

BAB I. PENDAHULUAN

1.1 Latar Belakang

Syzygium merupakan salah satu genus yang banyak dijumpai di wilayah tropis. *Syzygium* adalah salah satu genus terbesar dalam famili *Myrtacea* tercatat lebih dari 1000 spesies yang tersebar di daerah tropis dan sub tropis. *Syzygium* tercatat lebih dari 300 jenis tersebar di Indonesia (Musawwa et al., 2023) sehingga menjadikan pengelompokan tanaman ini menjadi rumit. Secara morfologi, perbedaan yang paling mencolok pada *Syzygium* adalah pada daun (Anggraheni et al., 2019).

Syzygium polycephalum merupakan salah satu tanaman yang tumbuh secara alami di KHDTK Univeritas Hasanuddin (Restu et al., 2019). Spesies ini mempunyai nama lokal yaitu pasui dalam bahasa bugis serta tersebar luas pada pulau Jawa dan Kalimantan yang dikenal dengan nama gowok, ruhi, kupa, domjong, klesem dan kaliasem merupakan tanaman endemik indonesia yang tersebar di bagian barat dan tengah indonesia. *S.polycephalum* belakangan ini telah menarik perhatian para peneliti dikarenakan memiliki khasiat obat. Beberapa senyawa yang dapat ditemukan pada tanaman gowok seperti asam ursolat, asam oleanolat, squalene, dan sitosterol dari daun *S. polycephalum* (Wardhana et al., 2018).

Uji genetik diperlukan karena dapat menyediakan informasi yang akurat dan mendalam mengenai keragaman dan variasi genetik dalam populasi tanaman. Informasi genetik ini penting untuk pengembangan dan pelestarian tanaman, seperti *Syzygium*, yang memiliki karakter morfologi yang serupa namun dapat berbeda secara genetik. Uji genetik memungkinkan identifikasi yang lebih tepat terhadap spesies atau varietas, memudahkan seleksi untuk pemuliaan, konservasi, dan pengelolaan sumber daya genetik secara efisien. Selain itu, uji genetik juga membantu dalam memahami hubungan filogenetik, distribusi genetik, dan menilai potensi adaptasi tanaman terhadap perubahan lingkungan (Kamaliah, 2020).

Informasi awal seperti melakukan seleksi primer merupakan langkah pertama untuk mempermudah dalam melakukan studi genetik. Primer Dominan adalah jenis *marker* genetik yang hanya menunjukkan satu alel dominan pada individu, sehingga keberadaan alel dominan akan menutupi alel lain yang resesif dalam pola pewarisan. Marker dominan hanya menunjukkan ada tidaknya pita tertentu tanpa membedakan heterozigot atau homozigot. Dominasi ini membuat hasil PCR dengan primer dominan hanya bisa membedakan antara ada dan tidaknya alel target (Wahyuni, 2016).

Primer kodominan adalah *marker* genetik yang memungkinkan deteksi secara simultan kedua alel yang hadir pada lokus yang sama, baik alel dominan maupun resesif, sehingga heterozigot bisa teridentifikasi dibanding homozigot. Dengan primer kodominan, hasil PCR memberikan pola pita yang berbeda sesuai tipe genotipe (homozigot dominan, homozigot resesif, atau heterozigot). Ini sangat berguna dalam studi genetika kuantitatif, peta genetik, dan analisis keragaman genetik (Reflinur & Lestari, 2015).

Hasil penelitian (Anggraheni et al., 2019) menyebutkan seleksi primer pada tanaman *Syzygium* menunjukkan bahwa beberapa primer RAPD seperti OPA-5, OPA-9,

OPA-17, dan OPA-18 memiliki nilai *Polymorphic Information Content* (PIC) yang tinggi yang menandakan kemampuan primer tersebut untuk mendeteksi variasi genetik dengan baik. Studi ini juga menyatakan bahwa penggunaan berbagai primer RAPD pendek memungkinkan amplifikasi fragmen DNA di banyak lokasi genom secara acak, sehingga meningkatkan tingkat polimorfisme yang terdeteksi. Seleksi primer yang tepat sangat penting untuk mendapatkan data genetik yang akurat dan informatif pada tanaman *Syzygium*

