

**ANALISIS DNA *BARCODE* DAN HUBUNGAN KEKERABATAN
TANAMAN TEBU (*Saccharum officinarum* L.)
BERDASARKAN PARSIAL SEKUENS GEN *matK* (*maturase K*)**

Fauzana Putri
15/381862/BI/09501

Dosen Pembimbing: Ganies Riza Aristya, S.Si., M.Sc.

INTISARI

Tebu (*Saccharum officinarum* L.) merupakan tanaman yang memiliki tingkat keberagaman dan nilai ekonomis tinggi. Keberagaman tebu di Indonesia ditunjukkan dengan banyaknya kultivar yang dibudidayakan dengan berbagai sifat unggul yang dimilikinya. Tingkat keberagaman tebu dilihat pada tingkat molekuler menggunakan DNA *barcode*. DNA *barcode* digunakan untuk mengidentifikasi spesies menggunakan potongan DNA pendek, salah satunya yaitu gen *matK* yang terdapat pada genom kloroplas. Penelitian ini bertujuan mengetahui identifikasi dan karakter gen *matK* dan rekonstruksi pohon filogenetik untuk melihat hubungan kekerabatan 24 kultivar tebu yang dibudidayakan di Indonesia. Pada penelitian ini digunakan 24 sampel kultivar tebu dan isolasi DNA genom menggunakan *Phytopure* kit. Gen *matK* berhasil diamplifikasi menggunakan metode *Polymerase Chain Reaction* (PCR) menggunakan primer *matK forward* 5'ATGATTAATTAAGAGTAAGAGGAT-3' dan primer *matK reverse* 5'AATGCAAAAATTCGAAGGGT-3. Hasil penelitian menunjukkan bahwa panjang fragmen gen *matK* yang dapat diamplifikasi 829 bp – 1257 bp. Sampel penelitian selanjutnya dibandingkan dengan *database GenBank* menggunakan BLAST didapatkan nilai similaritas 99,44% - 99,80% dengan *Saccharum officinarum*, *Saccharum hybrid cultivar*, *Saccharum spontaneum* dan *Saccharum spontaneum cultivar*. Jarak genetik pada sampel kultivar tebu yang diteliti memiliki 0,01 dan pada sampel pembandingan 0,87. Rekonstruksi pohon filogenetik menggunakan metode *Neighbor-Joining* dengan model *Kimura-2-Parameter* menunjukkan bahwa semua kultivar tebu masuk dalam *clade* yang sama dan berbeda *clade* dengan data pembandingan tebu dari *GenBank*. Analisis variasi genetik menunjukkan bahwa kultivar tebu yang diteliti dan sampel pembandingan memiliki nilai haplotipe 3.

Kata kunci: gen *matK*, PCR, pohon filogenetik, *Saccharum officinarum*

**BARCODE DNA ANALYSIS AND RELATIONSHIP OF SUGARCANE
(*Saccharum officinarum* L.) BASED ON PARTIAL SEQUENCES *matK*
GENE (*maturase K*)**

Fauzana Putri
15/381862/BI/09501

Supervisor: Ganies Riza Aristya, S.Si., M.Sc.

ABSTRACT

Sugarcane (*Saccharum officinarum* L.) is a plant that has a high level of diversity and high economic value. The diversity of sugar cane in Indonesia is indicated by the number of cultivars cultivated with various superior qualities. The level of diversity in sugarcane can be seen at the molecular level using DNA barcode. DNA barcode used to identify species using short DNA pieces, one of which is the *matK* gene found in the chloroplast genome. This study aims to determine the identification and character of the *matK* gene and reconstruction of the phylogenetic tree to know the relationship of 24 sugarcane cultivars were cultivated in Indonesia. Twenty four samples of sugarcane cultivars were used and for isolating is use a Phytopure kit. The *matK* gene was successfully amplified using the Polymerase Chain Reaction (PCR) method using the primer *matK* forward 5'ATGATTAATTAAGAGTAAGAGGAT-3 'and the reverse *matK* primer 5'AATGCAAAAATTCTGAAGGGT-3. The results showed that the length of the *matK* gene fragment that could be amplified was 829 bp – 1257 bp. The next research sample compared with the GenBank database using BLAST obtained the similarity value of 99,44% - 99,80% with *Saccharum officinarum*, *Saccharum hybrid cultivar*, *Saccharum spontaneum* and *Saccharum spontaneum cultivar*. The genetic distance in the sample of sugarcane cultivars studied had a value of 0,01 and compared samples 0,87. Reconstruction of phylogenetic trees using Neighbor-Joining with the Kimura-2-Parameter model shown that all sugarcane cultivars were in the same clade and are different in a clade with sugarcane comparison data from GenBank. Analysis of genetic variation showed that the sugarcane cultivars studied and compared samples have haplotype values 3.

Keyword: *matK* gene, PCR, phylogenetic tree, *Saccharum officinarum*

