Gema Agro

p-ISSN 1410-0843
e-ISSN 2614-6045

http://ejournal.warmadewa.ac.id/index.php/gema-agro
Volume 31, Nomor 02, Oktober 2026, Hal: 76~82 *https://doi.org/10.22225/ga.31.2.15863.76-82*

Analisis Keragaman Genetik dan Perubahan DNA pada Sukun (*Artocarpus altilis*) serta Kaitannya dengan Karakteristik Buah: Review Jurnal

Upendra Ananta[1], Wira Nugraha[1], Hayatul Rahmi[2]

[1]Program Studi Agroteknologi – Fakultas Pertanian –Universitas Singaperbangsa Karawang,
Jl. HS.Ronggo Waluyo Puseurjaya, Telukjambe Timur, Karawang, Jawa Barat, Indonesia 41361
Email : 2510631090123@student.unsika.ac.id

Abstract

Breadfruit (Artocarpus altilis) is a tropical fruit plant with significant value as a food source and genetic resource. This plant exhibits high diversity based on both morphological and genetic characteristics. This diversity was formed through domestication processes, selection, vegetative propagation, and hybridization with closely related species. This review aims to analyze the genetic diversity and DNA variation in breadfruit, as well as examine their relationship with morphological characteristics and fruit quality. The method used is a literature review of various studies on the genetic diversity of A. altilis using AFLP, SSR/microsatellite, and ITS markers, as well as chloroplast genome analysis, which were then compared with studies based on morphological and fruit characteristics. The review results show that breadfruit possesses a fairly broad genetic and phenotypic diversity. AFLP analysis indicates more than one genetic origin for breadfruit, along with the contributions of Artocarpus camansi and A. mariannensis in its domestication history. SSR markers also show polymorphism that can be used to distinguish cultivars and analyze phylogenetic relationships. This genetic diversity is related to variations in fruit shape, size, skin color, surface texture, flesh color, seed number, fruit weight, and nutritional properties. Thus, molecular characterization combined with morphological traits provides an important foundation for germplasm conservation, cultivar identification, and breadfruit breeding programs.

Keywords : Artocarpus altilis; DNA; Genetic diversity; SSR; AFLP; Fruit morphology; Germplasm.

1. Pendahuluan

Sukun (*Artocarpus altilis* (Parkinson) Fosberg) merupakan tanaman tropis dari famili Moraceae yang mempunyai nilai penting sebagai tanaman pangan. Buah sukun mengandung karbohidrat dan dapat diolah menjadi berbagai produk pangan. Meskipun demikian, sukun masih termasuk tanaman yang belum dimanfaatkan secara optimal dibandingkan dengan beberapa tanaman pangan utama. Salah satu faktor yang penting untuk meningkatkan pemanfaatan sukun adalah tersedianya informasi mengenai keragaman genetik dan karakteristik kultivar yang dimiliki.(Zerega et al., 2004).

Keragaman genetik merupakan salah satu komponen penting dalam pemanfaatan dan konservasi tanaman sukun. Keragaman tersebut dapat dipelajari melalui karakter morfologi maupun penanda molekuler. Kajian mengenai keragaman genetik global menunjukkan

bahwa plasma nutfah sukun tersebar di berbagai wilayah dan memiliki nilai penting sebagai sumber daya genetik tanaman pangan. Keragaman pada tanaman sukun dapat diamati melalui karakter morfologi maupun pendekatan molekuler. Penelitian mengenai keragaman morfologi menunjukkan adanya perbedaan pada karakter daun, buah, biji, dan bagian reproduktif. (Jones et al., 2013) misalnya, menggunakan 57 karakter morfologi untuk mengevaluasi 221 aksesi *Artocarpus*. Hasil penelitian menunjukkan adanya keragaman morfologi yang tinggi dan perubahan karakter yang berkaitan dengan proses domestikasi, terutama dari buah yang memiliki banyak biji dan permukaan berduri menuju buah dengan jumlah biji lebih sedikit serta permukaan lebih halus.(de Souza et al., 2021)