Beberapa primer molekuler yang dapat digunakan untuk analisis keragaman genetik antara lain RAPD (*Random Amplified Polymorphic DNA*), ISSR (*Inter Simple Sequence Repeats*), dan SSR (*Simple Sequence Repeat*). Meskipun primer RAPD lebih sederhana dan murah, namun marka ini kurang efisien karena bersifat dominan dan random dalam menempel pada genom, sehingga sering tidak menunjukkan polimorfisme meskipun terdapat perbedaan genetik. Di sisi lain, marka mikrosatelit seperti ISSR dan SSR memiliki keunggulan yang lebih baik untuk penelitian keragaman genetik. SSR khususnya bersifat kodominan, polimorfik, stabil, serta relatif cepat dan sederhana dalam pengerjaan, sehingga lebih direkomendasikan untuk penelitian ini (Djuita et al., 2020).

Penelitian ini bertujuan untuk optimasi seleksi marka dominan dan kodominan pada tumbuhan Pasui (*S.polycephalum*) yang terdapat di KHDTK Hutan Pendidikan Universitas Hasanuddin. Optimasi ini akan digunakan pada studi genetik agar pengelolaan spesies ini lebih optimal.

1.2 Landasan Teori

Syzygium tersebar luas di berbagai tipe habitat dan terdapat sekitar 1.200 spesies *Syzygium* yang tercatat, yang tersebar luas di Asia Selatan, Asia Tenggara, Australia, dan Kaledonia Baru. Beberapa spesies juga ditemukan di Afrika, Malagasi, dan wilayah barat daya Kepulauan Pasifik, Hawaii, dan Selandia Baru. *Syzygium* umumnya tumbuh di hutan hujan tropis, namun tumbuh baik di hampir semua jenis vegetasi, seperti hutan pantai, hutan rawa, menyerupai hutan musim, hutan bambu, rawa gambut, hutan semak dataran rendah, sabana, hutan pegunungan (Mudiana, 2016).

Syzygium merupakan tanaman yang tumbuh di beberapa wilayah Indonesia. Salah satu spesies dari genus ini yaitu *Syzygium polycephalum* yang termasuk ke dalam famili *Myrtaceae* yang mempunyai banyak manfaat. Kayunya dapat digunakan sebagai bahan bangunan rumah, daunnya dapat digunakan sebagai bumbu masakan, penghasil minyak atsiri, dan berkhasiat sebagai obat untuk menurunkan tekanan darah (Irnawati et al., 2017). Meskipun jumlah spesiesnya cukup tinggi, masih sangat sedikit spesies dari genus ini yang diketahui masyarakat luas. Spesies yang dikenal masyarakat luas adalah spesies yang telah dibudidayakan karena manfaat dan kegunaannya.

Teknik molekuler efektif dan dapat dikombinasikan dengan penanda lain. Teknik-teknik ini luas digunakan dalam program pemuliaan tanaman dan kegiatan yang berkaitan dengan konservasi sumber daya genetik (Nurislami et al., 2023). Penanda molekuler mempunyai beberapa kelebihan dibandingkan dengan penanda fenotipik antara lain yaitu tidak dipengaruhi oleh kondisi fisiologis, faktor lingkungan. Primer merupakan sekuen DNA pendek (oligonukleotida) yang terdiri dari untai tunggal dengan panjang 30 basa. Keberadaan primer untuk PCR, maka gen target akan teramplifikasi sepanjang reaksi pcr berlangsung. Fungsi utama primer adalah menyediakan titik awal

bagi DNA polimerase (enzim pembentuk DNA) untuk memulai sintesis untai DNA baru dalam proses replikasi. Pemilihan primer menentukan pita polimorfik DNA yang muncul dalam analisis genetik, karena setiap primer memiliki tempat penempelan yang berbeda-beda pada DNA. Setiap primer menghasilkan pola pita DNA polimorfik yang berbeda-beda, baik dalam jumlah pita DNA, serta ukuran setiap pasang basa (Gusmiaty et al., 2021).

