S3-ME.

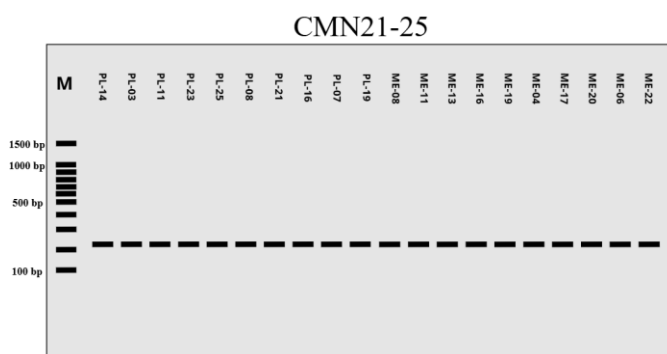


Ilustrasi 19. Hasil amplifikasi DNA dan dendrogram UPGMA berdasarkan marka SSR CMMS35-5. (a) Visualisasi produk PCR; (b) Dendrogram UPGMA.

Hasil amplifikasi DNA menggunakan marka SSR CMMS35-5 menghasilkan pita DNA yang jelas pada semua sampel. Hasil analisis GelAnalyzer menunjukkan

bahwa marka ini menghasilkan dua ukuran alel, yaitu 282 bp dan 305 bp. Alel berukuran 282 bp terdeteksi pada seluruh individu populasi S3-PL, sedangkan alel 305 bp terdeteksi pada seluruh individu populasi S3-ME. Perbedaan distribusi alel tersebut menunjukkan bahwa marka CMMS35-5 bersifat polimorfik dan mampu membedakan kedua populasi berdasarkan variasi alel pada lokus yang diamplifikasi.

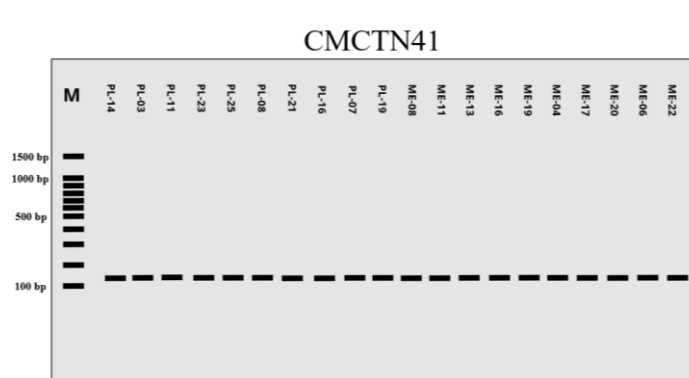
Hasil analisis UPGMA menunjukkan bahwa seluruh individu terbagi menjadi dua kelompok utama pada jarak genetik sekitar 0,75. Kelompok pertama terdiri atas seluruh individu populasi S3-PL, sedangkan kelompok kedua terdiri atas seluruh individu populasi S3-ME tanpa adanya pencampuran individu antarpopulasi. Pola pengelompokan tersebut sejalan dengan distribusi alel hasil amplifikasi, sehingga menunjukkan bahwa marka CMMS35-5 mampu memisahkan dua populasi melon S3 secara konsisten pada lokus yang diamati.



Ilustrasi 20. Hasil amplifikasi DNA berdasarkan marka SSR CMN21-25.

Hasil amplifikasi DNA menggunakan marka SSR CMN21-25 menghasilkan pita DNA yang tampak jelas pada seluruh sampel. Analisis menggunakan perangkat lunak GelAnalyzer menunjukkan bahwa marka ini hanya menghasilkan satu alel berukuran 216 bp yang terdeteksi pada seluruh genotipe. Tidak ditemukannya

variasi ukuran alel menunjukkan bahwa marka CMN21-25 belum mampu membedakan genotipe berdasarkan lokus yang diamplifikasi. Hal tersebut terlihat dalam analisis pengelompokan menggunakan metode UPGMA yang menunjukkan bahwa seluruh genotipe tergabung dalam satu kelompok tanpa membentuk percabangan maupun subkelompok. Hasil ini mengindikasikan bahwa marka CMN21-25 bersifat monomorfik pada populasi melon yang diamati.



Ilustrasi 21. Hasil amplifikasi DNA berdasarkan marka SSR CMTCN41.

Berdasarkan Ilustrasi 21, hasil amplifikasi DNA menggunakan marka SSR CMTCN41 menghasilkan pita DNA pada seluruh sampel. Analisis menggunakan perangkat lunak GelAnalyzer menunjukkan bahwa marka ini hanya menghasilkan satu alel berukuran 134 bp yang terdeteksi pada seluruh genotipe. Keseragaman ukuran alel tersebut menunjukkan bahwa tidak terdapat variasi alel pada lokus CMTCN41 di antara genotipe yang diamati. Hal tersebut menunjukkan bahwa marka CMTCN41 belum mampu membedakan genotipe S3-PL dan S3-ME berdasarkan lokus yang diamplifikasi.

4.3.2. Keragaman Alel

Keragaman alel dianalisis berdasarkan hasil visualisasi pita DNA produk PCR menggunakan 10 primer SSR. Hasil analisis keragaman alel pada 10 primer SSR disajikan pada Tabel 7.

Tabel 7. Keragaman Alel 10 Primer SSR

Marka	Jumlah Alel	Alel (bp)	Frekuensi Alel	<i>Effective Number of Alleles</i>
CMAG59	2	1341	0,650	1,83
		492	0,350	
CMTCN38	4	145	0,275	3,90
		216	0,225	
		176	0,300	
		245	0,200	
CMTCN21	1	150	1,000	1,00
CMN238	2	307	0,500	2,00
		248	0,500	
CMN21-06	2	214	0,650	1,83
		235	0,350	
DM0085	1	144	1,000	1,00
DE1130	1	230	1,000	1,00
CMMS35-5	2	282	0,500	2,00
		305	0,500	
CMN21_25	1	216	1,000	1,00
CMTCN41	1	134	1,000	1,00

Hasil analisis terhadap 10 marka SSR menunjukkan adanya variasi jumlah alel dan nilai *effective number of alleles* (N_e) antarlokus. Jumlah alel tertinggi diperoleh pada marka CMTCN38, yaitu empat alel dengan frekuensi 0,275; 0,225; 0,30; dan 0,20. Distribusi frekuensi yang relatif merata menghasilkan nilai N_e sebesar 3,90, yang mendekati jumlah alel teridentifikasi. Kondisi tersebut menunjukkan bahwa CMTCN38 mampu menangkap variasi genetik yang lebih tinggi dan berpotensi lebih baik dalam membedakan genotipe pada populasi yang

dianalisis. Hasil ini sejalan dengan Singh *et al.* (2020) yang melaporkan bahwa CMTCN38 menghasilkan empat alel dan mampu mendeteksi alel spesifik pada beberapa genotipe melon. Distribusi alel yang relatif menyebar menunjukkan bahwa tidak ada alel yang mendominasi, sehingga lokus ini masih mempertahankan variasi genetik yang cukup tinggi. Hal ini juga dilaporkan oleh Hu *et al.*, (2019) dalam studinya bahwa beberapa lokus tertentu tetap bersifat *highly polymorphic* meskipun berada pada populasi hasil pemuliaan.

Marka CMAG59, CMN238, CMN21-06, dan CMMS35-5 masing-masing menghasilkan dua alel. Marka CMN238 dan CMMS35-5 memiliki dua alel dengan frekuensi yang sama, yaitu 0,50, karena masing-masing alel ditemukan pada populasi yang berbeda. Pola tersebut menunjukkan adanya diferensiasi genetik yang jelas antara kedua populasi. Sementara itu, marka CMAG59 dan CMN21-06 memiliki frekuensi alel sebesar 0,65 dan 0,35 dengan nilai N_e sebesar 1,83. Perbedaan frekuensi tersebut menunjukkan bahwa salah satu alel lebih banyak ditemukan pada keseluruhan sampel, meskipun kedua marka tetap bersifat polimorfik.

Adapun Marka CMTCN21, DM0085, DE1130, CMN21-25, dan CMTCN41 hanya menghasilkan satu alel dengan frekuensi 1,00 dan nilai N_e sebesar 1. Hasil tersebut menunjukkan bahwa alel yang sama telah terfiksasi di seluruh sampel, sehingga kelima marka bersifat monomorfik pada kedua populasi yang dianalisis. Kondisi ini diduga berkaitan dengan proses *selfing* yang secara bertahap meningkatkan homozigositas. Oleh karena itu, kelima marka tersebut belum dapat digunakan untuk membedakan genotipe dalam populasi ini.

4.3.3. Tingkat Polimorfisme Marka

Tingkat polimorfisme marka SSR dianalisis berdasarkan nilai *Polymorphic Information Content* (PIC) dan persentase lokus polimorfis. Hasil analisis tingkat polimorfisme marka SSR pada penelitian ini disajikan pada Tabel 8.