Keragaman tersebut tidak hanya dipengaruhi oleh lingkungan, tetapi juga berkaitan dengan latar belakang genetik tanaman. Penelitian Ragone dan Zerega menggunakan data DNA fingerprinting dengan metode AFLP pada lebih dari 200 kultivar sukun, 30 individu *A. camansi*, dan 24 individu *A. mariannensis*. Hasilnya menunjukkan bahwa sukun mempunyai sejarah domestikasi yang kompleks dan sedikitnya terdapat dua asal genetik utama. Sebagian besar kultivar Melanesia dan Polinesia berhubungan dengan *A. camansi*, sedangkan sebagian kultivar Mikronesia menunjukkan kontribusi hibridisasi antara sukun yang berasal dari *A. camansi* dan *A. mariannensis*.(Jones et al., 2013).

Perkembangan teknologi molekuler memberikan peluang untuk mengidentifikasi keragaman DNA sukun secara lebih akurat. Penanda mikrosatelit atau simple sequence repeat (SSR) telah dikembangkan khusus untuk *A. altilis*. (Witherup et al., 2013) mengembangkan 25 lokus mikrosatelit yang menunjukkan polimorfisme pada beberapa spesies *Artocarpus*. Penanda tersebut dapat digunakan untuk mempelajari struktur genetik, identifikasi kultivar, sejarah domestikasi, serta strategi konservasi plasma nutfah. Selain itu, perkembangan teknologi sekuensing memungkinkan diperolehnya lebih banyak penanda SSR. (De Bellis et al., 2016) memperoleh 47.607 lokus SSR dari pustaka DNA genom sukun menggunakan teknologi Illumina dan memilih 50 penanda untuk pengujian lebih lanjut. Seluruh penanda tersebut menunjukkan polimorfisme pada sampel *A. altilis*, sehingga dapat digunakan untuk mempelajari identitas dan keragaman genetik kultivar sukun.

Di Indonesia, keragaman sukun juga dapat diamati berdasarkan karakter morfologi dan molekuler. Penelitian di Bawean menunjukkan adanya keragaman dan jarak genetik berdasarkan karakter morfologi, sedangkan penelitian di Sleman menunjukkan bahwa beberapa tanaman sukun dapat dikelompokkan berdasarkan kemiripan karakter morfologinya.(Rahmah & Waluyo, 2019).

Berdasarkan uraian tersebut, kajian mengenai keragaman genetik dan variasi DNA sukun penting dilakukan untuk memahami hubungan antara variasi genetik dengan karakteristik buah. Informasi tersebut dapat digunakan sebagai dasar dalam identifikasi kultivar, konservasi plasma nutfah, dan pemuliaan tanaman sukun.(Mursyidin & Setiawan, 2023).

2. Metode

Metode yang digunakan adalah literature review dengan mengumpulkan, membaca, membandingkan, dan mensintesis hasil penelitian yang relevan. Literatur dikelompokkan

berdasarkan pendekatan yang digunakan, yaitu pendekatan molekuler dan morfologi.

Pada pendekatan molekuler, informasi dibandingkan berdasarkan jenis penanda DNA yang digunakan, seperti AFLP, SSR/mikrosatelit, ITS, dan sekuensing genom kloroplas. Data tersebut kemudian dianalisis untuk mengetahui pola keragaman genetik, hubungan kekerabatan, asal-usul, serta kemungkinan hubungan antara variasi genetik dan karakter fenotipik.

Pada pendekatan morfologi, karakter yang dibandingkan meliputi bentuk dan ukuran buah, warna kulit, tekstur permukaan, warna daging buah, jumlah biji, karakter daun, serta karakter agronomis dan nutrisi. Hasil dari kedua pendekatan kemudian disintesis untuk memperoleh gambaran mengenai hubungan antara keragaman genetik dan karakteristik sukun.