Penanda molekuler RAPD telah dimanfaatkan dalam autentikasi tumbuhan salah satunya karena faktor jumlah sampel yang digunakan sedikit dalam analisis dan tidak membutuhkan jaringan/sampel spesifik (Mei et al., 2017). Informasi genetik dapat diperoleh dengan menggunakan penanda molekuler. *Random Amplified Polymorphic DNA* (RAPD) merupakan salah satu penanda molekuler yang didasarkan pada pemakaian primer acak untuk mengamplifikasi fragmen DNA di seluruh genom tanaman (Galih et al., 2019).

Seleksi primer RAPD merupakan sebuah langkah awal dalam pendekatan metode molekuler dalam studi genetik. Primer berfungsi sebagai pembatas fragmen DNA yang akan diamplifikasi dan sekaligus menyediakan gugus hidroksi (-OH) pada ujung 3' yang diperlukan untuk proses eksistensi DNA (Sasmita et al., 2018). Primer RAPD merupakan penanda dominan yang tidak dapat membedakan apakah fragmen amplifikasi berasal dari alel heterozigot atau homozigot yang menjadi keterbatasan signifikan dalam interpretasi genetik karena informasi genetik yang diperoleh bersifat kurang informatif dibanding marker kodominan seperti SSR (Williams et al., 1990). Kelebihan RAPD dibandingkan penanda molekuler lainnya yaitu, lebih murah, lebih cepat dan DNA yang diperlukan cukup sedikit (0,5-50 ng), tidak memerlukan informasi genom awal tanaman yang akan diuji dan tidak perlu memerlukan radioisotop (Elfianis et al., 2017).

Penanda ISSR adalah penanda multilokus yang didasarkan pada amplifikasi (duplikasi) fragmen DNA, yang diapit oleh pengulangan urutan nukleotida sederhana dalam orientasi terbalik. Urutan-urutan ini tersebar di seluruh genom. Peran fragmen berulang dalam kromosom dapat menjadi area dengan probabilitas tinggi untuk pindah silang selama reduksi kromosom (meiosis). Amplifikasi dengan primer ISSR mengungkapkan lebih banyak lokus per primer dibandingkan analisis RAPD (Akzad et al., 2021). Keunggulan ISSR antara lain: tidak dipengaruhi oleh kondisi lingkungan dan musim, tidak membutuhkan informasi sekuens terlebih dahulu, berbasis *Polymerase Chain Reaction* (PCR), DNA cetakan yang digunakan lebih sedikit (5-50 ng per reaksi), wilayah sekuens tersebar diseluruh genom sehingga menghasilkan pola polimorfisme lebih tinggi dibandingkan dengan teknik *Random Amplified Polymorphic DNA* (RAPD) dan dapat diaplikasikan pada tingkat spesies (Sari et al., 2017).

Primer SSR adalah salah satu primer molekuler sederhana yang paling populer dan paling banyak digunakan karena berbagai kelebihan dibandingkan dengan jenis marka lainnya. Marka SSR terdiri dari sekuens-sekuens DNA dengan unit ulangan yang pendek (1-6 bp) merupakan tipe umum repetitif DNA yang sering disebut dengan mikrosatelit. (Tasma, 2014). SSR mampu membedakan antara alel heterozigot dan homozigot secara langsung, sementara RAPD dan ISSR bersifat dominan dan hanya menunjukkan ada atau tidaknya pita tanpa informasi genotipe yang lengkap. Sifat kodominan ini memungkinkan pengukuran parameter genetika seperti heterozigositas

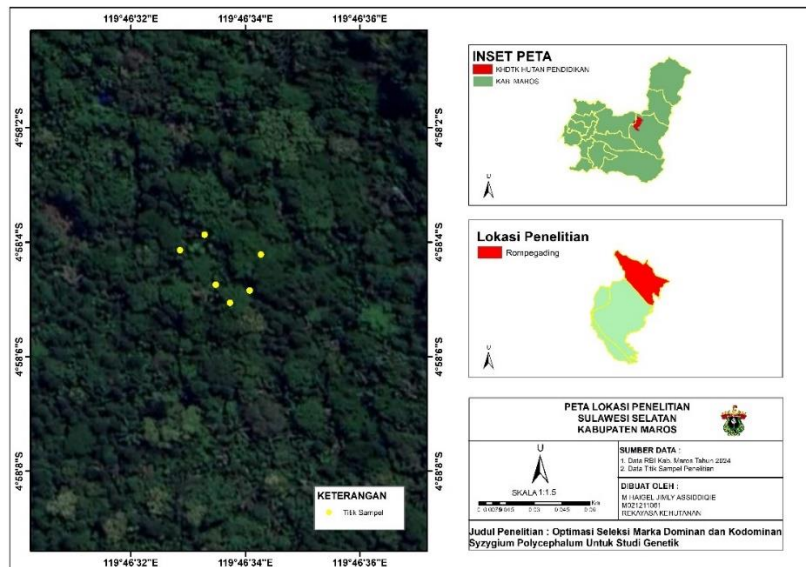
ekspektasi dan frekuensi alel secara akurat, yang sangat penting dalam analisis struktur populasi dan studi keragaman genetik yang kuat secara statistik.