Tabel 8. Nilai PIC dan Persentase lokus polimorfis

Marka	Nilai PIC	Persentase lokus polimorfis
CMAG59	0,351	50%
CMTCN38	0,696	
CMTCN21	0,000	
CMN238	0,375	
CMN21-06	0,351	
DM0085	0,000	
DE1130	0,000	
CMMS35-5	0,375	
CMN21_25	0,000	
CMTCN41	0,000	

Nilai PIC dari 10 marka SSR yang digunakan berkisar antara 0,000–0,696. Sebanyak lima marka, yaitu CMAG59, CMTCN38, CMN238, CMN21-06, dan CMMS35-5, menunjukkan sifat polimorfik dengan nilai PIC berturut-turut sebesar 0,351; 0,696; 0,375; 0,351; dan 0,375. Sementara itu, marka CMTCN21, DM0085, DE1130, CMN21_25, dan CMTCN41 memiliki nilai PIC sebesar 0, sehingga bersifat monomorfik. Nilai PIC digunakan untuk menunjukkan kemampuan suatu marka dalam mendeteksi polimorfisme, sehingga semakin tinggi nilai PIC, semakin besar kemampuan marka tersebut dalam membedakan variasi alel antarindividu. Berdasarkan klasifikasi nilai oleh Botstein *et al.* (1980), marka dengan nilai PIC lebih dari 0,50 tergolong sangat informatif, sedangkan marka dengan nilai PIC antara 0,25–0,50 tergolong cukup informatif. Marka CMTCN38 termasuk dalam kategori sangat informatif, sedangkan marka CMAG59, CMN238, CMN21-06, dan

CMMS35-5 termasuk kategori cukup informatif.

Persentase lokus polimorfis sebesar 50%, berarti bahwa lima dari sepuluh marka mampu mendeteksi variasi alel pada individu yang dianalisis. Nilai ini menunjukkan bahwa variasi genetik masih ditemukan pada sebagian lokus, tetapi sebagian lainnya telah menunjukkan pola alel yang seragam. Kondisi tersebut berbeda dengan penelitian Singh *et al.* (2020), menggunakan 70 aksesi melon dari berbagai kelompok dan memperoleh 24 marka SSR polimorfik dari 30 marka yang diuji. Perbedaan tersebut dapat terjadi karena menggunakan dua populasi generasi *selfing* ketiga sehingga variasi genetik yang terdeteksi cenderung lebih sempit dibandingkan koleksi plasma nutfah atau aksesi yang lebih beragam.

4.3.4. Keragaman Genetik

Matriks kemiripan genetik digunakan untuk menggambarkan tingkat kesamaan genetik antargenotipe berdasarkan data biner marka SSR menggunakan koefisien Jaccard. Matriks kemiripan genetik dapat dilihat pada Tabel 9.

Tabel 9. Matriks kemiripan genetik

	PL_14	PL_03	PL_11	PL_23	PL_25	PL_08	PL_21	PL_16	PL_07	PL_19	ME_08	ME_11	ME_13	ME_16	ME_19	ME_04	ME_17	ME_20	ME_06	ME_22
PL_14	1,000																			
PL_03	0,917	1,000																		
PL_11	0,667	0,733	1,000																	
PL_23	0,667	0,733	1,000	1,000																
PL_25	0,833	0,917	0,667	0,667	1,000															
PL_08	0,917	1,000	0,733	0,733	0,917	1,000														
PL_21	0,917	1,000	0,733	0,733	0,917	1,000	1,000													
PL_16	0,667	0,733	1,000	1,000	0,667	0,733	0,733	1,000												
PL_07	0,917	1,000	0,733	0,733	0,917	1,000	1,000	0,733	1,000											
PL_19	0,917	1,000	0,733	0,733	0,917	1,000	1,000	0,733	1,000	1,000										
ME_08	0,389	0,368	0,400	0,400	0,316	0,368	0,368	0,400	0,368	0,368	1,000									
ME_11	0,389	0,368	0,400	0,400	0,316	0,368	0,368	0,400	0,368	0,368	1,000	1,000								
ME_13	0,412	0,389	0,421	0,421	0,333	0,389	0,389	0,421	0,389	0,389	0,929	0,929	1,000							
ME_16	0,353	0,333	0,368	0,368	0,353	0,333	0,333	0,368	0,333	0,333	0,857	0,857	0,786	1,000						
ME_19	0,353	0,333	0,368	0,368	0,353	0,333	0,333	0,368	0,333	0,333	0,857	0,857	0,786	1,000	1,000					
ME_04	0,400	0,375	0,412	0,412	0,400	0,375	0,375	0,412	0,375	0,375	0,714	0,714	0,769	0,833	0,833	1,000				
ME_17	0,389	0,368	0,400	0,400	0,316	0,368	0,368	0,400	0,368	0,368	1,000	1,000	0,929	0,857	0,857	0,714	1,000			
ME_20	0,400	0,375	0,412	0,412	0,400	0,375	0,375	0,412	0,375	0,375	0,714	0,714	0,769	0,833	0,833	1,000	0,714	1,000		
ME_06	0,389	0,368	0,400	0,400	0,316	0,368	0,368	0,400	0,368	0,368	1,000	1,000	0,929	0,857	0,857	0,714	1,000	0,714	1,000	
ME_22	0,333	0,316	0,350	0,350	0,333	0,316	0,316	0,350	0,316	0,316	0,929	0,929	0,857	0,923	0,923	0,769	0,929	0,769	0,929	1,000

Nilai koefisien kemiripan genetik antarindividu melon berkisar antara 0,316 hingga 1,000 (Tabel 9). Rentang nilai tersebut menunjukkan bahwa individu dari dua populasi melon generasi S3 memiliki tingkat kemiripan genetik yang bervariasi berdasarkan lokus SSR yang diamati. Nilai kemiripan yang tinggi menunjukkan semakin banyak alel yang sama antarindividu, sedangkan nilai kemiripan yang rendah menunjukkan adanya perbedaan alel yang lebih besar (Govindaraj *et al.* 2015).

Individu dalam populasi S3-PL cenderung memiliki tingkat kemiripan genetik yang lebih tinggi dengan individu lain dalam populasi yang sama. Pola serupa juga ditemukan pada populasi S3-ME, sedangkan kemiripan antara individu S3-PL dan S3-ME cenderung lebih rendah. Beberapa pasangan individu memiliki nilai koefisien kemiripan sebesar 1,000, yaitu S3-PL_03 dengan S3-PL_08, S3-PL_03 dengan S3-PL_21, S3-PL_03 dengan S3-PL_07, S3-PL_03 dengan S3-PL_19, S3-PL_11 dengan S3-PL_16, S3-PL_23 dengan S3-PL_16, S3-PL_08 dengan S3-PL_07, S3-PL_21 dengan S3-PL_07, dan S3-PL_21 dengan S3-PL_19. Nilai tersebut menunjukkan bahwa setiap pasangan memiliki pola alel yang sama pada seluruh marka SSR yang digunakan dalam penelitian ini. Meskipun demikian, kesamaan tersebut hanya mencerminkan kemiripan berdasarkan lokus yang diamati dan tidak menunjukkan bahwa pasangan individu tersebut identik pada keseluruhan genom. Marka molekuler hanya merepresentasikan bagian tertentu dari genom sehingga interpretasi kemiripan genetik dipengaruhi oleh jumlah dan sebaran marka yang digunakan (Collard *et al.* 2005).

Nilai kemiripan terendah sebesar 0,316 ditemukan pada pasangan S3-PL_25

dan S3-ME_08. Nilai tersebut menunjukkan bahwa kedua individu memiliki perbedaan pola alel yang lebih besar dibandingkan pasangan lainnya berdasarkan marka SSR yang digunakan. Rendahnya nilai kemiripan mengindikasikan bahwa hubungan genetik antara S3-PL_25 dan S3-ME_08 relatif lebih jauh. Perbedaan genetik tersebut dapat dipertimbangkan dalam pemilihan tetua karena persilangan antara genotipe yang beragam berpotensi memperluas basis genetik dan menghasilkan kombinasi alel baru pada keturunannya (Kaur *et al.*, 2022).

Analisis jarak genetik dilakukan untuk mengetahui tingkat kedekatan hubungan genetik antargenotipe melon berdasarkan data marka SSR. Perhitungan jarak genetik menggunakan koefisien Jaccard yang dihitung dari data biner hasil skoring pita DNA. Hasil perhitungan jarak genetik disajikan pada Tabel 10.

Tabel 10. Matriks Jarak genetik

	PL_14	PL_03	PL_11	PL_23	PL_25	PL_08	PL_21	PL_16	PL_07	PL_19	ME_08	ME_11	ME_13	ME_16	ME_19	ME_04	ME_17	ME_20	ME_06	ME_22
PL_14	0,000																			
PL_03	0,083	0,000																		
PL_11	0,333	0,267	0,000																	
PL_23	0,333	0,267	0,000	0,000																
PL_25	0,167	0,083	0,333	0,333	0,000															
PL_08	0,083	0,000	0,267	0,267	0,083	0,000														
PL_21	0,083	0,000	0,267	0,267	0,083	0,000	0,000													
PL_16	0,333	0,267	0,000	0,000	0,333	0,267	0,267	0,000												
PL_07	0,083	0,000	0,267	0,267	0,083	0,000	0,000	0,267	0,000											
PL_19	0,083	0,000	0,267	0,267	0,083	0,000	0,000	0,267	0,000	0,000										
ME_08	0,611	0,632	0,600	0,600	0,684	0,632	0,632	0,600	0,632	0,632	0,000									
ME_11	0,611	0,632	0,600	0,600	0,684	0,632	0,632	0,600	0,632	0,632	0,000	0,000								
ME_13	0,588	0,611	0,579	0,579	0,667	0,611	0,611	0,579	0,611	0,611	0,071	0,071	0,000							
ME_16	0,647	0,667	0,632	0,632	0,647	0,667	0,667	0,632	0,667	0,667	0,143	0,143	0,214	0,000						
ME_19	0,647	0,667	0,632	0,632	0,647	0,667	0,667	0,632	0,667	0,667	0,143	0,143	0,214	0,000	0,000					
ME_04	0,600	0,625	0,588	0,588	0,6	0,625	0,625	0,588	0,625	0,625	0,286	0,286	0,231	0,167	0,167	0,000				
ME_17	0,611	0,632	0,600	0,600	0,684	0,632	0,632	0,600	0,632	0,632	0,000	0,000	0,071	0,143	0,143	0,286	0,000			
ME_20	0,600	0,625	0,588	0,588	0,600	0,625	0,625	0,588	0,625	0,625	0,286	0,286	0,231	0,167	0,167	0,000	0,286	0,000		
ME_06	0,611	0,632	0,600	0,600	0,684	0,632	0,632	0,600	0,632	0,632	0,000	0,000	0,071	0,143	0,143	0,286	0,000	0,286	0,000	
ME_22	0,667	0,684	0,650	0,650	0,667	0,684	0,684	0,650	0,684	0,684	0,071	0,071	0,143	0,077	0,077	0,231	0,071	0,231	0,071	0,000

Nilai jarak genetik antar 20 genotipe berkisar antara 0,000 hingga 0,684 (Tabel 10). Rentang nilai tersebut menunjukkan bahwa tingkat perbedaan genetik antargenotipe cukup bervariasi. Semakin kecil nilai jarak genetik menunjukkan semakin dekat hubungan kekerabatan antargenotipe, sedangkan semakin besar nilai jarak genetik menunjukkan semakin jauh hubungan genetik antargenotipe (Govindaraj *et al.*, 2015).

