

**ANALISIS KERAGAMAN GENETIK DAN FILOGENETIK TEBU  
(*Saccharum spp. hybrid*) DARI PULAU JAWA BERDASARKAN GEN  
KLOROPLAS *trnK***

Salfa Athallah Agtari Nabillah  
21/474229/BI/10700

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

**INTISARI**

Tebu (*Saccharum spp. hybrid*) adalah tanaman penting dalam industri pangan karena memiliki peran strategis dalam produksi kebutuhan gula nasional. Produktivitas tebu di Indonesia sering kali terhambat oleh berbagai tantangan, termasuk penggunaan kultivar lokal dengan potensi hasil yang belum optimal serta kurangnya diversifikasi genetik. Variasi genetik untuk produktivitas tebu dalam koleksi genetik tebu di wilayah tropis sangat melimpah dan dapat dimanfaatkan untuk menciptakan kultivar komersial dengan hasil tinggi dan kandungan gula yang optimal. Keanekaragamannya terlihat dari banyaknya kultivar unggul yang dibudidayakan. Tantangan utama dalam identifikasi kultivar tebu adalah terbatasnya variasi fenotipik dalam karakter morfologi, yang sering kali dipengaruhi oleh faktor lingkungan dan bersifat subjektif. Teknologi DNA *barcoding* diusulkan untuk mengidentifikasi kekerabatan spesies tebu dengan menganalisis keragaman genetik melalui potongan DNA pendek, seperti gen *trnK* pada genom kloroplas. Penelitian ini bertujuan menganalisis variasi genetik dan hubungan kekerabatan tanaman tebu (*Saccharum spp. hybrid*) yang dibudidayakan di Pulau Jawa menggunakan gen *trnK*, serta merekonstruksi pohon filogenetik kultivar tebu di wilayah tersebut dengan pendekatan *Maximum-likelihood* (ML) dan *Bayesian Inference* (BI). Penelitian ini diharapkan dapat memberikan gambaran mengenai variasi genetik, hubungan kekerabatan, jarak genetik, dan pola filogeografi kultivar tebu (*Saccharum spp. hybrid*) di Pulau Jawa berdasarkan sequence spesifik gen *trnK*. Hasil penelitian menunjukkan bahwa panjang fragmen *trnK* yang dapat di amplifikasi 259 *base pairs*. Sampel dibandingkan dengan data yang ada di genBank menggunakan BLAST dan didapatkan similaritas 93%-94% dengan *Saccharum officinarum*, *S. hybrid* cultivar, dan *S. spontaneum*. Jarak genetik intraspesifik dan interspesifik pada sampel yang diteliti dengan sampel pemanding berniali 0% sampai dengan 15,126%. Rekonstruksi pohon filogenetik dengan ML dan BI menunjukkan terbentuk tiga *clade* berbeda yang memisahkan antara *Saccharum officinarum*, sampel penelitian, dan *S. spontaneum*. Analisis variasi genetik menunjukkan bahwa kultivar tebu yang diteliti dan sampel pembandingan memiliki nilai haplotipe 33.

Kata kunci: DNA *Barcoding*, gen *trnK*, *Saccharum officinarum*

**ANALYSIS OF GENETIC VARIATION AND PHYLOGENETIC  
OF SUGARCANE (*Saccharum spp. hybrid*) FROM JAVA ISLAND BASED  
ON *trnK* CHLOROPLAST GENE**

By

Salfa Athallah Agtari Nabillah  
21/474229/BI/10700

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

**ABSTRACT**

*Sugarcane (Saccharum spp. hybrid) is a critical crop in the global food industry, playing a strategic role in fulfilling national sugar production requirements. In Indonesia, sugarcane productivity is often constrained by several factors, including the use of local cultivars with suboptimal yield potential and limited genetic diversity. The extensive genetic variation available within tropical sugarcane collections offers significant potential for developing commercial cultivars with high yields and optimal sugar content. This diversity is reflected in the wide range of superior cultivars currently under cultivation. A major challenge in sugarcane cultivar identification lies in the limited phenotypic variation in morphological traits, which are often influenced by environmental factors and subject to observer bias. DNA barcoding has emerged as a reliable molecular tool to elucidate genetic relationships among sugarcane species by analyzing genetic variation through short, specific DNA sequences, such as the *trnK* gene in the chloroplast genome. This study aims to assess the genetic variation and phylogenetic relationships of sugarcane (*Saccharum spp. hybrid*) cultivated in Java Island using the *trnK* gene. It also seeks to reconstruct the phylogenetic tree of these cultivars employing Maximum-Likelihood (ML) and Bayesian Inference (BI) methods. The findings are expected to provide insights into genetic diversity, phylogenetic relationships, genetic distances, and phylogeographic patterns of *Saccharum spp. hybrid* cultivars in Java Island based on the *trnK* gene sequences. The results indicate that the amplified *trnK* fragment is 259 base pairs in length. Comparative analysis using BLAST against GenBank data revealed sequence similarity ranging from 93% to 94% with *Saccharum officinarum*, *S. hybrid* cultivars, and *S. spontaneum*. The genetic distances, both intraspecific and interspecific, between the studied samples and reference samples ranged from 0% to 15.126%. Phylogenetic tree reconstruction using ML and BI approaches identified three distinct clades separating *Saccharum officinarum*, the studied samples, and *S. spontaneum*. Analysis of genetic variation further revealed a haplotype diversity of 33 among the studied and reference sugarcane samples.*

**Keywords:** DNA Barcoding, *trnK* gene, *Saccharum officinarum*