3. Hasil dan Pembahasan

3.1 Keragaman Genetik Sukun Berdasarkan Analisis DNA

Keragaman genetik merupakan salah satu faktor penting dalam mempertahankan kemampuan adaptasi dan menyediakan sumber materi untuk pemuliaan tanaman. Pada sukun, keragaman genetik diketahui cukup kompleks karena tanaman ini telah mengalami domestikasi dalam waktu yang panjang dan banyak kultivar diperbanyak secara vegetatif.

Penelitian menggunakan AFLP menunjukkan bahwa A. altilis mempunyai hubungan genetik yang erat dengan A. camansi dan A. mariannensis. Analisis terhadap lebih dari 200 kultivar sukun menunjukkan adanya sedikitnya dua asal genetik utama. Kultivar dari Melanesia dan Polinesia umumnya berhubungan dengan A. camansi, sedangkan sebagian kultivar dari Mikronesia menunjukkan adanya kontribusi A. mariannensis melalui proses hibridisasi. Hasil tersebut menunjukkan bahwa variasi genetik sukun tidak terbentuk hanya melalui perubahan dalam satu populasi, tetapi juga berkaitan dengan proses domestikasi, seleksi manusia, dan persilangan antarkerabat.(Sreekumar et al., 2007)

Dengan demikian, istilah perubahan DNA pada sukun dalam konteks kajian ini lebih tepat dipahami sebagai perbedaan atau variasi susunan genetik antarkultivar dan populasi, bukan sebagai perubahan DNA yang terjadi secara langsung ketika buah mengalami pematangan.

3.2 Peran Penanda SSR dalam Mengidentifikasi Keragaman Genetik

Penanda SSR atau mikrosatelit merupakan salah satu metode molekuler yang banyak digunakan karena mampu mendeteksi variasi pada lokasi tertentu dalam DNA.(Witherup et al., 2013) berhasil mengembangkan 25 lokus mikrosatelit untuk Artocarpus. Hasil pengujian menunjukkan adanya lokus yang bersifat polimorfik sehingga dapat digunakan untuk mengukur variasi genetik antarindividu dan antarkelompok.

Pengembangan penanda tersebut kemudian diperluas menggunakan teknologi next-generation sequencing.(De Bellis et al., 2016) menemukan 47.607 lokus SSR dari DNA genom *A. altilis* dan memilih 50 penanda untuk validasi. Jumlah alel pada lokus yang diuji berkisar antara 2 hingga 19, sedangkan seluruh lokus menunjukkan polimorfisme pada sampel A. altilis. Kondisi tersebut menunjukkan bahwa penanda SSR mempunyai kemampuan yang baik dalam mengidentifikasi variasi genetik dan membedakan kultivar sukun. Informasi tersebut penting karena sukun banyak diperbanyak secara vegetatif.

Perbanyakan vegetatif dapat mempertahankan genotipe tanaman induk, sehingga perbedaan antarkultivar tidak selalu mudah dikenali hanya melalui nama lokal. Penggunaan penanda molekuler dapat membantu memastikan identitas genetik suatu aksesi dan mengurangi kesalahan dalam pengelolaan plasma nutfah.

3.3 Keragaman Genetik Sukun pada Skala Global

Zerega dan Ragone melakukan kajian keragaman genetik menggunakan penanda mikrosatelit nuklir dan kloroplas pada 423 individu sukun dari berbagai wilayah Oceania, Karibia, India, Seychelles, serta kerabat liarnya. Hasil penelitian menunjukkan bahwa tingkat keragaman genetik berbeda antarwilayah. Sukun dari Melanesia termasuk kelompok yang memiliki keragaman tinggi, sedangkan populasi di luar Oceania juga menunjukkan keragaman yang cukup besar.

Hasil tersebut memperlihatkan pentingnya konservasi plasma nutfah sukun pada berbagai wilayah. Koleksi dari wilayah yang berbeda dapat mengandung kombinasi genetik yang berbeda sehingga mempunyai nilai untuk pemuliaan dan adaptasi terhadap kondisi lingkungan. Konservasi tidak hanya perlu mempertahankan jumlah tanaman, tetapi juga harus mempertahankan sebanyak mungkin variasi genetik yang tersedia.