Genotipe dalam kelompok S3-PL memiliki nilai jarak genetik yang rendah terhadap sesama anggota kelompoknya. Hal tersebut terlihat dari beberapa pasangan genotipe yang memiliki nilai jarak genetik 0,000, seperti S3-PL_03 dengan S3-PL_08, S3-PL_03 dengan S3-PL_21, S3-PL_03 dengan S3-PL_07, S3-PL_03 dengan S3-PL_19, S3-PL_11 dengan S3-PL_16, S3-PL_23 dengan S3-PL_16, S3-PL_08 dengan S3-PL_07, S3-PL_21 dengan S3-PL_07, dan S3-PL_21 dengan S3-PL_19. Selain itu, sebagian besar pasangan genotipe lainnya pada kelompok ini memiliki nilai jarak genetik yang relatif rendah, yaitu berkisar antara 0,083–0,333. Nilai tersebut menunjukkan bahwa genotipe-genotipe dalam kelompok S3-PL memiliki komposisi alel yang relatif serupa pada marka SSR yang digunakan.

Pola yang sama juga ditemukan pada kelompok S3-ME. Sebagian besar pasangan genotipe pada kelompok ini memiliki nilai jarak genetik yang rendah, yaitu berkisar antara 0,000–0,286. Pasangan S3-ME_08 dengan S3-ME_11, S3-ME_08 dengan S3-ME_17, S3-ME_08 dengan S3-ME_06, S3-ME_11 dengan S3-ME_17, S3-ME_08 dengan S3-ME_06, dan S3-ME_04 dengan S3-ME_20 memiliki nilai jarak genetik sebesar 0,000, sedangkan pasangan lainnya sebagian

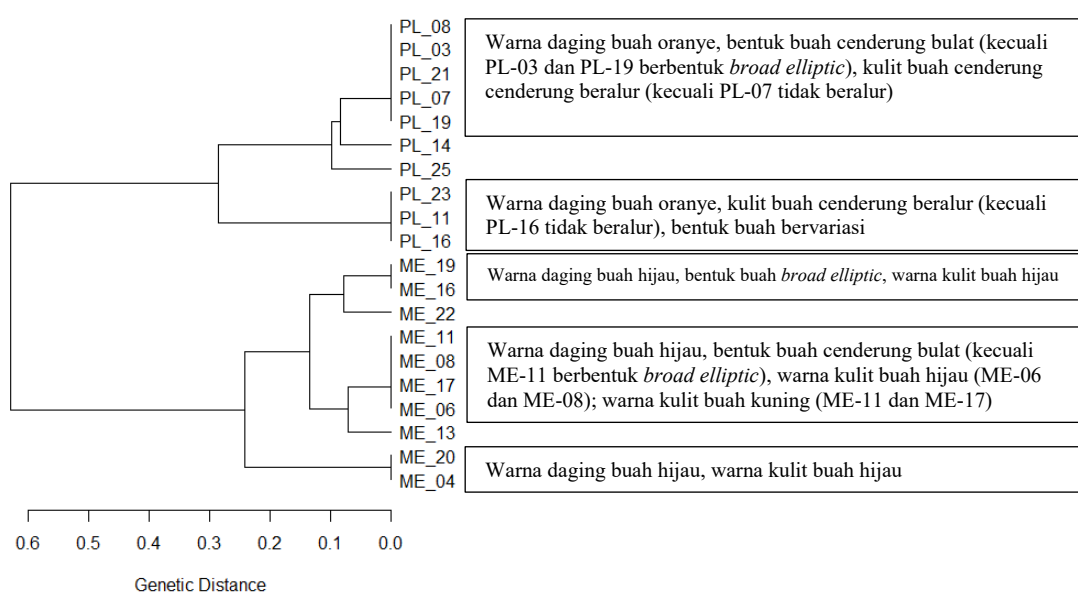
besar berada pada kisaran 0,071–0,286. Kondisi tersebut menunjukkan bahwa genotipe dalam kelompok S3-ME juga memiliki hubungan genetik yang relatif dekat berdasarkan marka SSR yang dianalisis. Rendahnya jarak genetik mencerminkan banyaknya alel yang dimiliki bersama sehingga menunjukkan kedekatan hubungan genetik antargenotipe (Hu *et al.*, 2019).

Pasangan genotipe yang berasal dari kelompok S3-PL dan S3-ME memiliki nilai jarak genetik yang lebih tinggi, yaitu berkisar antara 0,579–0,684. Nilai tertinggi sebesar 0,684 ditemukan pada beberapa pasangan genotipe, antara lain S3-PL_25 dengan S3-ME_08, S3-PL_25 dengan S3-ME_17, S3-PL_25 dengan S3-ME_06, S3-PL03 dengan S3-ME_22, S3-PL_08 dengan S3-ME_22, dan S3-PL_21 dengan S3-ME_22. Nilai tersebut menunjukkan bahwa kedua kelompok memiliki komposisi alel yang berbeda pada sebagian besar lokus SSR yang diamati. Semakin besar jarak genetik antargenotipe, semakin besar pula perbedaan genetik yang dimiliki. Perbedaan tersebut dapat menjadi salah satu pertimbangan dalam pemilihan tetua karena genotipe yang memiliki perbedaan genetik lebih besar berpotensi membawa alel yang berbeda, sehingga persilangan antargenotipe tersebut dapat menghasilkan kombinasi alel yang lebih beragam pada keturunannya (Govindaraj *et al.*, 2015).

Pola tersebut mengindikasikan bahwa genotipe dalam kelompok S3-PL dan S3-ME memiliki latar belakang genetik yang berbeda. Kedekatan hubungan genetik di dalam masing-masing kelompok diduga berkaitan dengan kesamaan asal-usul tetua atau proses seleksi yang dilakukan selama pembentukan galur. Sebaliknya, tingginya jarak genetik antara kedua kelompok menunjukkan adanya diferensiasi

genetik yang lebih besar. Genotipe yang berasal dari sumber plasma nutfah atau riwayat pemuliaan yang berbeda umumnya memiliki tingkat diferensiasi genetik yang lebih tinggi dibandingkan genotipe yang berasal dari populasi yang sama (Ferreira *et al.*, 2021). Nilai jarak genetik dipengaruhi oleh jumlah genotipe yang dianalisis, jumlah marka SSR yang digunakan, tingkat polimorfisme marka, serta keragaman sumber genetik yang digunakan (Zhang *et al.*, 2023).

Analisis hubungan kekerabatan antargenotipe melon dilakukan menggunakan metode *Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean* (UPGMA) berdasarkan matriks jarak genetik koefisien Jaccard. Dendrogram hasil analisis disajikan pada Ilustrasi 22.



Ilustrasi 22. Dendrogram UPGMA berdasarkan 10 marka SSR

Genotipe S3-PL_03, S3-PL_08, S3-PL_21, S3-PL_07, S3-PL_19 bergabung pada nilai jarak genetik mendekati 0,00 pada klaster PL, menunjukkan bahwa kedua genotipe memiliki profil alel SSR yang sangat mirip. Kelompok tersebut memiliki karakter fenotipe berupa warna daging buah oranye dengan bentuk buah yang

cenderung circular. Namun, terdapat beberapa variasi bentuk buah, yaitu S3-PL_03 dan S3-PL_19 yang memiliki bentuk broad elliptic. Selain itu, sebagian besar individu memiliki karakter kulit buah beralur, kecuali S3-PL_07 yang menunjukkan karakter kulit buah tidak beralur. S3-PL_16, S3-PL_11, dan S3-PL_23 membentuk subklaster lain pada jarak genetik sekitar 0,30. Kelompok ini tetap memiliki karakter umum berupa warna daging buah oranye, tetapi menunjukkan variasi fenotipe yang lebih tinggi terutama pada bentuk buah. S3-PL_23 dan S3-PL_11 memiliki kulit buah yang beralur sementara S3-PL-16 tidak beralur, S3-PL_23 memiliki bentuk broad *elliptic*, S3-PL_11 berbentuk *circular*, sedangkan S3-PL_16 berbentuk *ovate*. Variasi tersebut menunjukkan bahwa individu dalam satu kelompok genetik tidak selalu memiliki keseragaman penuh pada karakter morfologi buah.