Marker kodominan juga memberikan informasi jumlah alel berbeda pada setiap lokus, yang membantu memperjelas hubungan kekerabatan antar individu lebih tajam dibandingkan marker dominan saja. SSR memiliki tingkat polimorfisme tinggi dan dapat diulang secara konsisten karena lokus mikrosatelit tersebar merata di seluruh genom dan memiliki variasi unit pengulangan yang luas. Hal ini membuat SSR lebih mampu mendeteksi variasi genetik halus dibandingkan dominan marker seperti RAPD dan ISSR, yang cenderung menghasilkan profil pita yang bisa kurang informatif pada populasi yang sangat mirip secara genetik (Sa'diyah et al., 2012). Dalam rangkaian seleksi primer dan analisis genetika, SSR berperan sebagai komponen integratif yang menambah kedalaman dan ketelitian data, melengkapi temuan awal dari RAPD dan ISSR serta dapat dipertanggung jawabkan secara genetik.

BAB II. METODE PENELITIAN

2.1 Waktu dan Tempat

Penelitian ini dilaksanakan pada bulan Agustus - November 2025. Lokasi pengambilan sampel yang dilakukan di Hutan Pendidikan Universitas Hasanuddin, Kabupaten Maros dan analisis molekuler dilakukan di Laboratorium Bioteknologi dan Pemuliaan Pohon, Fakultas Kehutanan, Universitas Hasanuddin, Makassar.



Gambar 1. Peta Lokasi Pengambilan Sampel

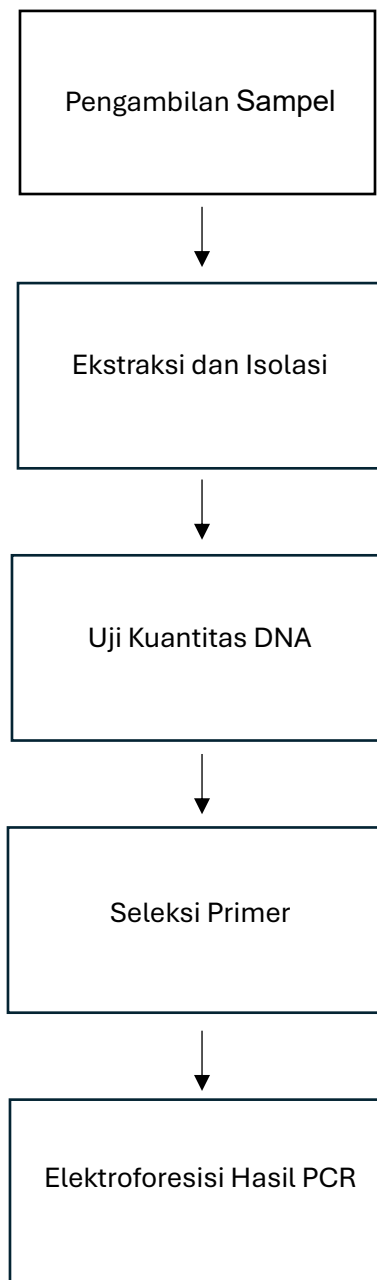
2.2 Alat Penelitian

Alat yang digunakan yaitu, alat tulis kerja (ATK), *mortar*, *pestle*, gunting, *micro pipet*, timbangan analitik, botol *spray*, gelas ukur, botol *spray*, *water bath*, *microwave*, *logbook*, *freezer*, *glass beaker*, kamera *handphone*, spatula. *Qubit 3.0 flurometer*, *centrifuge*, *vortex mixer*, *mini centrifuge*, *PCR machine*, elektroforesis dan *gel doc*.