Pendekatan lain untuk mempelajari keragaman genetik adalah analisis wilayah Internal Transcribed Spacer (ITS). Penelitian terhadap *Artocarpus* di Kalimantan Selatan menggunakan wilayah ITS dan karakter morfologi daun menunjukkan adanya keragaman nukleotida pada tingkat sedang dan menghasilkan beberapa kelompok filogenetik. Hasil tersebut memperlihatkan bahwa data DNA dapat memberikan informasi mengenai hubungan kekerabatan yang tidak selalu dapat dijelaskan hanya berdasarkan karakter morfologi.(Mursyidin & Setiawan, 2023). Analisis tersebut juga memperlihatkan pentingnya penggabungan data molekuler dan morfologi. Karakter morfologi dapat dipengaruhi oleh lingkungan, sedangkan penanda DNA memberikan informasi yang lebih langsung mengenai hubungan genetik. Oleh karena itu, penggunaan kedua pendekatan secara bersamaan dapat menghasilkan karakterisasi plasma nutfah yang lebih komprehensif.

3.4 Informasi Genetik dari Genom Kloroplas

Kemajuan teknologi sekuensing juga memungkinkan analisis genom kloroplas atau plastom A. altilis. Salah satu penelitian melaporkan plastom A. altilis berukuran sekitar 160.822 bp yang terdiri atas wilayah large single-copy, small single-copy, dan inverted repeat. Analisis filogenetik berdasarkan gen penyandi protein menunjukkan kedekatan genetik antara A. altilis dan A. camansi. Data plastom memiliki manfaat dalam kajian filogenetik dan konservasi genetik karena dapat digunakan untuk mengetahui hubungan evolusioner antarpopulasi maupun antarspesies. Dengan tersedianya data genom kloroplas, penelitian sukun dapat dikembangkan lebih jauh untuk mempelajari asal-usul, penyebaran, dan hubungan kekerabatan tanaman.(Gardner et al., 2015)

3.5 Hubungan Keragaman Genetik dengan Karakteristik Morfologi Buah

Keragaman genetik pada sukun dapat tercermin melalui perbedaan karakter morfologi(Jones et al., 2013) mengamati 221 aksesi dengan menggunakan 57 karakter

standar yang terdiri atas karakter daun, buah, biji, dan bunga jantan. Hasilnya menunjukkan adanya variasi morfologi yang luas di antara aksesi. Perubahan karakter buah selama domestikasi terlihat dari buah yang awalnya memiliki banyak biji dan permukaan berduri menjadi buah dengan jumlah biji lebih sedikit dan permukaan lebih halus.

Penelitian lain menunjukkan bahwa karakter buah seperti tekstur kulit, warna kulit, bentuk buah, dan warna daging buah dapat menjadi karakter penting dalam membedakan aksesi sukun. Pada penelitian sukun di Karibia, 27 aksesi menunjukkan keragaman morfologi yang tinggi dan karakter buah menjadi salah satu kelompok karakter paling informatif untuk membedakan aksesi. Hal tersebut menunjukkan adanya keterkaitan antara latar belakang genetik dengan fenotipe buah. Namun, hubungan tersebut tidak selalu bersifat langsung karena karakter morfologi juga dapat dipengaruhi oleh lingkungan, umur tanaman, kondisi budidaya, dan tingkat perkembangan buah.