Genotipe S3-ME_06, S3-ME_17, S3-ME_08, dan S3-ME_11 merupakan pasangan yang pertama kali bergabung pada jarak genetik yang sangat rendah pada klaster ME, sekitar 0,0, menunjukkan bahwa kedua genotipe memiliki tingkat kemiripan genetik yang sangat tinggi. Kelompok ini memiliki kecenderungan karakter fenotipe berupa warna daging buah hijau dengan bentuk buah dominan circular. Namun, terdapat variasi pada beberapa karakter, yaitu S3-ME_11 yang memiliki bentuk buah broad elliptic serta beberapa individu yang menunjukkan perbedaan warna kulit buah menjadi kuning. Subklaster lain pada kelompok S3-ME terdiri atas S3-ME_16 dan S3-ME_19 yang bergabung pada jarak genetik rendah, kemudian bergabung dengan S3-ME_22 pada jarak sekitar 0,10. Kelompok ini memiliki kecenderungan karakter fenotipe berupa warna daging buah hijau,

dengan bentuk buah cenderung broad elliptic. S3-ME_22 menunjukkan perbedaan karakter berupa bentuk buah circular dan warna kulit buah kuning dibandingkan anggota lainnya. Selanjutnya kedua subklaster tersebut bergabung dengan S3-ME_13, sedangkan S3-ME_20 dan S3-ME_04 baru bergabung pada jarak genetik yang lebih tinggi, yaitu sekitar 0,25–0,30. Posisi tersebut menunjukkan bahwa S3-ME_20 dan S3-ME_04 memiliki tingkat perbedaan genetik yang sedikit lebih besar dibandingkan anggota klaster ME lainnya, meskipun masih berada dalam kelompok genetik yang sama. Kedua genotipe tersebut memiliki karakter fenotipe berupa warna daging buah hijau dan warna kulit buah hijau dengan variasi bentuk buah *circular* dan *broad elliptic*.

Kedua klaster utama, yaitu kelompok ME dan PL, baru bergabung pada jarak genetik 0,5, yang merupakan nilai jarak terbesar pada dendrogram. Hal ini menunjukkan bahwa perbedaan genetik antara kedua populasi lebih besar dibandingkan dengan variasi genetik yang terdapat di dalam masing-masing populasi. Hubungan kekerabatan antarindividu dalam populasi yang sama lebih dekat dibandingkan hubungan kekerabatan antarpopulasi. Pola ini menunjukkan bahwa latar belakang genetik populasi masih menjadi faktor utama dalam pembentukan klaster hasil analisis UPGMA. Populasi S3-ME dan S3-PL memiliki perbedaan pola alel berdasarkan gabungan 10 marka SSR. Secara fenotipe, S3-PL memiliki kecenderungan warna daging buah oranye, kulit buah beralur dan halus, sedangkan S3-ME memiliki kecenderungan warna daging buah hijau dengan variasi warna kulit buah hijau hingga kuning.

Tingkat kemiripan genetik yang tinggi di dalam masing-masing klaster

menunjukkan bahwa populasi hasil *selfing* telah mengarah pada peningkatan keseragaman genetik. Proses *selfing* berulang dapat meningkatkan proporsi lokus homozigot dan menurunkan heterozigositas pada setiap generasi, sehingga individu hasil *selfing* cenderung memiliki profil alel yang lebih serupa (Syukur *et al.*, 2018). Meskipun demikian, terbentuknya beberapa subklaster pada kelompok ME maupun PL menunjukkan bahwa variasi genetik antargenotipe masih terdeteksi. Variasi tersebut kemungkinan disebabkan oleh adanya lokus yang belum sepenuhnya homozigot pada generasi S3 atau oleh perbedaan alel yang masih dapat dideteksi menggunakan marka SSR (Varshney *et al.*, 2021).

4.4. Tingkat Heterozigositas dan Homogenitas

Analisis tingkat heterozigositas dan homogenitas dilakukan untuk mengetahui tingkat keragaman genetik populasi melon hasil *selfing* generasi S3 berdasarkan data marka SSR. Hasil analisis disajikan pada Tabel 11.

Tabel 11. Nilai heterozigositas, keanekaragaman alel, dan koefisien *inbreeding* pada populasi melon hasil *selfing* generasi S3 berdasarkan marka SSR

Marka	Ho	He	I	F
CMAG59	0,700	0,455	0,647	-0,538
CMTCN38	0,850	0,743	1,374	-0,142
CMTCN21	0,000	0,000	0,000	NA
CMN238	0,000	0,500	0,693	1,000
CMN21-06	0,000	0,455	0,647	1,000
DM0085	0,000	0,000	0,000	NA
DE1130	0,000	0,000	0,000	NA
CMMS35-5	0,000	0,500	0,693	1,000
CMN21_25	0,000	0,000	0,000	NA
CMTCN41	0,000	0,000	0,000	NA
Nilai Gabungan Marka	0,155	0,265	0,405	0,416

Ho = heterozigositas teramati; He = heterozigositas harapan; I = *Shannon's Information Index*; F = koefisien *Inbreeding*; NA = tidak dapat dihitung

Tingkat heterozigositas pada sepuluh marka SSR menunjukkan variasi yang berbeda (Tabel 11). Marka CMAG59 dan CMTCN38 yang memiliki nilai heterozigositas teramati (H_o) lebih besar dari nol, yaitu masing-masing sebesar 0,70 dan 0,85. Sementara itu, delapan marka lainnya memiliki nilai 0, yang menunjukkan bahwa seluruh individu pada lokus tersebut bersifat homozigot. Hasil ini mengindikasikan bahwa sebagian besar marka SSR menunjukkan tingkat keseragaman genetik yang tinggi pada populasi melon hasil *selfing* generasi S3. Proses *selfing* meningkatkan frekuensi individu homozigot dari satu generasi ke generasi berikutnya sehingga keragaman genetik dalam populasi cenderung menurun (Syukur *et al.*, 2018).

Nilai heterozigositas harapan (H_e) berkisar antara 0,000–0,743. Marka CMTCN38 memiliki nilai H_e tertinggi, yaitu 0,743, diikuti oleh marka CMN238 dan CMMS35-5 yang masing-masing memiliki nilai 0,500, sedangkan marka CMAG59 dan CMN21-06 memiliki nilai 0,455. Marka CMTCN21, DM0085, DE1130, CMN21_25, dan CMTCN41 memiliki nilai H_e sebesar 0, yang menunjukkan bahwa lokus tersebut bersifat monomorfik atau tidak memiliki variasi alel pada populasi yang diamati. Semakin tinggi nilai H_e , semakin besar tingkat keragaman genetik yang dimiliki suatu lokus sehingga marka tersebut cenderung lebih informatif dalam membedakan genotipe (Govindaraj *et al.*, 2015).

Pola yang serupa juga ditunjukkan oleh *Shannon's Information Index* (I). Marka CMTCN38 memiliki nilai I tertinggi, yaitu 1,374, yang menunjukkan bahwa marka tersebut memiliki tingkat keanekaragaman alel paling tinggi dibandingkan marka lainnya. Marka CMN238 dan CMMS35-5 memiliki nilai I sebesar 0,693,

sedangkan marka CMAG59 dan CMN21-06 masing-masing memiliki nilai 0,645 dan 0,647. Lima marka lainnya memiliki nilai I sebesar 0, yang menunjukkan tidak adanya variasi alel pada lokus tersebut. Nilai I yang semakin tinggi menunjukkan bahwa distribusi alel pada suatu lokus semakin beragam sehingga kemampuan marka dalam mendeteksi variasi genetik juga semakin baik (Cheng *et al.*, 2024).

Koefisien *inbreeding* (F) pada CMAG59 dan CMTCN38 bernilai negatif, yaitu -0,538 dan -0,142, yang menunjukkan bahwa heterozigositas teramati lebih tinggi dibandingkan heterozigositas harapan. Marka CMN238, CMN21-06, dan CMMS35-5 memiliki nilai F sebesar 1 karena tidak ditemukan individu heterozigot, meskipun variasi alel masih terdeteksi. Hal ini menunjukkan adanya defisit heterozigot pada ketiga lokus tersebut. Marka CMTCN21, DM0085, DE1130, CMN21_25, dan CMTCN41 menghasilkan nilai NA karena nilai H_e sebesar 0, sehingga koefisien *inbreeding* tidak dapat dihitung.

Berdasarkan analisis gabungan terhadap 10 marka SSR, diperoleh nilai heterozigositas teramati (H_o) sebesar 0,155, heterozigositas harapan (H_e) sebesar 0,265, *Shannon's Information Index* (I) sebesar 0,405, dan koefisien *inbreeding* (F) sebesar 0,416. Nilai gabungan tersebut lebih rendah dibandingkan dengan nilai pada beberapa marka polimorfik karena lima marka, yaitu CMTCN21, DM0085, DE1130, CMN21-25, dan CMTCN41, bersifat monomorfik serta memiliki nilai H_o , H_e , dan I sebesar nol. Marka monomorfik tidak memberikan kontribusi terhadap keragaman genetik yang terdeteksi dan menurunkan nilai keragaman gabungan seluruh marka. Nilai F gabungan yang positif menunjukkan bahwa secara keseluruhan heterozigositas teramati lebih rendah dibandingkan dengan

heterozigositas harapan, yang mengindikasikan kecenderungan peningkatan homozigositas pada populasi hasil *selfing* generasi S3.

