

HUBUNGAN KEKERABATAN FENETIK AKSESI NANAS (*Ananas comosus* (L.) Merr.) DI JAWA TENGAH DAN RIAU BERDASARKAN KARAKTER MORFOLOGIS DAN MOLEKULER MENGGUNAKAN PENANDA *INTER-SIMPLE SEQUENCE REPEAT*

Risyda Hayati
21/486278/PBI/1778

INTISARI

Nanas (*Ananas comosus* (L.) Merr.) merupakan salah satu komoditas pertanian di Indonesia yang berpotensi dan memiliki banyak manfaat. Provinsi Jawa Tengah dan Riau termasuk dua provinsi penghasil nanas terbesar di Indonesia. Penelitian ini bertujuan untuk menentukan variasi morfologis dan molekuler kultivar nanas, serta hubungan kekerabatan fenetik nanas dari Provinsi Jawa Tengah dan Riau. Koleksi sampel akan diambil secara acak dari tanaman nanas milik petani dengan menggunakan metode *purposive sampling* di Provinsi Jawa Tengah dan Riau. Pengamatan karakter morfologis dilakukan berdasarkan panduan deskriptor nanas IBPGR, sedangkan pengamatan karakter molekuler didasarkan pada kemunculan fragmen DNA hasil PCR dengan ukuran (bp) tertentu. Analisis kluster pada karakter morfologis menggunakan *Gower General Similarity* dengan metode *Unweighted Pair-Group Method with Arithmetic Averages* (UPGMA) dan dilanjutkan dengan *Principle Component Analysis* (PCA) untuk menentukan karakter morfologis yang membedakan tiap kluster. Analisis data molekuler menggunakan teknik *fingerprinting* dengan empat primer ISSR. Analisis kluster menggunakan *Simple Matching Coefficient* dengan metode *Unweighted Pair Group Methods using Arithmetic Averages* (UPGMA). Analisis kluster dan konstruksi dendrogram pada karakter morfologis dan molekuler menggunakan *software Multi Variate Statistical Package* (MVSP) versi 3.2. Hasil penelitian menunjukkan bahwa aksesori nanas dari Provinsi Jawa Tengah dan Riau tergolong ke dalam tiga kelompok kultivar, yaitu ‘Cayenne’, ‘Queen’, dan ‘Spanish’. Variasi karakter morfologis tertinggi ditunjukkan oleh bagian buah. Variasi genotipe berdasarkan empat primer ISSR menunjukkan tingkat persentase polimorfisme yang tinggi, yaitu 75-100%. Hasil analisis fenetik antar aksesori kultivar tanaman nanas dari Provinsi Jawa Tengah dan Riau berdasarkan karakter morfologis membentuk empat kluster yang terdiri dari aksesori ‘Spanish’ dan ‘Queen’ pada kluster I, aksesori ‘Queen’ pada kluster II, dan aksesori ‘Cayenne’ pada kluster III dan IV. Hasil analisis PCA menunjukkan bahwa karakter morfologis yang paling berperan dalam pengelompokan adalah warna duri daun mahkota, distribusi duri, warna sepal, duri pada daun mahkota, warna daging buah, warna daun dasar buah, bentuk mahkota, arah duri, warna braktea, lebar daun bagian terluar dari daun terpanjang, panjang buah, dan jumlah *fruitlets*. Hasil analisis kluster berdasarkan karakter molekuler dengan penanda ISSR membentuk dua kluster yang memisahkan ‘Spanish’ dengan ‘Queen’ dan ‘Cayenne’.

Kata kunci: *Ananas comosus* (L.) Merr., analisis fenetik, morfologi, ISSR

PHENETIC RELATIONSHIPS OF PINEAPPLE ACCESSIONS (*Ananas comosus* (L.) Merr.) IN CENTRAL JAVA AND RIAU BASED ON MORPHOLOGICAL AND MOLECULAR CHARACTERS USING INTER-SIMPLE SEQUENCE REPEAT MARKERS

Risyda Hayati
21/486278/PBI/1778

ABSTRACT

Pineapple (*Ananas comosus* (L.) Merr.) is one of the agricultural commodities in Indonesia that has the potential and many benefits. Riau and Central Java are included the two largest pineapple producing provinces in Indonesia. This study aims to determine the morphological and molecular variations of pineapple cultivars, and phenetic relationship of pineapple in Riau and Central Java. The sample collections were taken randomly from the pineapple owned by farmers using purposive sampling method from Central Java and Riau Provinces. Observation of morphological character was carried out based on the IBPGR descriptors for pineapple, while observation of molecular character was carried out based on the emergence of PCR DNA fragments with a certain size (bp). Cluster analysis on morphological characters used Gower General Similarity with Unweighted Pair-Group Method with Arithmetic Averages (UPGMA) and continued with Principle Component Analysis (PCA) to determine morphological characters that distinguish each cluster. Molecular data analysis used fingerprinting techniques with four ISSR primers. Cluster analysis used Simple Matching Coefficient and Unweighted Pair Group Methods used Arithmetic Averages (UPGMA). Cluster analysis and dendrogram construction on morphological and molecular characters used Multi Variate Statistical Package (MVSP) software version 3.2. The results showed that pineapple accession from Central Java and Riau Provinces was classified into three cultivar groups, namely 'Cayenne', 'Queen', and 'Spanish'. The highest morphological character variations shown by the fruit part. Genotype variation based on four ISSR primers showed a high percentage rate of polymorphism, which is 75-100%. The results of phenetic analysis between accessions of pineapple cultivars from Central Java and Riau Provinces based on morphological characters grouped into four clusters consisting of 'Spanish' and 'Queen' accessions in cluster I, 'Queen' accessions in cluster II, and 'Cayenne' accessions in clusters III and IV. The results of PCA showed that the main morphological characters in the clustering were color of crown leaf spines, distribution of spines, sepal color, spines on the crown leave, fruit flash color, fruit base leaf color, crown shape, direction of spines, bracts color, leaf width of the widest part of the longest leaf, fruit length, and number of fruitlets. Cluster analysis result based on molecular characters with ISSR markers grouped into two clusters that separated 'Spanish' from 'Queen' and 'Cayenne'.

Keywords: *Ananas comosus* (L.) Merr., phenetic analysis, morphology, ISSR