2.3 Bahan Penelitian

Bahan yang digunakan dalam penelitian ini yaitu, sampel daun *S. polycephalum*, masker, sarung tangan latex, alkohol, aquades, amplop sampel, silica *gel*, tip, *tube*, DNA *Mini KIT*, *loading dye*, aluminium foil, ddh₂O, parafilm, PCR mix kappa, agar *Agarose*, *Agarose molecular biology grade*, *Rnase*, DNA ladders, *GelRed*, *buffer TAE*, primer RAPD, ISSR dan SSR.

2.4 Alur Penelitian



Gambar 2. Bagan Alur Penelitian

2.5 Prosedur Penelitian

2.5.1 Pengambilan Sampel

Sampel penelitian berupa daun *S. polycephalum* yang dikoleksi dari KHDTK Hutan Pendidikan Universitas Hasanuddin. Pengambilan sampel dilakukan pada 6 individu pohon dengan mengambil 5 helai daun dari setiap individu untuk lebih mudah mengelola, memproses, dan mengoptimasi kondisi reaksi PCR dalam tahap awal seleksi primer sehingga sebagai gambaran awal yang memadai mengenai kemampuan primer dalam mendeteksi polimorfisme genetik dan setiap individu dikoleksi sebanyak 5 helai daun. Sampel daun yang diambil adalah daun yang sehat. Daun terlalu muda memiliki banyak sel yang belum berkembang. Daun yang terlalu tua memiliki beberapa sel yang telah mati dan tidak dapat berfungsi dengan baik (Muttaqin Zainum, 2023). Sampel daun dimasukkan kedalam *tea bag* yang telah diberi kode sampel kemudian dimasukkan kedalam plastik clip yang berisikan *silica gel*.

2.5.2 Ekstraksi dan Isolasi DNA

Isolasi DNA dilakukan menggunakan metode *Plant Genomic DNA Mini KIT (Geneaid)* sesuai dengan petunjuk KIT yang meliputi beberapa tahap. Pertama, daun dipisahkan dari tulang daun dengan berat 0,1 gram, kemudian jaringan daun yang tanpa tulang daun digerus hingga menjadi bubuk dan dipindahkan ke dalam *tube* 2 ml. Selanjutnya, larutan buffer GPX1 sebanyak 500 µl ditambahkan ke *tube* berisi sampel dan dihomogenkan menggunakan *vortex*. *Tube* diinkubasi selama 60 menit dan di-*vortex* setiap 15 menit bersamaan dengan pemanasan larutan elusi.

Buffer GP2 sebanyak 100 µl ditambahkan dan dihomogenkan, kemudian diinkubasi selama 10 menit di dalam *freezer*. Sampel disentrifugasi selama 1 menit dengan kecepatan 10.000 G, dan filter putih diletakkan pada *tube* 2 ml untuk memindahkan supernatan ke dalam *tube* dengan filter putih dan disentrifugasi kembali. Setelah membuang kolom (putih), GP3 sebanyak 750 µl ditambahkan dan dihomogenkan, kemudian larutan dipindahkan ke kolom (hijau) dan disentrifugasi. Proses ini diulang jika masih ada larutan tersisa. *Buffer* W1 dan wash *buffer* masing-masing ditambahkan dan disentrifugasi untuk membersihkan larutan. Setelah itu larutan dihapus dan kolom dipindahkan ke *tube* baru, kemudian *elution buffer* sebanyak 100 µl ditambahkan dan didiamkan sebelum disentrifugasi untuk mengeluarkan DNA. Terakhir, kolom dibuang dan 3 µl DNA master ditambahkan, kemudian DNA disimpan pada suhu -20 °C.

2.5.3 Uji Kuantitas DNA

Pengujian kuantitas dilakukan dengan menggunakan alat Qubit 3.0 Fluorometer (*Thermo Fisher Scientific*) dengan metode *Broad Range*. Pengujian kuantitas DNA dilakukan sebagai langkah untuk mengetahui tingkat keberhasilan dari proses ekstraksi dan isolasi DNA. Uji ini dimulai dengan mencampurkan Qubit dsDNA BR Reagent sebanyak 1 µl x jumlah sampel dan qubit dsDNA BR *buffer* 199 µl x jumlah sampel. Selanjutnya DNA dimasukkan ke dalam *tube* qubit sebanyak 3 µl dan ditambahkan qubit *working solution* sebanyak 198 µl. Selanjutnya memasukkan sampel uji di tempat gelap selama 2 menit, kemudian sampel diuji menggunakan qubit 3.0 Fluorometer.