4.5. Analisis Korelasi Pola Alel Marka SSR dengan Karakter Fenotipe

Analisis korelasi *Spearman* dilakukan terhadap pola alel pada lima marka SSR polimorfik, yaitu CMAG59, CMTCN38, CMN238, CMN21-06, dan CMMS35-5. Nilai koefisien korelasi *Spearman* (ρ) menunjukkan arah dan kekuatan hubungan antara kedua variabel, sedangkan nilai *p-value* digunakan untuk menentukan signifikansi hubungan pada taraf kepercayaan 95% ($\alpha = 0,05$).

Tabel 12. Hasil analisis korelasi *Spearman* antara pola alel marka SSR CMAG59 dengan karakter fenotipe melon.

Karakter Fenotipe	CMAG59_492		CMAG59_1341	
	ρ	p-value	ρ	p-value
Bentuk buah	0,356 ^{tn}	0,123	Na	Na
Warna daging buah	0,436 ^{tn}	0,054	Na	Na
Bobot buah	0,023 ^{tn}	0,924	Na	Na
Tingkat kemanisan	0,031 ^{tn}	0,898	Na	Na
Tekstur kulit	0,252 ^{tn}	0,285	Na	Na

ρ = koefisien korelasi *Spearman*; *p-value* = nilai signifikansi; * = berhubungan nyata pada taraf 5% ($p < 0,05$); tn = tidak nyata; Na = tidak dapat dianalisis karena alel tidak memiliki variasi pada sampel yang diuji; angka setelah nama marka menunjukkan ukuran alel dalam satuan bp.

Hasil uji korelasi *Spearman* menunjukkan bahwa alel 492 bp pada marka CMAG59 tidak menunjukkan korelasi yang nyata dengan seluruh karakter fenotipe yang diamati ($p > 0,05$). Nilai korelasi tertinggi ditunjukkan pada karakter warna daging buah dengan nilai $\rho = 0,436$ dan $p\text{-value} = 0,054$, diikuti oleh bentuk buah ($\rho = 0,356$; $p = 0,123$) dan tekstur kulit ($\rho = 0,252$; $p = 0,285$). Ketiga karakter tersebut memiliki arah korelasi positif, yang menunjukkan kecenderungan bahwa keberadaan alel 492 bp lebih banyak ditemukan pada sampel yang memiliki

kategori fenotipe bernilai 1 berdasarkan preferensi konsumen. Namun, karena nilai p-value seluruhnya lebih besar dari 0,05, kecenderungan tersebut belum dapat dinyatakan sebagai hubungan yang nyata secara statistik. Sementara itu, alel 492 bp menunjukkan korelasi negatif yang sangat lemah dengan bobot buah ($\rho = 0,023$; $p = 0,924$) dan korelasi yang hampir tidak ada dengan tingkat kemanisan ($\rho = 0,031$; $p = 0,898$).

Tabel 13. Hasil analisis korelasi Spearman antara pola alel marka SSR CMTCN38 dengan karakter fenotipe genotipe melon.

Karakter	CMTCN38_145		CMTCN38_216		CMTCN38_176		CMTCN38_245		CMTCN38_1081		CMTCN38_450		CMTCN38_1132		CMTCN38_508	
Fenotipe	ρ	p-value	ρ	p-value	ρ	p-value	ρ	p-value	ρ	p-value	ρ	p-value	ρ	p-value	ρ	p-value
Bentuk buah	-0,204 ^{tn}	0,388	-0,287 ^{tn}	0,220	0,204 ^{tn}	0,388	0,250 ^{tn}	0,288	-0,229 ^{tn}	0,332	-0,229 ^{tn}	0,332	0,535*	0,015	0,171 ^{tn}	0,471
Warna daging buah	1,000*	0,000	0,905*	0,000	-1,000*	0,000	-0,816*	0,000	0,420 ^{tn}	0,065	0,420 ^{tn}	0,065	-0,655*	0,002	-0,734*	0,000
Bobot buah	-0,314 ^{tn}	0,177	-0,242 ^{tn}	0,303	0,314 ^{tn}	0,177	0,257 ^{tn}	0,274	-0,015 ^{tn}	0,951	-0,015 ^{tn}	0,951	0,435 ^{tn}	0,055	0,341 ^{tn}	0,142
Tingkat kemanisan	0,140 ^{tn}	0,556	0,099 ^{tn}	0,679	-0,140 ^{tn}	0,556	0,057 ^{tn}	0,811	0,176 ^{tn}	0,457	0,176 ^{tn}	0,457	-0,031 ^{tn}	0,898	0,015 ^{tn}	0,951
Tekstur kulit	0,734*	0,000	0,811*	0,000	-0,734*	0,000	-0,599*	0,005	0,279 ^{tn}	0,234	0,279 ^{tn}	0,234	-0,480*	0,032	-0,538*	0,014

ρ = koefisien korelasi Spearman; *p-value* = nilai signifikansi; * = nyata pada taraf 5% ($p < 0,05$); tn = tidak nyata; angka setelah nama marka menunjukkan ukuran alel dalam satuan bp.

Hasil uji korelasi Spearman menunjukkan bahwa alel-alel pada marka SSR CMTCN38 memiliki pola asosiasi yang berbeda terhadap karakter fenotipe melon. Alel 145 bp menunjukkan korelasi positif dan nyata dengan warna daging buah ($\rho = 1,000$; $p < 0,001$) dan tekstur kulit ($\rho = 0,734$; $p < 0,001$). Pola serupa ditemukan pada alel 216 bp, dengan korelasi positif terhadap warna daging buah ($\rho = 0,905$; $p < 0,001$) dan tekstur kulit ($\rho = 0,811$; $p < 0,001$). Berdasarkan sistem pengkodean fenotipe yang digunakan, hasil tersebut menunjukkan bahwa keberadaan kedua alel cenderung ditemukan pada genotipe dengan warna daging oranye dan tekstur kulit beralur.

Alel 176 bp menunjukkan korelasi negatif yang nyata terhadap warna daging buah ($\rho = -1,000$; $p < 0,001$) dan tekstur kulit ($\rho = -0,734$; $p < 0,001$). Alel 245 bp juga menunjukkan pola serupa, dengan korelasi negatif terhadap warna daging buah ($\rho = -0,816$; $p < 0,001$) dan tekstur kulit ($\rho = -0,599$; $p = 0,005$). Hal tersebut menunjukkan bahwa keberadaan kedua alel tersebut lebih banyak dijumpai pada genotipe dengan warna daging non-oranye dan tekstur kulit tidak beralur.

Alel 1132 bp menunjukkan pola yang berbeda karena berhubungan nyata dengan tiga karakter. Alel ini berkorelasi positif dengan bentuk buah ($\rho = 0,535$; $p = 0,015$), tetapi berkorelasi negatif dengan warna daging buah ($\rho = -0,655$; $p = 0,002$) dan tekstur kulit ($\rho = -0,480$; $p = 0,032$). Sementara itu, alel 508 bp berkorelasi negatif dengan warna daging buah ($\rho = -0,734$; $p < 0,001$) dan tekstur kulit ($\rho = -0,538$; $p = 0,014$). Alel 1081 bp dan 450 bp tidak menunjukkan hubungan nyata dengan kelima karakter yang diamati. Selain itu, tidak terdapat alel yang menunjukkan hubungan nyata dengan bobot buah maupun tingkat kemanisan.

Alel marka molekuler yang menunjukkan asosiasi dengan suatu karakter fenotipe berpotensi berada pada daerah genom yang berdekatan dengan gen atau QTL yang mengendalikan karakter tersebut, sehingga dapat dimanfaatkan sebagai kandidat marka dalam program seleksi berbantuan marka (*marker-assisted selection*). Berdasarkan penelitian yang dilakukan oleh Singh *et al.* (2020), marka CMTCN38 menghasilkan satu alel spesifik yang terdeteksi pada beberapa genotipe melon, yaitu MM-2014-2-1, PAUS-12, MM Var-4, MS-3, PAUS-16, dan PAUS-28. Genotipe-genotipe tersebut dilaporkan memiliki karakter daging buah cenderung berwarna oranye, sehingga marka CMTCN38 berpotensi digunakan untuk mendeteksi variasi genetik yang berkaitan dengan karakter warna daging buah.

Tabel 14. Hasil analisis korelasi Spearman antara pola alel marka SSR CMN238 dengan karakter fenotipe genotipe melon.

Karakter Fenotipe	CMN238_307		CMN238_248	
	ρ	p-value	ρ	p-value
Bentuk buah	-0,204 ^{tn}	0,388	0,204 ^{tn}	0,388
Warna daging buah	1,000*	0,000	-1,000*	0,000
Bobot buah	-0,314 ^{tn}	0,177	0,314 ^{tn}	0,117
Tingkat kemanisan	0,140 ^{tn}	0,556	-0,140 ^{tn}	0,556
Tekstur kulit	0,734*	0,000	-0,734*	0,000

ρ = koefisien korelasi Spearman; *p-value* = nilai signifikansi; * = nyata pada taraf 5% ($p < 0,05$); tn = tidak nyata; angka setelah nama marka menunjukkan ukuran alel dalam satuan bp.

Hasil uji korelasi Spearman menunjukkan bahwa kedua alel pada marka SSR CMN238, yaitu alel 307 bp dan 248 bp, memiliki pola korelasi yang sama terhadap karakter fenotipe, tetapi dengan arah yang berlawanan (Tabel 14). Alel 307 bp berkorelasi positif terhadap karakter warna daging buah ($\rho = 1,000$), dan tekstur kulit buah ($\rho = 0,734$), sedangkan alel 248 bp menunjukkan nilai koefisien yang sama tetapi bernilai negatif. Karakter tersebut menunjukkan nilai yang signifikan.