3.6 Keragaman Morfologi Sukun di Indonesia

Keragaman sukun di Indonesia juga telah dilaporkan melalui penelitian berbasis karakter morfologi. Penelitian di Bawean menunjukkan adanya perbedaan jarak genetik berdasarkan karakter morfologi dan menegaskan pentingnya identifikasi keragaman untuk konservasi plasma nutfah. Penelitian di Kabupaten Sleman menggunakan 10 karakter morfologi dan analisis UPGMA. Hasilnya menunjukkan bahwa tanaman sukun tidak selalu mengelompok berdasarkan lokasi asal, tetapi lebih banyak dikelompokkan berdasarkan persamaan karakter. Tiga kelompok morfologi berhasil diidentifikasi dengan koefisien kemiripan sekitar 0,68, yang menunjukkan adanya keragaman karakter yang cukup tinggi.(Estalansa et al., 2018) Temuan tersebut memperkuat bahwa lokasi geografis tidak selalu menggambarkan hubungan genetik secara langsung. Tanaman yang berasal dari lokasi berbeda dapat memiliki karakter yang mirip, sedangkan tanaman dari wilayah yang sama dapat menunjukkan perbedaan. Oleh sebab itu, identifikasi berdasarkan morfologi sebaiknya dilengkapi dengan analisis DNA.

3.7 Hubungan Keragaman Genetik dengan Kualitas dan Karakter Buah

Keragaman genetik juga dapat berhubungan dengan sifat yang penting secara agronomis dan ekonomi. Penelitian terhadap 94 kultivar sukun menunjukkan variasi bobot buah yang cukup luas, yaitu sekitar 0,47–3,54 kg. Bagian buah yang dapat dimakan juga bervariasi, demikian pula kandungan protein dan mineralnya. Variasi tersebut menunjukkan bahwa kultivar sukun memiliki potensi berbeda untuk tujuan konsumsi dan pengolahan. Karakter seperti bobot buah, ukuran buah, ketebalan daging, warna daging, tekstur, jumlah biji, dan kandungan nutrisi menjadi penting dalam menentukan nilai suatu kultivar. Oleh karena itu, identifikasi genetik perlu dikombinasikan dengan pengamatan karakter buah untuk menentukan aksesi yang potensial sebagai sumber plasma nutfah maupun bahan pemuliaan.

3.8 Implikasi terhadap Pemuliaan dan Konservasi

Hasil berbagai penelitian menunjukkan bahwa keragaman genetik sukun merupakan sumber daya penting dalam pemuliaan. Penanda molekuler dapat digunakan untuk

mengidentifikasi kultivar, mengetahui hubungan kekerabatan, menghindari duplikasi koleksi, serta memilih materi genetik yang memiliki karakter tertentu. Penelitian mengenai penanda SSR menyebutkan bahwa marker tersebut dapat dimanfaatkan untuk identifikasi kultivar, pengelolaan bank plasma nutfah, penentuan tingkat ploidi, dan penelitian mengenai asal-usul serta penyebaran sukun. Dengan menggabungkan informasi DNA dan karakter fenotipik, pemulia dapat memperoleh informasi yang lebih lengkap mengenai suatu aksesi. Pendekatan tersebut dapat diarahkan untuk menghasilkan atau memilih tanaman dengan karakter buah yang diinginkan, seperti ukuran buah yang sesuai, produktivitas tinggi, kualitas daging buah baik, kandungan nutrisi tinggi, serta kemampuan beradaptasi terhadap lingkungan.

4. Kesimpulan

Berdasarkan hasil kajian berbagai penelitian, sukun (*Artocarpus altilis*) memiliki keragaman genetik dan morfologi yang cukup tinggi. Analisis molekuler menggunakan AFLP, SSR, ITS, serta genom kloroplas menunjukkan adanya variasi DNA dan hubungan kekerabatan yang kompleks antara kultivar sukun dengan kerabat dekatnya, terutama *A. camansi* dan *A. mariannensis*. Keragaman tersebut berkaitan dengan sejarah domestikasi, seleksi manusia, hibridisasi, dan penyebaran sukun melalui berbagai wilayah. Variasi genetik juga tercermin pada karakter fenotipik, terutama bentuk, ukuran, bobot, warna kulit, tekstur permukaan, warna daging, jumlah biji, dan karakter nutrisi buah. Namun, karakter morfologi tidak sepenuhnya dapat digunakan untuk menggambarkan keragaman genetik karena dapat dipengaruhi oleh lingkungan. Oleh karena itu, kombinasi karakter morfologi dan analisis DNA merupakan pendekatan yang lebih efektif untuk identifikasi dan karakterisasi plasma nutfah sukun. Secara keseluruhan, informasi mengenai keragaman genetik sukun dapat dimanfaatkan untuk konservasi sumber daya genetik, identifikasi kultivar, pengelolaan plasma nutfah, dan mendukung program pemuliaan tanaman. Penelitian selanjutnya perlu memperluas penggunaan penanda molekuler dan mengintegrasikannya dengan karakter agronomi, kualitas buah, serta respons tanaman terhadap kondisi lingkungan.