2.5.4 Seleksi Primer

Pemilihan primer dilakukan untuk menggugurkan primer yang tidak teramplifikasi terhadap sampel yang diuji dengan menjalankan beberapa reaksi PCR menggunakan berbagai primer yang berbeda pada sampel DNA yang sama dan dalam kondisi identik, guna menentukan kondisi terbaik serta tingkat variasi dari pita hasil amplifikasi setiap primer (Nurislami et al., 2023). Seleksi primer dilakukan dengan menggunakan mesin PCR yang memiliki 12 gradien suhu, guna untuk melihat suhu seberapa sampel tersebut teramplifikasi. Satu kali pengoperasian PCR terdiri dari 3 μ l DNA *working*, 3 μ l ddH₂O, 6, 25 μ l PCR Mix 1,25 μ l primer RAPD, 2 μ l ISSR, 2 μ l SSR. Untuk setiap reaksi yang menggunakan primer RAPD total reaksi 10,5 μ l sedangkan yang menggunakan primer ISSR dan primer SSR untuk setiap reaksinya mempunyai total 11,25 μ l. Berikut data primer yang akan diseleksi.

Tabel 1. Primer RAPD yang diseleksi

No	Primer RAPD	Sequence	TM (°C)
1.	OPA11	5'- CAA TCG CCG T - 3'	32
2.	PLC14	5'- TGC GTG CTT G - 3'	32
3.	PLR13	5'- GGA CGA CAA G - 3'	32
4.	OPAD11	5'- CAA TCG GGT C - 3'	32,1
5.	PLW04	5'- CAG AAG CGC A - 3'	32
6.	M147	5'- GTG CGT CCT C - 3'	34
7.	M33	5'- CCG GCT GGA A - 3'	34
8.	M29	5'- CCG GCC TTA C - 3'	34
9.	PLD08	5'- GTG TGC CCC A - 3'	34
10.	PLB10	5'- CTG CTG GGA C - 3'	34
11.	OPAC12	5'- GGC GAG TGT G - 3'	38,1
12.	OPK20	5'- GTG TCG CGA G - 3'	38,5
13.	OPQ07	5'- CCC CGA TGG T - 3'	38,5
14.	OPA02	5'- TGC CGA GCT G - 3'	40,7
15.	OPD03	5'- GTC GCC GTC A - 3'	42,5
16.	OPA09	5'- GGG TAA CGC C - 3'	37,4
17.	OPP08	5'- ACA TCG CCC A - 3'	37,6
18.	OPA15	5'- TTC CGA ACC C - 3'	34,2
19.	OPZ05	5'- TCC CAT GCT G - 3'	34,4
20.	OPG09	5'- CTG ACG TCA G - 3'	30

Tabel 2. Primer ISSR yang diseleksi

No	Primer ISSR	Sequence	TM (°C)
1.	UBC 868	5'- GAA GAA GAA GAA GAA GAA- 3'	45,4
2.	UBC 810	5'- GAG AGA GAG AGA GAG AT- 3'	45,7
3.	UBC 827	5'- ACA CAC ACA CAC ACA CG- 3'	52,7
4.	UBC 824	5'- TCT CTC TCT CTC TCT CG- 3'	53
5.	UBC 813	5'- CTC TCT CTC TCT TCT TT- 3'	44,7

Tabel 3. Primer SSR yang diseleksi

No	Primer SSR	Sequence	TM (°C)
1.	13F	5'- GTT GCT ACA TTT TTG GGG GA- 3'	53,3
	13R	5'- TGC AGA CCC ATG TAG TTT GG- 3'	55
2.	15F	5'-ATA GGC CGT GTG CGT GAT TC- 3'	53,9
	15R	5'- AAG CAA TCA AGT TTT TGC CG- 3'	52,5
3.	17F	5'- ACA GAG TGC GGA AGC AGA TT- 3'	56,8
	17R	5'- GCC GTG TTT CTT GCA AAA CT- 3'	54,6
4.	22F	5'- TTG TCG AGG AGA GCT TTG GT- 3'	56,2
	22R	5'- GTC CCG CCT ATT TGT ATG CT- 3'	54,9
5.	38F	5'- TGT GCG TTC CTC TCA TTC AG- 3'	54,9
	38R	5'- CCA GCG AGA AGA ACA AGG TC- 3'	55,7