Sebaliknya, pada karakter bentuk buah, bobot buah, dan tingkat kemanisan, alel 307 bp dan 248 bp menunjukkan nilai korelasi yang tidak signifikan.

Perbedaan arah korelasi antara kedua alel menunjukkan bahwa alel 307 bp dan 248 bp merupakan alel alternatif pada lokus yang sama, sehingga keberadaan salah satu alel akan menggantikan alel lainnya pada suatu genotipe. Kondisi ini menyebabkan peningkatan frekuensi salah satu alel diikuti oleh penurunan frekuensi alel pasangannya, sehingga menghasilkan nilai koefisien korelasi yang sama besar tetapi berlawanan arah. Selain itu, karakter warna daging buah menunjukkan korelasi yang sangat kuat ($\rho = \pm 1$). Selain itu, karakter tekstur kulit juga menunjukkan korelasi ($\rho = \pm 0,734$). Hal ini menunjukkan bahwa marka SSR CMN238 berpotensi memiliki keterkaitan dengan lokus yang mengendalikan karakter-karakter tersebut. Marka CMN238 berada pada wilayah QTL FC1 di kromosom 4 yang berasosiasi dengan karakter warna daging buah melon (Ramamurthy dan Waters, 2015), sehingga korelasi kuat antara alel CMN238 dan warna daging buah pada penelitian ini mendukung potensi marka tersebut sebagai kandidat marka terkait karakter warna daging buah.

Tabel 15. Hasil analisis korelasi Spearman antara pola alel marka SSR CMN21-06 dengan karakter fenotipe genotipe melon.

Karakter Fenotipe	CMN21-06 235		CMN21-06 214	
	ρ	p-value	ρ	p-value
Bentuk buah	-0,043 ^{tn}	0,858	0,043 ^{tn}	0,858
Warna daging buah	0,734*	0,000	-0,734*	0,000
Bobot buah	-0,319 ^{tn}	0,171	0,319 ^{tn}	0,171
Tingkat kemanisan	0,015 ^{tn}	0,951	-0,015 ^{tn}	0,951
Tekstur kulit	0,560*	0,010	-0,560*	0,010

ρ = koefisien korelasi Spearman; *p-value* = nilai signifikansi; * = nyata pada taraf 5% ($p < 0,05$); tn = tidak nyata; angka setelah nama marka menunjukkan ukuran alel dalam satuan bp.

Hasil uji korelasi Spearman menunjukkan bahwa kedua alel pada marka SSR CMN21-06, yaitu alel 235 bp dan 214 bp, memiliki nilai koefisien korelasi yang sama besar, tetapi berlawanan arah (Tabel 15). Alel 235 bp berkorelasi positif secara signifikan dengan karakter warna daging buah ($\rho = -0,734$), dan tekstur kulit buah ($\rho = -0,560$), sedangkan alel 214 bp menunjukkan korelasi negatif dengan nilai koefisien yang sama. Sebaliknya, karakter bentuk buah, bobot buah, dan tingkat kemanisan, tidak menunjukkan hubungan yang signifikan ($p > 0,05$).

Pola koefisien korelasi yang saling berlawanan antara alel 235 bp dan 214 bp menunjukkan bahwa kedua alel merupakan alel alternatif pada lokus yang sama, sehingga keberadaan salah satu alel akan diikuti oleh tidak ditemukannya alel lainnya. Kondisi ini menyebabkan arah korelasi kedua alel menjadi berlawanan meskipun memiliki kekuatan hubungan yang sama.

Karakter warna daging buah menunjukkan hubungan paling kuat ($\rho = \pm 0,734$), diikuti oleh tekstur kulit buah ($\rho = \pm 0,560$). Hal ini mengindikasikan bahwa marka CMN21-06 kemungkinan memiliki keterkaitan karakter-karakter tersebut. Ramamurthy dan Waters (2015) melaporkan bahwa FC1 merupakan QTL yang berasosiasi dengan karakter warna daging buah melon dan mencakup beberapa marka SSR, termasuk CMN21-06. Oleh karena itu, korelasi signifikan antara alel CMN21-06 dan warna daging buah dalam penelitian ini dapat memperkuat dugaan bahwa marka tersebut berpotensi digunakan sebagai kandidat marka terkait karakter warna daging buah.

Tabel 16. Hasil analisis korelasi Spearman antara pola alel marka SSR CMMS35-5 dengan karakter fenotipe genotipe melon.

Karakter Fenotipe	CMMS35-5 282		CMMS35-5 305	
	ρ	p-value	ρ	p-value
Bentuk buah	-0,204 ^{tn}	0,388	0,204 ^{tn}	0,388
Warna daging buah	1,000*	0,000	-1,000*	0,000
Bobot buah	-0,314 ^{tn}	0,117	0,314 ^{tn}	0,117
Tingkat kemanisan	0,140 ^{tn}	0,556	-0,140 ^{tn}	0,556
Tekstur kulit	0,734*	0,000	-0,734*	0,000

ρ = koefisien korelasi Spearman; *p-value* = nilai signifikansi; * = nyata pada taraf 5% ($p < 0,05$); tn = tidak nyata; angka setelah nama marka menunjukkan ukuran alel dalam satuan bp.

Hasil uji korelasi Spearman menunjukkan bahwa kedua alel pada marka SSR CMMS35-5, yaitu alel 282 bp dan 305 bp, memiliki pola hubungan yang sama terhadap karakter fenotipe, tetapi dengan arah korelasi yang berlawanan. Alel 282 bp berkorelasi positif secara signifikan dengan karakter daging buah ($\rho = 1,000$), dan tekstur kulit buah ($\rho = 0,734$). Sebaliknya, alel 305 bp menunjukkan korelasi negatif dengan nilai koefisien yang sama terhadap karakter-karakter tersebut. Arah korelasi yang berlawanan antara alel 282 bp dan 305 bp menunjukkan kedua alel merupakan alel alternatif pada lokus yang sama, sehingga keberadaan salah satu alel akan diikuti oleh tidak ditemukannya alel lainnya. Kondisi tersebut menyebabkan kedua alel memiliki kekuatan hubungan yang sama, tetapi dengan arah korelasi berlawanan.

Karakter warna buah menunjukkan korelasi yang sangat kuat ($\rho = \pm 1,000$). Hal ini mengindikasikan bahwa marka SSR CMMS35-5 memiliki potensi untuk digunakan dalam mengidentifikasi karakter tersebut. Ramamurthy dan Waters (2015) melaporkan bahwa QTL FC2 yang berasosiasi dengan karakter warna daging buah melon berada pada kromosom 9 dan diapit oleh marka CMN04-19–CMMS35-5. Oleh karena itu, korelasi kuat antara alel CMMS35-5 dan warna

daging buah pada penelitian ini mendukung dugaan bahwa marka tersebut berpotensi berkaitan dengan variasi warna daging buah melon.

4.5.1. Konsistensi Hubungan Marka SSR dengan Karakter Fenotipe

Hasil analisis menunjukkan bahwa marka CMAG59, hanya alel 492 bp yang dapat dianalisis karena alel 1.341 bp ditemukan pada seluruh genotipe dan tidak memiliki variasi. Alel 492 bp tidak menunjukkan hubungan nyata dengan karakter fenotipe. Sebaliknya, CMTCN38, CMN238, CMN21-06, dan CMMS35-5 menunjukkan hubungan nyata terutama dengan warna daging buah dan tekstur kulit. Pola hubungan pada marka CMTCN38 bersifat alel-spesifik; alel 145, 216, 176, 245, 1132, dan 508 berhubungan dengan warna daging dan/atau tekstur kulit, sedangkan hanya alel 1132 bp yang menunjukkan hubungan nyata dengan bentuk buah. Tidak terdapat hubungan nyata antara alel-alel CMTCN38 dengan bobot buah maupun tingkat kemanisan.

Hubungan yang relatif lebih kuat ditemukan pada CMN238, CMN21-06, dan CMMS35-5 terhadap warna daging buah. Marka CMN238 dan CMMS35-5 menghasilkan nilai korelasi sebesar $|r|=1,000$, sedangkan CMN21-06 menghasilkan nilai $|r|=0,734$. Meskipun demikian, korelasi sempurna pada CMN238 dan CMMS35-5 perlu ditafsirkan secara hati-hati karena pola alelnya juga memisahkan populasi S3-PL dan S3-ME. Alel 307 pada marka CMN238 ditemukan pada seluruh genotipe S3-PL, sedangkan alel 248 bp ditemukan pada seluruh genotipe S3-ME. Pola serupa terdapat pada CMMS35-5, yaitu alel 282 bp ditemukan pada seluruh genotipe S3-PL dan alel 305 bp ditemukan pada seluruh

genotipe S3-ME. Dengan demikian, hubungan yang sangat kuat tersebut dapat dipengaruhi oleh perbedaan asal populasi dan belum sepenuhnya membuktikan adanya keterpautan langsung antara marka dan gen pengendali warna daging buah. Meskipun terdapat keterbatasan tersebut, hasil penelitian ini memiliki dukungan dari informasi QTL. Ramamurthy dan Waters (2015) melaporkan bahwa CMN238 dan CMN21-06 berada pada wilayah QTL FC1 di kromosom 4, sedangkan CMMS35-5 berada di sekitar QTL FC2 pada kromosom 9 yang berasosiasi dengan warna daging buah melon. Kesesuaian antara hasil korelasi dan posisi marka pada wilayah QTL memperkuat dugaan bahwa ketiga marka tersebut berpotensi berkaitan dengan variasi warna daging buah.