Daftar Pustaka

De Bellis, F., Malapa, R., Kagy, V., Lebegin, S., Billot, C., & Labouisse, J. (2016). New development and validation of 50 SSR markers in breadfruit (Artocarpus altilis , Moraceae) by next-generation sequencing . *Applications in Plant Sciences*, *4*(8). https://doi.org/10.3732/apps.1600021

de Souza, U. J. B., dos Santos, R. N., de Araújo Filho, R. N., dos Santos, G. R., Almeida Sarmento, R., De Bellis, F., & Campos, F. S. (2021). The complete chloroplast genome of Artocarpus altilis (Moraceae) and phylogenetic relationships. *Mitochondrial DNA Part B: Resources*, *6*(8), 2291–2293. https://doi.org/10.1080/23802359.2021.19 45504

Estalansa, H., Yuniastuti, E., & Hartati, S. (2018). *The Diversity Of Breadfruit Plants (Artocarpus Altilis) Based On Morphological Characters* (Vol. 2,

Number 2).

Gardner, E. M., Laricchia, K. M., Murphy, M., Ragone, D., Scheffler, B. E., Simpson, S., Williams, E. W., & Zerega, N. J. C. (2015). Chloroplast microsatellite markers for Artocarpus (Moraceae) developed from transcriptome sequences . *Applications in Plant Sciences*, *3*(9). https://doi.org/10.3732/apps.1500049

Jones, A. M. P., Murch, S. J., Wiseman, J., & Ragone, D. (2013). Morphological diversity in breadfruit (Artocarpus, Moraceae): Insights into domestication, conservation, and cultivar identification. *Genetic Resources and Crop Evolution*, *60*(1), 175–
192. https://doi.org/10.1007/s10722-012-
9824-8

Mursyidin, D. H., & Setiawan, A. (2023). Assessing diversity and phylogeny of Indonesian breadfruit (Artocarpus spp.) using internal transcribed spacer (ITS) region and leaf morphology. *Journal of Genetic Engineering and Biotechnology*, *21*(1). https://doi.org/10.1186/s43141-023-00476-y

Rahmah, W., & Waluyo, B. (2019). Genetic distance and diversity of breadfruit (Artocarpus altilis) based on morphological characters in Bawean Island, Indonesia.
Biodiversitas, *20*(11), 3284–3291. https://doi.org/10.13057/biodiv/d201122

Sreekumar, V. B., Binoy, A. M., & George, S. T. (2007). Genetic and morphological variation in breadfruit (Artocarpus altilis (Park.) Fosberg) in the Western Ghats of India using AFLP markers. *Genetic Resources and Crop Evolution*, *54*(8), 1659–1665. https://doi.org/10.1007/s10722-007-9282-x

Witherup, C., Ragone, D., Wiesner-Hanks, T., Irish, B., Scheffler, B., Simpson, S., Zee, F., Zuberi, M. I., & Zerega, N. J. C. (2013). Development of microsatellite loci in Artocarpus altilis (Moraceae) and cross-amplification in congeneric species . Applications in PlantSciences, 1(7). https://doi.org/10.3732/apps.1200423

Zerega, N. J. C., Ragone, D., & Motley, T. J. (2004). Complex Origins Of Breadfruit (Artocarpus Altilis, Moraceae): Implications For Human Migrations In Oceania 1. In *American. Journal of Botany* (Vol. 91, Number 5).