

INTISARI

Ubi kayu, sebagai tanaman pangan alternatif yang kaya akan pati, berperan dalam diversifikasi sumber bahan pokok. Inisiasi pembungaan merupakan tahap krusial dalam siklus hidup tanaman, peralihan fase pertumbuhan vegetatif menjadi reproduktif. Gen *FT* memiliki peranan sentral dalam mengatur regulasi waktu berbunga, menjadi fokus utama dalam pemahaman mekanisme ini. Penelitian ini bertujuan untuk karakterisasi gen *MeFT1* tanaman ubi kayu sebagai langkah awal pemuliaan tanaman dengan pendekatan molekuler, dan memeriksa pola ekspresi *FT* ubi kayu secara parsial dan diurnal. Metode karakterisasi melibatkan isolasi gDNA daun ubi kayu 6 varietas ubi kayu yaitu, varietas Gajah, Ketan, Rengganis, Palembang, Malang, dan Adira, amplifikasi PCR, dan sekuensing DNA *Sanger*. RNA diisolasi dari organ daun muda dan tua varietas ubi kayu Malang dan Adira pada berbagai waktu (8:00, 12:00, 16:00, 20:00), serta tahap q-PCR gen target *FT* dan *18S gene reference* dilakukan untuk melihat pola ekspresi gen *FT*. Perhitungan ekspresi gen relatif menggunakan metode *Livac*. Konstruksi pohon filogenetik menampilkan enam varietas ubi kayu berkerabat dekat dengan *MeFT1*. Varietas ubi kayu yang diisolasi tergabung pada *Clade FT*, berkaitan dengan peran florigen *FT* sebagai aktivator dan pembentukan organ penyimpanan. Gen *FT1* ditemukan terekspresi pada daun dewasa di pagi hari. Faktor internal dan eksternal memainkan peran dalam mengatur waktu pembungaan. Penemuan ini memberikan pemahaman lebih lanjut terhadap regulasi pembungaan pada ubi kayu.

Kata kunci: *Ubi kayu, FT, Filogenetik, Sekuensing, Ekspresi gen*

ABSTRACT

Cassava, an alternative food crop rich in starch, plays a role in diversifying staple food sources. Flowering initiation is a crucial stage in the plant life cycle, transitioning from the vegetative to the reproductive growth phase. *FT* gene is central in regulating flowering time and has become the main focus of understanding this mechanism. This study aims to characterize *MeFT1* gene of cassava plants as the first step of plant breeding with a molecular approach and examine cassava *FT*'s partial and diurnal expression patterns. The characterization method involved the isolation of gDNA of cassava leaves of 6 cassava varieties, namely, Gajah, Ketan, Rengganis, Palembang, Malang, and Adira varieties, PCR amplification, and Sanger DNA sequencing. RNA was isolated from young and old leaf organs of Malang and Adira cassava varieties at various times (8:00, 12:00, 16:00, 20:00), and the q-PCR stage of the *FT* target gene and *18S* gene reference was carried out to see the *FT* gene expression pattern. Relative gene expression was calculated using the Livac method. Phylogenetic tree construction revealed six cassava varieties closely related to *MeFT1*. The isolated cassava varieties belonged to the *FT* Clade and were related to the role of *FT* florigen as an activator and the formation of storage organs. The *FT1* gene was found to be expressed in mature leaves in the morning. Internal and external cues play a role in regulating flowering time. This discovery provides a further understanding of flowering regulation in cassava.

Keywords: Cassava, FT, Filogenetic, Sequencing, Gene expression