Marka yang terpaut dengan wilayah QTL berpotensi digunakan dalam seleksi berbantuan marka atau *marker-assisted selection* karena dapat menjadi indikator tidak langsung untuk menyeleksi individu yang membawa QTL target. Namun, efektivitas MAS tidak hanya ditentukan oleh posisi marka di sekitar QTL, tetapi juga oleh kuatnya hubungan antara fenotipe dengan QTL dan antara QTL dengan marka. Marka yang efektif pada satu populasi belum tentu memberikan ketepatan yang sama pada populasi lain dengan latar belakang genetik berbeda (Cobb *et al.*, 2019). Oleh karena itu, marka tersebut belum dapat langsung digunakan dalam seleksi berbantuan marka. Validasi lebih lanjut pada populasi segregasi yang lebih besar dan independen masih diperlukan untuk memastikan keakuratan hubungan antara marka dan karakter target.

BAB V

SIMPULAN DAN SARAN

5.1 Simpulan

Genotipe melon generasi *selfing* ketiga (S3-PL dan S3-ME) masih menunjukkan keragaman genetik berdasarkan penanda SSR. Lima marka bersifat polimorfik, yaitu CMAG59, CMTCN38, CMN238, CMN21-06, dan CMMS35-5, sedangkan lima marka lainnya bersifat monomorfik. Marka CMTCN38 memiliki tingkat keinformatifan tertinggi dengan nilai PIC sebesar 0,696. Genotipe dalam populasi yang sama menunjukkan tingkat kemiripan genetik yang lebih tinggi dibandingkan dengan genotipe yang berasal dari populasi berbeda. Heterozigositas masih ditemukan terutama pada lokus CMAG59 dan CMTCN38, yang menunjukkan bahwa variasi genetik pada generasi S3 belum sepenuhnya terfiksasi. Hasil korelasi Spearman menunjukkan bahwa pola alel marka CMTCN38, CMN238, CMN21-06, dan CMMS35-5 memiliki hubungan dengan beberapa karakter fenotipe tanaman dan buah melon.

5.2 Saran

Saran untuk penelitian selanjutnya adalah melakukan pengamatan pada generasi *selfing* berikutnya untuk mengevaluasi perubahan heterozigositas, tingkat fiksasi alel, dan kestabilan genetik populasi PL dan ME. Marka yang menunjukkan hubungan dengan karakter fenotipe perlu divalidasi lebih lanjut sebelum dipertimbangkan sebagai kandidat marka untuk *marker-assisted selection* (MAS).

DAFTAR PUSTAKA

- Abdel-Latif, A., dan G. Osman. 2017. Comparison of three genomic DNA extraction methods to obtain high DNA quality from maize. *J. Plant Methods*, 13(1): 1-9.
- Abdullah, A. Jundi, B. W. Willy, dan W. E. K. Yudiwanti. 2023. Evaluasi genotipe melon (*Cucumis melo* L.) untuk perakitan varietas hibrida baru. *J. Hortikultura Indonesia* 14 (1): 56-62.
- Amiteye, S. 2021. Basic concepts and methodologies of DNA marker systems in plant molecular breeding. *J. Heliyon*, 7(10): e08093.
- Aras, S., A. Duran dan G. Yenilmez. 2003. Isolation of DNA for RAPD analysis From Dry leaf Material of some *Hesperis* L. specimens. *Plant Molecular Biology Reporter*. 21(1): 461a- 461f.
- Bae, I. H., H. S. Kang, W. J. Jeong, J. H. Ryu, O. H. Lee, dan H. Chung. 2021. Characterization of phenotypic traits and application of fruit flesh color marker in melon (*Cucumis melo* L.) accessions. *J. Plant Resources*, 34 (5): 478-490.
- Botstein, D., R. L. White, M. Skolnick, dan R. W. Davis. 1980. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *J. Human Genetics*, 32(3): 314-331.
- Cheng, S., L. Su, X. Guo, D. Shao, Y. Qin, X. Liu, Q. Chu, X. Zhou, dan Z. He. 2024. Genome-wide development of simple sequence repeats markers and genetic diversity analysis of chayote. *BMC Plant Biology*, 24: 603.
- Chotimah, H. E. N. C., G. I. Ichriani, W. Widyawati, M. Anwar, E. Prasetyo, dan A. Ardianor. 2020. The cultivation of melon on swamp floating bed in Central Kalimantan, Indonesia. *J. Wetlands Environmental Management*, 8(2): 129-138.
- Cobb, J. N., P. S. Biswas, dan J. D. Platten. 2019. Back to the future: revisiting MAS as a tool for modern plant breeding. *Theoretical and Applied Genetics*, 132: 647–667.
- Collard, B. C. Y., M. Z. Z. Jahufer, J. B. Brouwer, dan E. C. K. Pang. 2005. An introduction to markers, quantitative trait loci (QTL) mapping and marker-assisted selection for crop improvement: The basic concepts. *J. Euphytica*, 142(1): 169-196.

- Collard, B. C. Y., dan D. J. Mackill. 2008. Marker-assisted selection: an approach for precision plant breeding in the twenty-first century. *Biological Sciences*, 363(1491): 557–572.
- Cuevas, H. E., J. E. Staub, P. W. Simon, dan J. E. Zalapa. 2009. A consensus linkage map identifies genomic regions controlling fruit maturity and beta-carotene-associated flesh color in melon (*Cucumis melo* L.). *J. Theoretical and applied genetics*, 119(4): 741-756.
- Daryono, B. S., dan S. D. Maryanto. 2018. Keanekaragaman dan potensi sumber daya genetik melon. Gadjah Mada University Press. Yogyakarta.
- Daryono, B. S., S. D. Maryanto, S. Nissa, dan G. R. Aristya. 2016. Analisis kandungan vitamin pada melon (*Cucumis melo* L.) kultivar melodi gama 1 dan melon komersial. *J. Ilmiah Biologi*, 4 (1): 1 – 9.
- Du, X., H. Liu, Z. Zhu, S. Liu, Z. Song, L. Xia, J. Zhao, F. Luan, dan S. Liu. 2022. Identification of candidate chromosome region related to melon (*Cucumis melo* L.) fruit surface groove trait through biparental genetic mapping and genome-wide association study. *Frontiers in Plant Science*, 13: 828287.
- Ferreira, M. A. J. F., D. J. H. Silva, P. R. Cecon, P. C. S. Carneiro, W. M. Nascimento, dan A. A. Santos. 2021. Phenotypic variability, diversity and genetic-population structure in melon (*Cucumis melo* L.) associated with total soluble solids. *J. Scientia Horticulturae*, 278: 109844.
- Fukino, N., Y. Sakata, M. Kuniyoshi, dan S. Matsumoto. 2007. Characterisation of novel simple sequence repeat (SSR) markers for melon (*Cucumis melo* L.) and their use for genotype identification. *J. Horticultural Science and Biotechnology*, 82(2): 330-334.
- Govindaraj, M., M. Vetriventhan, dan M. Srinivasan. 2015. Importance of genetic diversity assessment in crop plants and its recent advances: An overview of its analytical perspectives. *J. Genetics Research International*. 431487.
- Gupta, N. 2019. DNA extraction and polymerase chain reaction. *J. Cytology*, 36(2): 116–117.
- Harel-Beja, R., G. Tzuri, V. Portnoy, et al. 2010. A genetic map of melon highly enriched with fruit quality QTLs and EST *markers*, including sugar and carotenoid metabolism genes. *Theoretical and Applied Genetics*. 121 (1): 511–533.

- Hasan, N., S. Choudhary, N. Naaz, N. Sharma, dan R. A. Laskar. 2021. Recent advancements in molecular marker-assisted selection and applications in plant breeding programmes. *J. Genetic Engineering and Biotechnology*, 19 (1): 119-128.
- Hartono, T. T., N Khuriyati, dan I. W. F. Aziz. 2023. Analysis of consumers' preferences for melon using the conjoint method. *J. Agroindustrial*, 9(1): 22-31.
- Herwibawa, B., S. Anwar, F. Kusmiyati, M. G. A. Sas, dan T. Bagus. 2026. Fruit morphology and clustering analysis reveals diversity among commercial melons (*Cucumis melo* L.) in Indonesia. *International Journal of Agriculture and Biosciences*. 15 (1):115–124.
- Hu, J., L. Gao, Y. Xu, Q. Li, H. Zhu, L. Yang, J. Li, dan S. Sun. 2019. Microsatellite markers reveal genetic diversity and relationships within a melon collection mainly comprising Asian cultivated and wild germplasms. *J. BioMed Research International*, 7495609.
- Huda, A. N., W. B. Suwarno, dan A. Maharijaya. 2017. Keragaman genetik karakteristik buah antar17 genotipe melon (*Cucumis melo* L.). *J. Hortikultura Indonesia*, 8(1): 1-12.
- Huda, A. N., W. B. Suwarno, dan A. Maharijaya. 2018. Karakteristik buah melon (*Cucumis melo* L.) pada lima stadia kematangan. *J. Agronomy*, 46 (3): 298-305.
- Jaccard, P. 1908. Nouvelles recherches sur la distribution florale. *Bulletin de la Société Vaudoise des Sciences Naturelles*, 44(163): 223-270.
- Kayama, K., M. Kanno, N. Chisaki, M. Tanaka, R. Yao, K. Hanazono, dan D. Endoh. 2021. Prediction of PCR amplification from primer and template sequences using recurrent neural network. *Scientific Reports*, 11(1): 7493.
- Kaur, S., S. P. Sharma, N. K. Sarao, J. K. Deol, R. Gill, K. A. Abd-Elsalam, M. A. Alghuthaymi, M. M. Hassan, dan N. Chawla. 2022. Heterosis and combining ability for fruit yield, sweetness, β -carotene, ascorbic acid, firmness and Fusarium wilt resistance in muskmelon (*Cucumis melo* L.) involving genetic male sterile lines. *J. Horticulturae*, 8(1): 82.
- Kesh, H., dan P. Kaushik. 2020. Advances in melon breeding (*Cucumis melo* L.): An update. Preprints. Nagano University, Japan.
- Lee, Z., S. Kim, S. J. Choi, E. Joung, M. Kwon, H. J. Park, dan J. S. Shim. 2023. Regulation of flowering time by environmental factors in plants. *Plants*, 12(21): 3680.