Amplifikasi DNA menggunakan mesin PCR yang dimana denaturasi awal dilakukan pada suhu 95 °C selama 5 menit, kemudian dilanjutkan dengan denaturasi siklus pertama pada suhu 90 °C selama 30 detik. Selanjutnya, penempelan primer spesifik dilakukan dengan menyesuaikan suhu penempelan masing-masing primer selama 30 detik. Pemanjangan primer berlangsung pada suhu 72 °C selama 1 menit, diikuti oleh pemanjangan akhir pada suhu yang sama selama 10 menit. Setelah seluruh proses tersebut selesai, produk PCR disimpan pada suhu 4 °C untuk menjaga kestabilannya.

2.5.5 Elektroforesis Hasil PCR

Sampel DNA hasil PCR diuji yang menggunakan primer RAPD dan ISSR dengan melakukan elektroforesis dengan agar agarose sebanyak 2,25 gr dalam TAE 90 ml dan 2 µl *redsafe* sebanyak 4 µl ampikon dimasukkan kedalam *wall* agar agarose dengan jarak 1 *wall* dari masing-masing sisi tempat sebagai *ladder* dengan tegangan 120 Volt selama 30 menit. Sedangkan yang menggunakan primer SSR yaitu dengan melakukan elektroforesis dengan agar SFR dalam TAE 90 ml dan 2 µl *redsafe* sebanyak 4 µl ampikon dimasukkan kedalam *wall* gel agarose dengan jarak 1 *wall* dari masing-masing sisi tempat sebagai *ladder* dengan tegangan 120 Volt selama 30 menit.

Proses elektroforesis dimulai dengan memasukkan 2,25 gram agarose untuk penggunaan primer RAPD atau ISSR dan untuk penggunaan primer SSR menggunakan agar SFR sebanyak 2,7 gram dan 90 ml larutan *buffer* TAE ke dalam *beaker glass*. Agarose kemudian dipanaskan dalam *microwave* selama 2 menit hingga larut sempurna, setelah itu ditambahkan 2 µl larutan *redsafe* dan dihomogenkan. Larutan tersebut dituangkan ke dalam cetakan agar dan dibiarkan hingga mengeras dan siap digunakan. Gel agarose yang telah mengeras dimasukkan ke dalam tank elektroforesis. Selanjutnya, 4 µl produk PCR diambil menggunakan micropipet dan dimasukkan ke dalam *well gel* agarose dengan memberikan jarak satu *wall* dari masing-masing sisi untuk *ladder* 100 bp, yang juga dimasukkan sebanyak 4 µl. Elektroforesis dijalankan selama 30 menit dengan tegangan 100 V. Setelah selesai, hasil pengujian kualitas PCR dimasukkan ke dalam *Geldoc* untuk dokumentasi gel.

2.6 Analisis Data

Analisis dilakukan secara deskriptif dengan mengamati pita yang muncul berdasarkan hasil visualisasi DNA hasil PCR menggunakan *geldoc*. Prinsip kerja *Geldoc* untuk melihat pita-pita DNA yang berada di *gel* agarose dengan cara memancarkan sinar ultraviolet (UV) ke *gel* tersebut. Sinar UV membuat pewarna yang menempel pada DNA seperti *redsafe* bersinar, sehingga pita DNA dapat terlihat dengan jelas. Pemilihan primer yang baik didasarkan pada jumlah pita dan ketajaman pita yang dihasilkan. Menurut Nurislami et al., (2023) Pita pada primer yang sama tetapi memiliki bp (pasangan basa) yang berbeda merupakan pita polimorfik, sedangkan pita pada primer yang sama dan memiliki bp yang sama merupakan pita monomorfik. DNA yang tidak muncul (tidak teramplifikasi) pada primer tidak dianalisis.