- Lija, M., dan S. S. Beevy. 2021. A review on the diversity of melon. *Plant Science Today*, 8(4): 995–1003.
- Lorenz, T. C. 2012. Polymerase chain reaction: Basic protocol plus troubleshooting and optimization strategies. *J. Visualized Experiments*, 63: e3998.
- Lucena-Aguilar, G., A. M. Sánchez-López, C. Barberán-Aceituno, J. A. Carrillo-Ávila, J. A. López-Guerrero, dan R. Aguilar-Quesada. 2016. DNA source selection for downstream applications based on DNA quality indicators analysis. *J. Biopreservation and Biobanking*, 14(4): 264-270.
- Ma, J., C. Li, M. Zong, Y. Qiu, Y. Liu, Y. Huang, Y. Xie, H. Zhang, dan J. Wang. 2022. CmFSI8/CmOFP13 encoding an OVATE family protein controls fruit shape in melon. *Journal of experimental botany*, 73 (5): 1370-1384.
- Manchali, S., Chidambara Murthy, K. N., Vishnuvardana, dan B. S. Patil. 2021. Nutritional composition and health benefits of various botanical types of melon (*Cucumis melo* L.). *J. of Plants*, 10 (9): 1755.
- Mazlan, A. H., M. H. A. Muhamad Najib, M. Hazizul Hassan, F. H. Mohd Hatta, dan R. Mohd Yusoff. 2024. Effect of DNA template concentration on standard polymerase chain reaction. *J. Pharmaceuticals, Nutraceuticals and Cosmetic Science*, 7(1): 1–11.
- Namjoo, M., F. Khoshnam, H. Golbakhshi, dan M. Dowlati, M. 2016. Physical and mechanical changes in ripening melon fruits. *Yuzuncu Yıl University Journal of Agricultural Sciences*, 26 (2): 135-144.
- Nugroho, K., D. Widyajayantie, S. A. Ishtifaiyyah, dan E. Apriliani. 2021. Pemanfaatan teknologi droplet digital pcr (ddpcr) dalam kegiatan analisis molekuler tanaman. *J. Bios Logos*, 11 (1): 28-40.
- Pan, Y., Y. Wang, C. McGregor, S. Liu, F. Luan, M. Gao, dan Y. Weng. 2020. Genetic architecture of fruit size and shape variation in cucurbits: a comparative perspective. *J. Theoretical and applied genetics*, 133 (1): 1-21.
- Pardosi, N. R. A., N. E. Mustamu, K. Rizal, dan S. H. Y. Saragih. 2022. Analisis sifat kimia tanah pada tanaman melon (*Cucumis melo* L.) di Dusun Montong Desa Silumajang Kab. Labuhanbatu Utara. *J. Pertanian Agros*, 24 (2): 586-591.
- Peakall, R., dan P. E. Smouse. 2012. GenAlEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research: an update. *Bioinformatics*, 28(19): 2537–2539.

- Pulela, B. L., M. M. Maboko, P. Soundy, dan S. O. Amoo. 2022. Cultivar and postharvest storage duration influence fruit quality, nutritional and phytochemical profiles of soilless-grown cantaloupe and honeydew melons. *Plants*, 11(16): 1–15.
- Pusat Perlindungan Varietas Tanaman dan Perizinan Pertanian. 2014. Panduan Pelaksanaan Uji (PPU) Melon. Kementerian Pertanian Republik Indonesia. Jakarta.
- Ramamurthy, R. K., dan Waters, B. M. 2015. Identification of fruit quality and morphology QTLs in melon (*Cucumis melo*) using a population derived from *flexuosus* and *cantalupensis* botanical groups. *Euphytica*, 204(1): 163-177.
- Retnaningati, D. 2020. Optimasi metode ekstraksi DNA pada melon (*Cucumis melo* L.) berdasarkan suhu, lama inkubasi, dan kondisi daun. *J. Biota*, 1(1): 109-114.
- Sambrook, J., dan Russell, D. W. 2001. *Molecular Cloning: A Laboratory Manual*. Cold Spring Harbor Laboratory Press. New York.
- Sanabria-Verón, N. C., C. A. F. Melo, G. H. de Sousa Nunes, D. da Costa Silva, M. M. de Souza, dan R. X. Corrêa. 2025. Floral characteristics and reproductive biology in Brazilian melon accessions: Insights from commercial and exotic varieties. *Plants*, 14(19): 3047.
- Selim, M. A. M. 2020. Inheritance of fruit flesh colour in some botanical varieties of muskmelon, *Cucumis melo*. *J. Applied Horticulture*, 22 (1): 57-61.
- Shahwar, D., Z. Khan, dan Y. Park. 2023. Molecular *marker*-assisted mapping, candidate gene identification, and breeding in melon (*Cucumis melo* L.): *J. Molecular Sciences*, 24 (20): 15490.
- Singh, D., D. I. Leskova, S. P. Sharma, N. K. Sarao, dan V. K. Vashisht. 2020. Genetic diversity and interrelationship among Indian and exotic melons based on fruit morphology, quality components and microsatellite *markers*. *J. Physiology and molecular biology of plants*, 26(5): 985-1002.
- Spearman, C. 1904. The proof and measurement of association between two things. *The American Journal of Psychology*, 15(1): 72–101.
- Suhita, C. P., M. T. Sundari, S. M. Handayani, dan D. Setyaningrum. 2025. Analisis preferensi konsumen terhadap pembelian buah melon di Surakarta. *J. Sci-Tech*, 4(1): 1–16.

- Syukur, M., S. Sujiprihati, dan R. Yuniarti. 2018. Teknik Pemuliaan Tanaman. Penebar Swadaya. Jakarta.
- Tara, K. K., H. Choudhary, R. K. Yadav, J. Kumari, D. C. Mishra, dan K. Shankar. 2023. Deciphering genetic variability in melon (*Cucumis melo* L.) using morphological characters. *J. Vegetable Science*, 50(1): 104–109.
- Terryana, R. T., K. Nugroho, H. Rijzaani, dan P. Lestari. 2018. Karakterisasi keragaman genetik 27 genotipe cabai berdasarkan marka SSR (Simple Sequence Repeat). *J. Ilmu-Ilmu Hayati*, 17 (2): 91-223.
- Ting, N.C., M. Z. Noorhariza, R. Rozana, L E. T. Low, M. Ithnin, S. C. Cheah, S. G. Tan, dan R. Singh. 2010. SSR mining in oil plam EST database: Application in oil palm germplasm diversity studies. *J. Genetics*, 89(1): 135-145.
- Trisnawati, R., E. Kesumawati, dan M. Hayati. 2018. Pertumbuhan dan hasil tanaman melon (*Cucumis melo* L.) pada berbagai tipe media tumbuh dan konsentrasi nutrisi Hydro-J melon dengan hidroponik substrat. *J. Agrista*, 22(1): 1-9.
- Tola, E. C. M. 2020. Faktor-faktor yang mempengaruhi produksi melon golden (*Cucumis melo* L.) di Kota Cilegon. *Jurnal Ilmu Pertanian Tirtayasa*, 2(1): 110–121.
- Tzuri, G., X. Zhou, N. Chayut, H. Yuan, V. Portnoy, A. Meir, and Y. Tadmor. 2015. A ‘golden’ SNP in CmOr governs the fruit flesh color of melon (*Cucumis melo* L.). *The Plant Journal*, 82 (2): 267 – 279.
- Varshney, R. K., A. Bohra, J. Yu, A. Graner, Q. Zhang, dan M. E. Sorrells. 2021. Designing future crops: Genomics-assisted breeding comes of age. *J. Plant Science*, 26(6): 631-649.
- Vieira, M. L. C., L. Santini, A. L. Diniz, dan C. F. Munhoz. 2016. Microsatellite markers: what they mean and why they are so useful. *J. Genetics and Molecular Biology*, 39(3): 312–328.
- Widodo, A. S., H. As' ari, T. I. D. Kurnia, dan A. Novitasari. 2024. Pengaruh waktu penyerbukan terhadap kualitas hasil tanaman melon (*Cucumis melo* L.) dengan perkawinan silang tanaman semangka (*Citrullus vulgaris* L.). *J. Biosense*, 7(1): 163-174.
- Zhao, G., Q. Lian, Z. Zhang, Q. Fu, Y. He, S. Ma, dan S. Huang. 2019. A comprehensive genome variation map of melon identifies multiple domestication events and loci influencing agronomic traits. *Nature genetics*, 51(11): 1607-1615.

- Zhang, J., J. Yang, Y. Lv, X. Zhang, C. Xia, H. Zhao, dan C. Wen. 2023. Genetic diversity analysis and variety identification using SSR and SNP markers in melon. *BMC Plant Biology*, 23: 39.
- Zuraida, Z. E. D. 2019. Hubungan kekerabatan tumbuhan famili *Cucurbitaceae* berdasarkan karakter morfologi di Kabupaten Pidie sebagai sumber belajar botani tumbuhan tinggi. *J. Agroristek*, 2 (1): 7-14.